

49 Boulevard F. Mitterrand CS 60032  
63001 CLERMONT-FERRAND Cedex 1

---

Corps :	<b>Ingénieur d'études</b>	Nature du Concours : <b>Externe</b>
BAP :	A - Sciences du vivant, de la terre et de l'environnement	
Famille professionnelle :	Biologie et santé, Sciences de la vie et de la terre	
Emploi type :	<b>A2A41 - Ingénieur-e biologiste en traitement de données</b>	
Nombre de postes offerts :	1	
Localisation du poste :	Université Clermont Auvergne	
Inscription sur Internet :	<a href="https://www.itrf.education.gouv.fr/itrf/">https://www.itrf.education.gouv.fr/itrf/</a>	
Définition et principales caractéristiques de l'emploi type sur Internet :	<a href="https://data.enseignementsup-recherche.gouv.fr/pages/fiche_emploi_type_referens_iii_itrf/?refine.referens_id=A2A41#top">https://data.enseignementsup-recherche.gouv.fr/pages/fiche_emploi_type_referens_iii_itrf/?refine.referens_id=A2A41#top</a>	

---

## **CONTEXTE ET ENVIRONNEMENT DE TRAVAIL - MISSIONS :**

Le Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement (LMGE) UMR CNRS 6023 (Clermont-Ferrand) héberge plus de 130 chercheurs, enseignant-chercheurs, praticiens hospitaliers, ingénieurs, techniciens et contractuels, répartis dans 6 équipes de recherche, travaillant actuellement sur les microorganismes procaryotes et eucaryotes (Archées, Bactéries, Protistes, Champignons), ainsi que sur les virus, depuis les aspects moléculaires et cellulaires jusqu'aux rôles de ces organismes dans les écosystèmes.

Le/La bioinformaticien-ne, apportera un soutien aux chercheurs de l'unité pour analyser des données issues de méthodes « -omiques » (e.g. Séquençage haut débit, Transcriptomique, Protéomique, Métabolomique, volatomique), tant d'un point de vue bio-informatique que de la reconstruction des réseaux d'interactions et de l'intégration de données -omiques, de manière à contribuer à la compréhension des liens entre structure des communautés microbiennes et fonctionnement des écosystèmes.

## **ACTIVITES PRINCIPALES :**

- Implanter, adapter, mettre en œuvre des chaînes de traitements bio-informatiques pour assurer la reproductibilité des analyses, accompagner et faciliter la diffusion des procédures aux non spécialistes.
- Mettre en place et optimiser les procédures de recueil et de contrôle des données
- Réaliser le traitement des données
- Organiser la mise en forme, le stockage des données
- Assurer la maintenance des bases de données créées
- Diffuser et valoriser des résultats sous forme de rapports techniques ou d'études
- Adapter les applications informatiques aux besoins du projet
- Gérer et maintenir des outils informatiques partagés
- Conseiller et former aux techniques et outils développés
- Définir les procédures d'assurance qualité et veiller à leur mise en œuvre
- Appliquer et faire appliquer les règles en vigueur de la déontologie, l'éthique, les bonnes pratiques cliniques et épidémiologiques
- Assurer la veille technologique dans les domaines des méthodes d'analyses des données haut-débit (réseaux / -omiques ).
- Participer à des réseaux professionnels

## **COMPETENCES REQUISES :**

### ***Connaissances :***

- Biologie (connaissance générale, connaissances en écologie et microbiologie appréciées).
- Traitement des données haut débit : métagénomique (reconstruction de génomes microbiens, annotation fonctionnelle...), métabarcoding, métatranscriptomique, métaprotéomique ou métabolomique.
- Intégration, analyse et représentation de gros volumes de données de nature différente (-omiques et autres) pour la compréhension des liens entre la biodiversité des écosystèmes, les interactions écologiques et fonctionnelles au sein des communautés.
- Connaissance des méthodes relatives à la fouille de données et à l'analyse multidimensionnelle, l'analyse de graphe et notions de deep learning.
- Compréhension des techniques d'analyse de biologie moléculaire, de séquençage à haut débit et d'analyse en cellule unique

49 Boulevard F. Mitterrand CS 60032  
63001 CLERMONT-FERRAND Cedex 1

### **Compétences opérationnelles :**

- Maîtrise du travail en environnement linux et sur cluster de calculs
- Utilisation de langages de programmation (R, Python, bash, ).
- Maîtrise des concepts et outils de la bio-informatique ; connaissance des bases publiques de données omiques et biologiques ; maitrise des API de type REST
- Maîtriser des logiciels de gestion de tâches et de version (snakemake, git) ; garantir la qualité et la pertinence des outils d'analyse et des résultats.
- Savoir versionner et archiver ses scripts et packages avec des outils type Github
- Maîtrise des méthodologies de gestion de projet (bio)informatique
- Veiller au respect des bonnes pratiques en termes de sécurité et sauvegarde des données

### **Compétences comportementales :**

- Bonne capacité d'intégration
- Esprit d'initiative
- Sens de l'organisation, rigueur, réactivité et autonomie