

Unité Mixte de Recherche – Inserm U1283 / CNRS UMR 8199

(Epi)génomique Fonctionnelle et Physiologie Moléculaire

Du Diabète et Maladies Associées

Directeur : Pr. Philippe FROGUEL

INSERM, CNRS, Université de Lille, Institut Pasteur de Lille, CHU de Lille

Bioinformaticien·ne

Contrat CDD niveau IE de 1 an à temps plein (renouvelable)

L'unité Inserm U1283 / CNRS UMR 8199

Qui sommes-nous ?

L'unité **Inserm U1283 / CNRS UMR 8199** (*(Épi)génomique Fonctionnelle et Physiologie Moléculaire du Diabète et Maladies Associées*, <http://www.good.cnrs.fr/>) est un laboratoire de recherche regroupant *60 personnes* dirigées par le **Professeur Philippe FROGUEL**. Elle fait partie de l'*Institut Européen de Génomique du Diabète* (**EGID**, <https://egid.fr/>) et a été lauréate en 2011 (renouvelé jusqu'en 2025) des appels à projets "Laboratoire d'Excellence" (**LABEX**) et "Équipement d'Excellence" (**EQUIPEX LIGAN MP**, <http://ligan.good.cnrs.fr/>).

Que faisons-nous ?

Nos activités de recherche portent sur la caractérisation de variations génétiques associées à des maladies métaboliques telles le diabète et l'obésité et utilisent les approches modernes de génomique, bioinformatique, biostatistique, biologie moléculaire et modèles animaux.

Le groupe bioinformatique

Qui sommes-nous ?

Le groupe bioinformatique est chargé de l'analyse, du stockage et de la mise à disposition des données génétiques générées par le laboratoire. Le groupe bioinformatique comporte quatre membres et est supervisée par Mehdi Derhourhi, Ph.D.

Que faisons-nous ?

Le groupe bioinformatique est chargé d'analyser les données génétique générées, de les formater, et de les annoter en fonction des besoins formulés par les chercheurs du laboratoire. Cela inclut le choix, le développement et la mise en place de pipelines d'analyse, et la mise à disposition des résultats sous la formes de fichiers, de bases de données, ou via des outils de visualisation. Nous sommes amenés à travailler sur des données issues de méthodes de séquençage variées (DNAseq, RNAseq, SingleCell, HiC, MéthylSeq,...) en utilisant différentes technologies, selon les besoins (Docker, slurm, Nextflow,...).

N° ordre (Philippe FROGUEL) : 590784922

UMR1283/8199 - EGID – Faculté de Médecine – Pôle Recherche

1 Place de Verdun – Aile Ouest – 1^{er} étage – 59045 LILLE CEDEX

Tél. : 33-(0)3-74-00-81-01 (ou) 81-00 (secrétariat)

Qui êtes-vous ?

Activités dominantes

Le/la collaborateur/collaboratrice recherché(e) aura pour rôle principal de développer et maintenir des pipeline d'analyse. Cela inclut le développement et le maintien des scripts et outils, mais également de l'infrastructure logicielle de calcul, et des bases de données associées. Il ou elle participera grâce à ses connaissances en bioinformatique à répondre à des questions de recherche variées, et sera capable d'implémenter des idées rapidement et de créer des chaînes de traitement reproductibles.

- Réaliser l'acquisition et assurer la gestion et l'analyse de données provenant de séquenceurs de nouvelle génération (NGS) Illumina.
- Mettre en place des outils d'annotation et de sélection de variants.
- Mettre en place des outils bioinformatiques et les déployer sur un serveur.
- Participer à l'administration d'un cluster de calcul.
- Participer au développement des différents pipeline d'analyse.

Profil recherché

- Formation supérieure (Master 2 / ingénieur) en bioinformatique ou domaine apparenté.
- Très bonnes connaissances théoriques et appliquées en bioinformatique appliquée à la génétique.
- Maîtrise de langages comme Bash, R ou Python.
- Bonne connaissance de l'environnement Unix/Linux (en particulier Debian), avec des affinités pour les aspects système et réseau.
- Expérience ou connaissance dans l'utilisation et le déploiement d'un cluster de calcul (Slurm).
- Expérience ou connaissance dans l'utilisation de gestionnaires de pipelines bioinformatique (Nextflow).
- Expérience de développement collaboratif à l'aide des outils `git` et `docker`.
- Maîtrise écrite et orale de l'anglais.
- Qualités organisationnelles (autonomie, respect des délais, anticipation des sources de retards, etc.), présentation synthétique et didactique des résultats scientifiques.
- Grande capacité (écrite et orale) de communication, être capable d'expliquer des résultats techniques à une audience non technique ou spécialisé dans le domaine
- Des connaissances dans l'utilisation de logiciels de visualisation et partage de résultats (Shiny) et dans la gestion de bases de données (SQL, MongoDB) seraient un plus.
- Goût pour le travail en équipe

Informations administratives

- *Début* : Dès que possible
- *Durée* : CDD de 1 an à temps plein (renouvelable).
- *Lieu* :
Au sein du groupe bioinformatique de l'unité Inserm U1283 / CNRS UMR 8199. EGID - Inserm U1283 / CNRS UMR 8199
Pôle Recherche - 1er étage Aile Ouest
1, Place de Verdun
59045 LILLE CEDEX, France
- *Rémunération* : selon les grilles contractuel de l'Université de Lille, à partir de 1812€ brut/mois sans expérience

Contact

Envoi d'un CV et d'une lettre de motivation à :

mehdi.derhourhi@cnrs.fr
amelie.bonnefond@cnrs.fr
stefan.gaget@cnrs.fr



N° ordre (Philippe FROGUEL) : 590784922

UMR1283/8199 - EGID – Faculté de Médecine – Pôle Recherche

1 Place de Verdun – Aile Ouest – 1^{er} étage – 59045 LILLE CEDEX

Tél. : 33-(0)3-74-00-81-01 (ou) 81-00 (secrétariat)

