



12 juillet 201;

Ingénieur biologiste

L'Inserm recrute un(e) Ingénieur(e) Biologiste (IE/IR, CDD 12 mois renouvelable) pour mettre en œuvre des développements technologiques et méthodologiques appliqués au séquençage à très haut débit dans le cadre de la plateforme IBiSA de "Transcriptomique et Génomique Marseille-Luminy" (TGML, Dir. J. Imbert), intégrée à l'unité mixte Inserm/Université d'Aix-Marseille TAGC (U1090, Dir. C. Nguyen).

Descriptif du Poste

L'agent occupe une fonction d'ingénieur sur la plateforme IBiSA/FG Transcriptomique et Génomique Marseille Luminy. À ce titre, il est responsable du développement et de la validation de protocoles expérimentaux innovants pour le séquençage à très haut débit dans le domaine de la Transcriptomique, Génomique et Épigénomique (optimisation qualitative et quantitative de protocoles existants ou à créer, automatisation des protocoles, etc.), utilisant deux technologies complémentaires : le séquençage par hybridation (SOLiDTM) et par synthèse à l'aide de puces à semi conducteurs (Ion TorrentTM). Au-delà de cette activité principale, il est amené à consacrer une partie limitée de son temps aux activités de recherche propre à la plateforme et aux activités « commune » (gestion de stocks, mise en œuvre de la démarche Qualité, suivi des projets, etc.). Sous la direction du responsable France Génomique pour la plateforme TGML l'agent travaillera en collaboration avec le réseau national France Génomique et plus particulièrement avec le groupe de travail chargé des développements technologiques.

Qualification et expérience

- Le candidat doit détenir au moins un diplôme de maîtrise ès sciences avec une forte expérience en biologie moléculaire. Titulaires d'un doctorat ou d'un diplôme d'ingénieur en biochimie / biologie moléculaire sont vivement encouragés à postuler.
- Une expérience professionnelle ou universitaire réussie en séquençage à haut débit, ou autres approches à grande échelle, sera un plus.
- Bonne maîtrise de l'anglais scientifique (orale et écrite)
- Bonne maitrise des outils de bureautique et capacité d'apprentissage pour les outils informatiques en général
- Les capacités organisationnelles, présentation synthétique et didactique des résultats scientifiques
- Excellentes qualités relationnelles et aptitude à travailler en équipe.
- Aptitude à effectuer plusieurs tâches en parallèle
- Indépendance dans la conduite journalière du travail
- Autonomie dans l'acquisition des connaissances
- Motivation personnelle

Contraintes

Dans le cadre du règlement intérieur de la plateforme et du laboratoire d'accueil, l'agent pourra être amené à faire des interventions ponctuelles en dehors des horaires ouvrables et des déplacements ponctuels en France et à l'étranger si nécessaire.

Structure d'accueil

La plateforme IBiSA TGML est localisée dans le bâtiment Inserm TPR2 du Parc Scientifique de Luminy (13009 Marseille) Elle regroupe 7 ingénieurs (3 biologistes expérimentaux, 3 bioinformaticiens, 1 ingénieur qualiticien). La plateforme permet un accès aux études de transcriptomique et de génomique fonctionnelle par approches à très haut débit (puces à ADN et séquençage) pour la recherche académique et industrielle. Le TGML et le TAGC offrent une expertise démontrée dans l'analyse bioinformatiques des données générées. Les chercheurs et ingénieurs contribuent activement au développement de nouveaux outils informatiques et des pipelines d'analyse. La plateforme TGML est membre fondateu de l'infrastructure distribuée France Génomique. Ce réseau national rassemble et mutualise les ressources des principales plateformes françaises de génomique et de bio-informatique. Créé grâce à un financement « Investissements d'Avenir », il a pour ambition de maintenir la recherche française au plus haut niveau de compétitivité et de performance dans la production et l'analyse des données de génomique, à la pointe de l'état de l'art à l'échelle internationale.

Équipements

Le service de séquençage (TGML Deepseq) est équipé d'un séquenceur à très haut débit Life Technologie: SOLiD5500WF (jusqu'à 300 Gigabases par session) et d'un séquenceur Ion Torrent PGM (jusqu'à 2 Gigabase pa session). Le service de puces à ADN (TGML Agilent) est équipé d'un scanner Agilent et de tous les équipements nécessaires pour l'étude du transcriptome de nombreux organismes. Pour l'automatisation des protocoles, la plateforme est équipée avec un robot pipeteur TECANTM EVO150 Le service informatique (TGML Bioinfo) est équipé de 3 fermes de calculs (8 CPU/32 cœurs, 10 CPU/40 cœurs, 24 CPU/192 cœurs et ~100 Tb de stockage).

Les candidatures (lettre de motivation et CV comprenant une liste de références) doivent être envoyées avant le 15 aout par courrier électronique à : <u>jean.imbert@inserm.fr</u>. S'il vous plaît indiquer "TGML/FG/biologiste" dans le titre du courriel.







