

Position

- CDD de 8 à 9 mois selon l'expérience.
- À pourvoir immédiatement (date limite de candidature au 20 mars 2021)
- Localisation : INRAE, centre Occitanie Toulouse, Castanet Tolosan, unité MIAT <https://miat.inrae.fr/>

Missions et activités

Les missions de l'ingénieur·e recruté·e se dérouleront dans le cadre de la plateforme bioinformatique Genotoul (<http://bioinfo.genotoul.fr/>)

L'ingénieur participera à plusieurs projets de recherche sur la recherche de variants (DNAseq et RNAseq) et accompagnera les biologistes avec lesquels nous collaborons pour produire des résultats exploitables et interprétables par les biologistes.

Selon les avancés et le profil de la personne recrutée d'autres projets sont possibles dans le domaine de la métagénomique.

Profil recherché

- Diplôme d'ingénieur ou universitaire en bioinformatique
 - Bonne culture générale en biologie, une première expérience en analyses de données NGS est vivement souhaitable.
 - Maîtrise de Unix, Python et des outils d'analyses (principalement alignement et détection de variants) de données de séquençage short reads (bwa, GATK, snpEff) et des formats de fichiers associés.
 - Connaissance de Linux, système de conteneurisation (Docker ou singularity), Gestionnaire de workflows.
 - Maîtrise de l'anglais technique.
 - Qualités attendues: rigueur, organisation, autonomie et polyvalence
- Sens du travail en équipe et du service.

Présentation de la structure d'accueil

La plate-forme bio-informatique Genotoul (<http://bioinfo.genotoul.fr>) est une équipe de l'Unité de Mathématiques et Informatique de l'INRAE de Toulouse (MIA-T). En région, la plateforme est un membre actif du GIS Genotoul depuis le début des années 2000. A ce titre, elle contribue à développer les ressources nécessaires aux avancées des programmes scientifiques et accompagne les plateformes de production de données sur l'hébergement de leurs systèmes d'information. Elle contribue à l'animation scientifique en région.

L'équipe est composée de 9 titulaires représentant 6,4 ETP et a pour mission d'accompagner les programmes scientifiques de biologie sur leurs besoins en bioinformatique. Elle est équipée d'une infrastructure matérielle et logicielle adaptée et performante pour la bio-informatique (cluster de 3000 coeurs de calcul, espace de stockage de 4 Po).

Comment postuler ?

- envoyer CV et lettre de motivation à celine.noirot@inrae.fr et à claire.hoede@inrae.fr
- On attend que la lettre de motivation mette en avant les compétences et expériences du (de la) candidat·e en lien avec les attentes du poste ;
- la procédure de recrutement aura lieu en deux temps, une sélection sur dossier suivie d'une audition des candidats dont le dossier a été retenu