

Ingénieur Bioinformaticien (H/F) « single-cell RNAseq »

CDD de 12 mois (renouvelable). Début dès que possible.

Equipes de Pierre Milpied « Immunologie Intégrative des Lymphocytes B », et de Sandrine Roulland et Bertrand Nadel « Instabilité Génomique et Hémopathies Malignes », au Centre d'Immunologie de Marseille-Luminy (CIML, Marseille, France).

Descriptif du poste :

Les laboratoires de S.Roulland/B.Nadel et de P.Milpied au CIML (<http://www.ciml.univ-mrs.fr>) poursuivent un programme de recherche visant à étudier l'hétérogénéité cellulaire d'hémopathies malignes humaines à l'échelle de la cellule unique (Milpied et al. Nat Immunol 2018). **Le candidat participera à l'analyse de données single-cell RNA-seq issues d'échantillons humains de lymphomes.** Il travaillera en collaboration avec un autre ingénieur sur le projet et profitera du réseau de bioinformaticiens experts dans la conception et le développement de pipelines d'analyses de données single-cell du CIML. Il devra prendre en main certains pipelines déjà conçus, les adapter aux évolutions à venir et produire des rapports de résultats en tenant compte des demandes des porteurs de projet. Il devra être à même d'améliorer les pipelines existants pour y introduire de nouvelles méthodes issues de la littérature.

Compétences requises :

1. Excellente maîtrise de la programmation en R.
2. Maîtrise de logiciels requis pour l'analyse de données génomiques (CellRanger, STAR, Trinity), immunogénomiques (IgBlast, IMGT), et single-cell (Seurat, Monocle, Velocity).
3. Maîtrise de l'anglais scientifique écrit et oral.
4. Compréhension pratique des méthodes mathématiques d'analyse de données multidimensionnelles (ACP, t-SNE, UMAP, pseudotime, apprentissage statistique, etc.); Expérience des données « single-cell » souhaitée.
5. Connaissance pratique des outils de conteneurisation (Docker, Singularity), gestionnaires de version (Git) et gestionnaires de workflow (Snakemake) souhaitée.
6. Bases solides en biologie et immunologie / hématologie.

Profil recherché :

1. BAC+5 en bioinformatique, informatique ou mathématiques appliquées.
2. Expérience réussie en bioinformatique appliquée aux données génomiques ou transcriptomiques, idéalement à l'échelle single-cell.
3. Capacités organisationnelles, présentation synthétique des résultats scientifiques.
4. Bonne communication avec les chercheurs en biologie, intérêt pour les questions biologiques.
5. Habitude du travail en équipe, capacités d'écoute et de proposition. Autonomie.
6. Intérêt pour les aspects méthodologiques de l'analyse de données.

Salaire en fonction du diplôme et de l'expérience (2138 € bruts mensuels pour BAC+5 débutant).

Contactez milpied@ciml.univ-mrs.fr et roulland@ciml.univ-mrs.fr avec CV, lettre de candidature, et coordonnées d'au moins deux référents.

Bioinformatics Engineer (M/F) « single-cell RNAseq »

12-month contract (renewable). Starting as soon as possible.

Teams of Pierre Milpied « Integrative B cell Immunology », and Sandrine Roulland & Bertrand Nadel « Genomic Instability and Human Hemopathies », Centre d'Immunologie de Marseille-Luminy (CIML, Marseille, France).

Job description:

The laboratories of S.Roulland/B.Nadel and P.Milpied at the CIML (<http://www.ciml.univ-mrs.fr>) are pursuing a research program to study the cellular heterogeneity of human hematological malignancies at the single cell level (Milpied et al. Nat Immunol 2018). **The candidate will participate in the analysis of single-cell RNA-seq data from human lymphoma samples.** He/she will work in collaboration with another engineer on the project and will benefit from the network of CIML bioinformaticians with expertise in the design and development of single-cell data analysis pipelines. He/She will run existing pipelines, adapting them for new projects, and will produce analysis reports in agreement with the needs of the project's principal investigators. He/She will be capable of implementing new methods from the literature within existing pipelines.

Required skills :

1. Excellent proficiency in R programming.
2. Advanced proficiency with softwares for analysis of genomics data (CellRanger, STAR, Trinity), immunogenomics data (IgBlast, IMGT), and single-cell data (Seurat, Monocle, Velocity).
3. Advanced proficiency in written and oral scientific english.
4. Practical understanding of multidimensional data analysis mathematical methods (PCA, t-SNE, UMAP, pseudotime, machine learning, etc.); experience with single-cell data will be a plus.
5. Practical knowledge of containerization tools (Docker, Singularity), version managers (Git) and workflow managers (Snakemake) will be a plus.
6. Good knowledge of cell biology and immunology / hematology.

Profile of the candidate :

1. M.Sc. or equivalent in bioinformatics, computer science or applied mathematics.
2. Demonstrated experience in bioinformatics analysis of genomic or transcriptomic data, ideally at the single-cell scale.
3. Organizational skills. Strong ability to clearly present scientific results
4. Good communication with biology researchers and interest for biological questions.
5. Teamwork habit, listening and proposing skills. Autonomy.
6. Interest in methodological aspects of data analysis.

Salary will depend on the candidate's diplomas and experience (2138 € gross monthly for starting M.Sc. level)

Contact milpied@ciml.univ-mrs.fr and roulland@ciml.univ-mrs.fr with a CV, an application letter, and contact information of at least two referees.