



## **Ingénieur(e) d'Etudes en Bioinformatique/Analyse de données CDD 1 an**

Centre de Recherche des Cordeliers (Paris), Inserm UMRS 1138, Equipe FunGeST

**Localisation du poste :** 15 Rue de l'Ecole de Médecine, 75006 Paris - Ile-de-France

L'équipe « Génomique Fonctionnelle des Tumeurs Solides » (FunGeST) (Inserm UMRS1138) est localisée au Centre de Recherche des Cordeliers dans le 6<sup>ème</sup> arrondissement de Paris et recrute actuellement en **CDD (12 mois), un(e) Ingénieur(e) d'Etudes en bioinformatique** pour faire de l'analyse de données.

Le poste est à pourvoir à partir du **03 octobre 2022**

### **Missions:**

Notre équipe étudie la relation entre la réponse pharmacologique et les profils moléculaires des cellules tumorales dérivées de cancers du foie adultes et pédiatriques afin d'identifier de nouveaux traitements et des biomarqueurs permettant de prédire leur efficacité. Pour cela, nous travaillons sur des modèles précliniques, principalement de larges collections de lignées cellulaires dérivées de tumeurs humaines, et représentatives de la diversité moléculaire de ces cancers pour lesquelles nous avons une caractérisation moléculaire complète (altérations génétiques, transcriptome, miRome, protéome, méthylome). Une centaine de composés pharmacologiques a été criblée sur l'ensemble de cette collection de lignées tumorales hépatiques humaines. Le candidat sera en charge de développer des outils d'analyses permettant d'étudier les corrélations entre les profils moléculaires et les réponses pharmacologiques afin de dériver des biomarqueurs prédictifs de leur efficacité et de mieux comprendre les déterminants de la réponse thérapeutique. Ces mêmes approches seront également appliquées à des cohortes de tumeurs du foie issues de patients pour lesquelles nous disposons d'une caractérisation moléculaire complète et de données de réponse thérapeutique. Le candidat sera également amené à travailler sur des projets transversaux de l'équipe : analyses de données single-cell RNAseq, comparaison moléculaire entre modèles de culture en 2D/3D et en xénogreffe, et participera aussi à des projets collaboratifs.

### **Activités :**

- Utiliser des outils bioinformatiques préexistants et en développer de nouveaux au besoin
- Analyser la problématique biologique et les questions posées
- Apporter un conseil et un soutien bioinformatique auprès des biologistes de l'équipe
- Interagir avec les expérimentateurs et bioinformaticiens de l'équipe et des équipes collaboratrices
- Participer aux réunions de laboratoire, diffuser et valoriser les résultats sous forme de rapports et de présentations orales

### **Compétences & aptitudes souhaitées :**

- Connaissances en génomique
- Collecte, traitement et analyse des données de génomiques à grande échelle : whole-exome, RNAseq/single-cell RNAseq, méthylome
- Avoir des notions de statistiques
- Maîtrise des langages de programmation R, Perl, Python, (java et sql serait un plus)
- Avoir des notions de docker-nextflow ou équivalent serait un plus
- Savoir interagir avec des personnes ayant des horizons et intérêts variés (biologie, bioinformatique, etc.).

- Être autonome et savoir travailler en équipe
- Assurer une veille scientifique et technologique dans son domaine de compétence
- Anglais écrit et parlé

**Profil :**

Diplôme (bac+5) de Master 2 en bioinformatique. Une expérience en bioinformatique dans un laboratoire de biologie serait souhaitée. Une expérience dans l'analyse de données génomiques serait un plus.

**A propos de nous :**

Nous sommes une équipe de recherche publique spécialisée dans la génomique fonctionnelle des tumeurs solides, en particulier les cancers du foie (<http://zucmanlab.com/>). L'équipe est dirigée par la Pr Jessica ZUCMAN-ROSSI. Le/la candidat(e) travaillera au sein du sous-groupe "Ciblage thérapeutique des tumeurs hépatiques" : <http://zucmanlab.com/therapeutic-targets-in-liver-tumors/>

**Votre candidature :**

Merci d'envoyer votre CV détaillé ainsi qu'une lettre de motivation à : [sandra.rebouissou@inserm.fr](mailto:sandra.rebouissou@inserm.fr) et d'indiquer les coordonnées (e-mail ou numéro de téléphone) d'au moins une personne référente