

# Ingénieur(e) en bioinformatique – Analyse NGS en cancérologie

- **Contrat:** CDD de 12 mois renouvelable 24 mois
- **Rémunération:** Salaire selon grilles et expérience
- **Profil:** Bac+5 (école d'ingénieur / master) avec au moins 2 ans d'expérience (à discuter selon CV)
- **Lieu :** Centre de Recherche des Cordeliers, 15 rue de l'école de médecine 75006 Paris
- **Date de prise de poste :** 1er février 2023

## Mots-Clés

Bioinformatique médicale, Analyse de données de séquençage (RNA-seq, single cell RNA-seq, spatial RNA-seq), Cancérologie, Recherche et Développement (R&D)

## Contexte

Le groupe de Wolf Hervé et Catherine Fridman, au sein de l'équipe d'Isabelle Cremer, « Inflammation, complément et cancer » (Inserm U1138, Université de Paris, Sorbonne Université) recrute un(e) Ingénieur(e) d'Etudes en bioinformatique pour faire de l'analyse bioinformatique de données transcriptomiques et biologiques.

## Missions

Notre équipe cherche à améliorer le traitement des patients atteints de cancer de rein ou des sarcomes des tissus mous. Pour cela, nous développons des approches de caractérisation du microenvironnement tumoral et de son organisation spatiale dans différentes histologies. Nous utilisons les techniques de marquage par immunofluorescence hautement multiplexée et l'analyse et l'intégration des données transcriptomiques en "bulk", cellule unique, ou spatiale.

La personne recrutée aura en charge différents projets portant sur des outils d'analyse bioinformatique des transcriptomes complets des tumeurs et des données biologiques et cliniques provenant de cohortes de patients atteints de cancer. L'objectif est de caractériser le microenvironnement tumoral et d'étudier les corrélations entre les profils moléculaires et les réponses aux traitements afin de dériver des biomarqueurs prédictifs de leur efficacité et de mieux comprendre les déterminants de la réponse thérapeutique. L'analyse bioinformatique permet d'aider les médecins à établir un diagnostic précis des maladies et à choisir les traitements les plus adaptés.

## Environnement de travail

Le poste est localisé au Centre de Recherche des Cordeliers (CRC), site historique en plein centre de Paris et du quartier latin (Métro Odéon, RER Saint-Michel). Le CRC comprend plus de 500 chercheurs et ingénieurs, répartis dans une trentaine d'équipes.

Le poste inclut la possibilité de télétravailler 1 jour par semaine.

## Compétences nécessaires

- Expérience d'au moins 2 ans en analyses de données de séquençage (à discuter selon CV). Maîtrise des concepts et outils biostatistiques et bioinformatiques, en particulier ceux

utilisés en génomique et pour les analyses de données NGS (RNAseq/single-cell RNAseq).

- Connaissance des méthodes statistiques classiques et de leurs applications
- Maîtrise d'un langage de script (Python, Bash)
- Excellente connaissance de R
- Connaissance de l'environnement Linux/Unix
- Bonne pratique de la langue anglaise
- Organisation et gestion de projet

### **Compétences appréciées**

- Outils de versionning / développement collaboratif (Gitlab / Github)
- Ordonnanceur de tâches (ex: Slurm)
- Collecte, traitement et analyse des données de génomiques à grande échelle : whole exome/genome.

### **Compétences interpersonnelles**

- Aimer le travail en équipe, l'entraide, le partage des connaissances
- Savoir présenter son travail de façon claire et synthétique
- Travailler avec rigueur et méthode
- Capacité à anticiper et à résoudre les problèmes
- Etre curieux, s'intéresser fortement aux sciences biologiques et/ou médicales

### **Pour postuler**

Adresser votre CV et lettre de motivation à :

- Catherine Sautès-Fridman
- E-mail : [catherine.fridman@crc.jussieu.fr](mailto:catherine.fridman@crc.jussieu.fr)

Isaias Hernandez-Verdin

E-mail: [isaias.hernandez@sorbonne-universite.fr](mailto:isaias.hernandez@sorbonne-universite.fr)