



Titre du poste

PROJET VIROME@TLAS | INGENIEUR DE RECHERCHE EN BIO-INFORMATIQUE

Contrat

- ✓ Statut : Contractuel
- ✓ Catégorie du poste : A
- ✓ BAP et emploi-type : A1A41 : Ingénieur-e biologiste en analyse de données
- ✓ Spécialité/domaine : Sciences du vivant, de la terre et de l'environnement
- ✓ Contrat : CDD
- ✓ Quotité souhaitée : 100 %
- ✓ Durée du contrat : 24 mois
- ✓ Date de prise de poste souhaitée : 1/11/2024

La mission

Le contexte :

L'Université de Lyon 1, en collaboration avec 11 partenaires, coordonne le projet SHAPE-Med@Lyon (www.shape-med-lyon.fr). Le projet Virome@tlas récemment primé par le consortium SHAPEMed@Lyon dans le cadre de l'appel projets structurant 2023 - a comme objectif de développer une plateforme numérique dédiée à la surveillance de la virosphère. Ce projet collaboratif est porté par la plateforme PRABI-AMSB (UCBL1, FR BioEEnvis - <http://amsb.prabi.fr>), le laboratoire Environnement Ville et Société (Lyon2 - <https://umr5600.cnrs.fr>), le Centre International de Recherche en Infectiologie (HCL, plateforme GENEPII) et le laboratoire IVPC (INRAE - <https://ipvc.lyon-grenoble.hub.inrae.fr>) en partenariat avec le laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive et l'Institut Français de Bioinformatique (NNCR cloud). Le projet Virome@tlas recrute un ingénieur de recherche en bioinformatique au sein de la plateforme PRABI-AMSB dans le but de consolider en tout début de projet un prototype de lac de données utilisant l'état de l'art des technologies analytiques du cloud et tourné vers la gestion des données massives de métagénomiques issues de SRA et leur application à l'exploration et la surveillance de la virosphère en collaboration avec une équipe interdisciplinaire.

Les missions principales :

La mission principale de l'ingénieur de recherche en Bioinformatique sera de consolider le prototype de lac de données du projet Virome@tlas en collaboration et interaction étroite avec le consortium. La personne recrutée développera plus particulièrement des chaînes de traitement bioinformatique reproductibles (script bash, python) pour l'extraction, la transformation et le chargement des données (procédure ETL) au sein du système à partir des métadonnées SRA du NCBI et des données d'assignation taxonomique déjà produites par l'algorithme SRA-STAT. L'ingénieur participera au développement de procédures d'analyse reproductibles de données massives sur le cloud à travers des notebook (Jupyter, R) dans le but de répondre aux questions adressées par le consortium. La mission secondaire concernera la formation des membres du consortium à l'utilisation de l'infrastructure au travers des Notebook et l'organisation d'évènements (Hackathon) ouvert à la communauté SHAPEMed@Lyon.

Activités principales de l'agent :

- Participer au développement de l'infrastructure cloud du projet Virome@tlas (openstack, docker, singularity, notebook jupyter).
- Développer des procédures en python pour l'extraction, la transformation, le chargement des données dans l'infrastructure.
- Développer des notebook jupyter pour faciliter l'exploration de la diversité virale à partir des données SRA et SRA-STAT.
- Assurer la mise à jour du lac de données.
- Gérer la formation des membres du consortium et des étudiants.
- Participer à l'encadrement des étudiants impliqués dans le projet
- Gérer l'animation de Hackaton pour l'utilisation de l'infrastructure.
- Résoudre ou faire remonter les incidents et optimiser les performances.
- Rédiger et mettre à niveau les documentations techniques et fonctionnelles.
- Effectuer une veille technologique.
- Contribuer à l'assistance aux partenaires du projet.

Le profil recherché

Compétences attendues :

- Maîtrise des environnements Linux et des langages système (shell/bash).
- Maîtrise des outils de gestion de versions des codes source (git, gitlab).
- Maîtrise des techniques Cloud et virtualisation (OpenStack, Docker, Kubernetes ou OpenShift).
- Maîtrise souhaitable des outils de gestion de pipelines en Bioinformatique (Nextflow, Snakemake).
- Maîtrise souhaitable des outils d'analyse statistiques multivariées sous R ou python.
- Compétence (appréciable) dans l'utilisation des outils de machine learning sous R ou python.
- Compréhension de l'anglais oral et écrit.
- Connaissance générale des procédures de sécurité informatique.

Connaissances :

- Connaissance des méthodes bioinformatiques d'assignation taxonomique.
- Connaissance des protocoles et des méthodes de séquençage en métagénomique.
- Connaissance des formats de données de métagénomique.
- Connaissances des bases de données en bioinformatique.
- Connaissance (appréciable) en microbiologie / virologie moléculaire

Savoir être :

- Capacité à travailler en mode projet avec une équipe pluridisciplinaire
- Réactivité, autonomie, initiative, rigueur.
- Sens de l'organisation.
- Esprit d'équipe et sens de la collaboration.
- Capacité à travailler en réseau, avec les outils numériques modernes.

Emplacements du poste (*Laboratoire 1/Laboratoire 2*)

Ville : Campus LyonTech-La Doua, 43, bd du 11 novembre 191869100 VILLEURBANNE

Composante/Service : UCBL1, FR BioEEnvis

Autres

Logiciels ou matériels spécifiques utilisés : OpenStack, Pyarrow, S3, Google RPC, Notebook Jupyter, Docker, Python, R

Niveau d'expérience souhaité : Débutant accepté

Modalités de candidature :

Date limite pour l'envoi des dossiers : Octobre 2024

Envoi du CV et de la lettre de motivation à :

Nom & Prénom : Vincent Navratil

Fonction : Responsable Scientifique PRABI-AMSB

Adresse mail : vincent.navratil@univ-lyon1.fr