

Ingénieur(e) d'étude en séquençage haut-débit

Durée du contrat : 12 mois renouvelable

Diplôme souhaité : BAC+5 dans le domaine de la biologie moléculaire

Salaire basé sur la grille Université de Bordeaux, suivant expérience

Date de prise de fonction souhaitée : 02/05/2022

Date de fin de validité de l'annonce : 25/03/2022

Laboratoire d'accueil

Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux

Université de Bordeaux & INRAE

Campus de Cestas-Pierroton

69 route d'Arcachon

33610 CESTAS

France

Contacts

Erwan Guichoux (erwan.guichoux@inrae.fr),

Olivier Lepais (olivier.lepais@inrae.fr),

Laurence Delhaes (laurence.delhaes@u-bordeaux.fr)

Contexte

La Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux (PGTB) est une structure académique spécialisée en séquençage et en génotypage. La PGTB développe et propose des services faisant appel à des technologies émergentes moyen et haut débit reposant sur le séquençage d'ADN (séquençage de courts et longs fragments d'ADN, reséquençage et métagénomique ciblée, séquençage de génomes et de transcriptomes), la recherche et le génotypage de mutations (SNP et microsatellites), la quantification de l'expression de gènes, l'analyse d'ADN environnemental, sensible ou ancien en laboratoire confiné ainsi que des services de support en matière d'analyse de biologie moléculaire courant (quantification d'acides nucléiques, contrôle de qualité, préparation de bibliothèques, ...). Vous travaillerez au quotidien au sein d'une équipe de 10 personnes, sur le campus INRAE de Cestas-Pierroton.

Missions

La mission principale sera de développer et conduire des approches méthodologiques en séquençage short-reads Illumina.

Les missions et activités qui vous incomberont seront de :

- Développer et mettre en place de nouvelles technologies ou méthodologies short-reads haut-débit au sein de la PGTB (RNAseq, single-cell, métagénomique et métatranscriptomique, épigénomique, GBS, ...),
- Interagir avec les utilisateurs et les conseiller techniquement,
- Planifier les expériences, choisir et mettre en œuvre les meilleurs protocoles expérimentaux,
- Valider les données produites et rendre compte aux utilisateurs,
- Assurer une veille scientifique et technologique,
- Accompagner et former les utilisateurs internes et externes.
- Participer à la démarche qualité ISO9001 et NFX50-900.

Compétences attendues

- Connaître et maîtriser les techniques de séquençage utilisées à la PGTB (une expérience antérieure sur une plateforme de génomique serait un plus),
- Conseiller sur les possibilités techniques, leurs limites, les méthodes d'analyse, leur interprétation, et en assurer le suivi,
- Connaître et savoir utiliser les outils bioinformatiques de validation des données de séquençage,
- Savoir rendre compte de son activité, savoir rassembler et mettre en forme les résultats des expériences,
- Connaître et savoir appliquer les risques et les règles d'hygiène et de sécurité d'un laboratoire de biologie moléculaire,
- Savoir utiliser les outils informatiques (logiciels de bureautique),
- Bonne maîtrise de l'anglais permettant de lire et comprendre un protocole et d'échanger par email,
- Sens de l'organisation, autonomie, rigueur, goût du travail soigné et esprit d'équipe sont attendus.

Procédure de candidature

Le dossier de candidature est à envoyer par courriel à :

Erwan Guichoux (erwan.guichoux@inrae.fr), Olivier Lepais (olivier.lepais@inrae.fr) et Laurence Delhaes (laurence.delhaes@u-bordeaux.fr)

Indiquer en objet de courriel : « Candidature Ingénieur(e) d'étude en séquençage haut-débit ». Le dossier comprendra une lettre de motivation et un curriculum vitae détaillé. Le dossier doit être envoyé avant le 25 mars 2022. Les entretiens seront réalisés entre le 28 et le 31 mars 2022.