



## CDI Bio-informaticien senior

### ÉTABLISSEMENT

---

**Equipe « Lymphoma Immuno Biology » (LIB)**  
Centre International de Recherche en Infectiologie (CIRI)  
INSERM U1111 - CNRS UMR5308  
Université Claude Bernard Lyon I - ENS de Lyon  
Faculté de Médecine Lyon-Sud  
165, Chemin du petit Revoynet- BP 12  
69921 Oullins Cedex, France

### PRESENTATION ET CARACTÉRISTIQUES GÉNÉRALES DU LABORATOIRE

---

**Chefs d'équipe :** Dr Laurent GENESTIER - Pr Emmanuel BACHY

**Localisation du laboratoire :** Faculté de Médecine et de Maïeutique Lyon Sud  
165, Chemin du petit Revoynet- BP 12  
69921 Oullins Cedex, France

### Description de l'équipe de Recherche dans laquelle vous évoluerez :

LIB est une équipe dynamique s'intéressant à différentes problématiques fondamentales et translationnelles en onco-hématologie. Nous avons à cœur de soulever des questions aux enjeux médicaux et biologiques forts en utilisant des outils à la pointe de la technologie et de la bio-informatique. A la recherche de biomarqueurs pronostiques/prédictifs, ou encore de cibles pour le traitement des lymphomes et leucémies, nous avons recours à des méthodes d'analyse à haut débit (RNA-Seq, ATAC-seq, ...) sur des échantillons issus de la clinique ou d'expérimentations *in vivo* et *in vitro*. Dans le cadre de l'évolution de l'équipe et notamment de la génération de plus en plus importante de données multi-OMICS, nous souhaitons renforcer notre pôle bio-informatique aujourd'hui déjà composé de trois bio-informaticien.ne.s rattachés à l'équipe travaillant en étroite collaboration avec la cellule bio-informatique et biostatistiques du CIRI.

### DÉFINITION GÉNÉRALE DU POSTE :

---

Post-doctorant.e ou ingénieur bio-informaticien.ne expérimenté.e/senior pour l'analyse de données OMICS.

### PRINCIPALES ACTIVITÉS DU POSTE

---

Vous travaillerez sur un ou plusieurs projets de Recherche et Développement en fonction des besoins de l'équipe et de vos motivations.

Vos activités consisteront à :

- **Analyser des résultats d'ATAC-Seq, RNA-Seq, et Cut and tag issus d'expériences biologiques sur des modèles de lymphomagénèse (inhibition médicamenteuses, activation ou inactivation de gènes dans des lignées cellulaires ou des modèles murins)**

- Analyse différentielles
- Enrichissements de pathway
- Construction de réseaux de gènes/facteurs de transcription
  
- **Analyser de données obtenues à partir d'échantillons de lymphomes B et T de différentes cohortes de patients :**
  - Preprocessing de data en bulk et single-cell
  - Analyses supervisées et non supervisées pour l'identification de gènes/transcrits et facteurs de transcription impliqués dans la lymphomagénèse ou l'identification de nouveaux marqueurs diagnostiques/pronostiques.
  - Déconvolution du signal tumoral dans le bulk
  - Utilisation d'outils d'analyses multimodales pour l'intégration des données ATAC-seq et RNA-seq
  
- **Développement de modèles de machine learning pour l'aide au diagnostic anatomopathologique à partir de données de séquençage déjà disponibles dans le laboratoire**
  
- **Genome Wide Association Study**
  - Mise en évidence de polymorphismes nucléotidiques pronostiques ou prédictifs de réponses au traitements anticancéreux.
  - Corrélation avec des données ATAC-seq / RNA-seq pour la découverte de nouveaux mécanismes de résistances biologiques.
  
- **Veille bibliographique :**
  - Veille constante de nouveaux outils bio-informatiques développés dans le cadre de la génération de données de NGS
  - Mise en œuvre ou développement d'analyses bio-informatiques originales et pertinentes pour le(s) projet(s) issues ou inspirées de la littérature scientifique récente

## **INTERLOCUTEURS PRIVILÉGIÉS**

---

Chefs d'équipe : Dr Laurent Genestier et Pr Emmanuel Bachy

Bio-informaticiens (Quentin Testard, Claire Bardel, Edith Julia, Carine Rey)

Biostatisticien (Pr Delphine Maucort-Boulch)

## **DIPLOMES ET EXPERIENCE REQUIS**

---

Doctorat en bio-informatique ou biostatistique.

## **PROFIL, COMPETENCES ET CONNAISSANCES ASSOCIÉES REQUISES**

---

- **Profil :**

Vous appréciez l'interdisciplinarité et aimez travailler avec des collaborateurs de niveaux et disciplines différents. L'esprit d'équipe et la collaboration sont des aspects indispensables de ce poste. De plus vous aimez la Recherche et vous vous intéressez à des sujets de Biologie et de Médecine. Enfin, vous faites preuve d'esprit critique positif et d'autonomie.

- **Compétentes et connaissances :**

- Maîtrise des langages bash, et R ou Python
- Utilisation de git et d'outil de gestion des environnement (conda, singularity) pour la reproductibilité des résultats
- Expérience en traitement de données transcriptomique et épigénomique en bulk, (ATAC-seq et RNA-Seq) : analyse différentielle (Deseq2...), analyses d'enrichissement de voies biologiques.
- Maîtrise de différentes approches de clustering et réduction de dimension (PCA, ICA, UMAP)
- Maîtrise des logiciels d'alignement de séquence et de quantification des transcrits (Bowtie2, STAR ou autres), de peak calling (MACS2 ou autre).
- Connaissances de base en biologie moléculaire et intérêt dans la compréhension des mécanismes pathologiques liés au cancer.

### **FACULTATIF MAIS SOUHAITABLE**

---

- Connaissances en nextflow (utilisation de pipeline déjà développés au sein de l'équipe)
- Analyses de données de single-cell (Seurat, Signac, ArchR)
- Utilisation d'algorithmes de machine learning (random forest , SVM, XGboost notamment)
- Utilisation d'algorithmes de déconvolution supervisée et non supervisée (CIBERSORTx, Non-Negative Matrix Factorization, ...)

### **QUALITÉS REQUISES**

---

- Qualités relationnelles
- Esprit d'équipe
- Autonomie et esprit d'initiative

### **CONDITIONS DE TRAVAIL - EVOLUTION DU POSTE**

---

- Horaires de travail : 100% sur 5 jours et 35h par semaine
- Possibilité de télétravail deux jours par semaine
- Durée du poste : CDI avec période d'essai de 3 mois renouvelable
- Salaire net minimum de 2500 €/mois selon expérience

### **CONTACT**

---

Please submit CV, cover letter, concise description of past achievements and academic goals as well as contact information for at least 2 referees. We are reviewing applications as they are received. Therefore, candidates are encouraged to apply as soon as possible to [laurent.genestier@inserm.fr](mailto:laurent.genestier@inserm.fr)