



<https://latribunelibre.com/emploi/ingenieur-e-biologiste-en-analyse-de-donnees-bioinformaticien-ne-f-h>

Ingenieur-e biologiste en analyse de données (bioinformaticien.ne) F/H

Description

Mission principale:

Le/la bioinformaticien-ne recruté-e travaillera au sein du projet Delta-DECODE, financé par l'ANRS, qui vise à déchiffrer les interactions entre le virus de l'hépatite Delta (HDV) et le microenvironnement hépatique. Ce projet repose sur une large cohorte de biopsies hépatiques de patients, et utilise des approches de pointe : RNA-seq bulk, single-cell transcriptomics et transcriptomique spatiale à haute résolution.

La mission consistera à développer et mettre en œuvre des pipelines bioinformatiques pour le traitement et l'intégration de ces données, à identifier des signatures moléculaires liées à la progression de la maladie et au pronostic, et à contribuer à leur valorisation scientifique au sein d'un consortium multidisciplinaire associant cliniciens, biologistes, biostatisticiens et partenaires nationaux et internationaux.

Activités principales:

Traitement et analyse de données RNA-seq (bulk, single-cell et spatiale).

Développement/adaptation de workflows bioinformatiques (QC, alignement, clustering, analyse différentielle, pathway analysis).

Intégration des données omiques avec les données cliniques.

Gestion et organisation des données.

Collaboration avec les équipes de Strasbourg, Henri Mondor et partenaires internationaux.

Contribution aux publications scientifiques.

Qualifications

Spécificités et environnement du poste:

Participation à un projet ANRS multicentrique d'envergure nationale et internationale, en collaboration avec Strasbourg, Henri Mondor et des partenaires académiques/industriels.

Intégration dans un environnement translationnel unique, à l'interface de la recherche fondamentale, de la clinique et de la bioinformatique.

Accès à des plateformes technologiques de pointe (RNA-seq, single-cell, transcriptomique spatiale, imagerie), avec possibilité de formation aux nouvelles approches.

Connaissances:

Bioinformatique appliquée à la génomique et transcriptomique.

Statistiques appliquées à la biologie.

Connaissance des environnements HPC et de la gestion de données sensibles.

Savoir-faire:

Maîtrise de R et/ou Python, packages usuels (DESeq2, edgeR, ggplot2, Seurat/Scanpy apprécié).

Développement de scripts et automatisation de pipelines.

Bonne capacité de visualisation et présentation des données.

Anglais scientifique.

Aptitudes:

Organisme employeur

Inserm

Type de poste

Temps plein

Secteur

RECHERCHE-DÉVELOPPEMENT
EN AUTRES SCIENCES
PHYSIQUES ET NATURELLES

Lieu du poste

67482, STRASBOURG,
STRASBOURG, France

Date de publication

14 janvier 2026 à 18:03

Valide jusqu'au

13.02.2026

Capacité d'apprentissage et d'adaptation.

Esprit collaboratif, goût pour l'interdisciplinarité.

Rigueur et autonomie.

Expériences souhaitées:

Expérience en analyse RNA-seq indispensable.

Expérience en single-cell ou spatial omics : un atout, mais formation possible au sein du projet.

Niveau de diplôme et formations: Master 2 ou Doctorat en bioinformatique, biostatistiques, mathématiques appliquées, sciences des données ou disciplines proches.

Date de prise de fonction: 01/05/2026

Durée: 12 mois renouvelable

Temps plein: 38h30: 32 congés et 13 RTT

Télétravail: oui à discuter avec superviseur

Rémunération: A partir de 2927.84€ jusqu'à 4295.15€ brut mensuel en fonction de l'expérience professionnelle sur des postes de niveau équivalent.