

## **CDD 6 mois (ou stage M2) Bioinformatique – Analyse de données NGS**

Type de poste: **CDD Ingénieur (IE)**

Durée du poste: **6 mois**

Date de début: dès que possible

Ville: **Strasbourg**

Laboratoire: Institut de Biologie Moléculaire des Plantes (CNRS)

Adresse: 12 rue du Général Zimmer, 67084 Strasbourg cedex

Nom et e-mail des contacts:

Valérie Cognat, [valerie.cognat@ibmp-cnrs.unistra.fr](mailto:valerie.cognat@ibmp-cnrs.unistra.fr)

Anne-Marie Duchêne, [anne-marie.duchene@ibmp-cnrs.unistra.fr](mailto:anne-marie.duchene@ibmp-cnrs.unistra.fr)

### **Description du poste:**

La répartition différentielle d'ARNm dans le cytoplasme est un moyen efficace pour obtenir une synthèse protéique localisée dans certaines régions de la cellule. Un adressage d'ARNm cytosoliques à la surface des mitochondries a été mis en évidence dans la levure, les cellules humaines et les plantes. Pour obtenir une vision globale des ARNm adressés à la surface des mitochondries végétales et pour explorer le mécanisme et la fonction de l'adressage, nous avons entrepris une analyse à grande échelle par séquençage haut débit (RNA-seq). Ce travail a été réalisé sur la pomme de terre, qui permet d'obtenir des mitochondries de très haute qualité et dont le génome est maintenant disponible.

### Missions :

- Identifier des motifs/structures particuliers sur les ARNm expliquant le mécanisme d'adressage aux mitochondries.
- Rechercher les fonctions et voies métaboliques impliquées dans l'adressage.
- Comparer les résultats obtenus chez la pomme de terre à ceux obtenus chez la levure et *Arabidopsis thaliana*.

### Environnement :

La personne sera recrutée à l'Institut de Biologie Moléculaire des Plantes à Strasbourg. Elle sera à l'interface entre le Pôle bioinformatique et l'équipe « Métabolisme et trafic des ARNs dans la cellule végétale »

### **Compétences :**

- Connaissances des outils et méthodes d'analyse de données RNA-seq
- Maîtrise d'un langage de script (python ou perl)
- Connaissances de bases en statistiques
- Connaissance du logiciel R/bioconductor

### **Profil recherché :**

Titulaire d'un Master 2 Bioinformatique (ou étudiant en Master 2 Bioinformatique).