

**Plateforme de Géoséquençage GENOMAX
INSERM UMR_S 1109**

Directeur: Professeur Seiamak BAHRAM

Faculté de Médecine
Université de Strasbourg

***Recrutement d'un(e) ingénieur(e) d'étude en bioinformatique
Analyse de données de séquençage à haut-débit***

Missions

L'ingénieur(e) sera chargé(e) de:

- mettre en place des pipelines d'analyse informatique de données génomiques complexes.
- concevoir des modèles d'analyse et de nouveaux algorithmes.
- développer et améliorer des outils logiciels et des systèmes d'information dédiés.
- mettre en place des bases de données nécessaires au projet de recherche.
- créer des interfaces utilisateur pour l'exploration et l'interprétation des résultats.
- définir et choisir, en concertation avec ses interlocuteurs biologistes, la stratégie et les méthodes d'analyse à mettre en œuvre.

Le candidat devra

- être titulaire d'un Master 2 en bioinformatique (ou équivalent).
- disposer de compétences informatiques démontrées (e.g. programmation en Perl, Python, C++, Java).
- maîtriser les outils d'analyse bioinformatique de séquences.
- avoir une bonne connaissance des systèmes de gestion de bases de données.
- avoir une bonne maîtrise de l'anglais écrit et parlé.
- posséder des qualités organisationnelles allant de pair avec la maîtrise d'un flux important d'information.

Descriptif du poste

- Poste à temps plein à Strasbourg vacant au 23 février 2015
- CDD de 12 mois renouvelable
- Envoyer un CV, une lettre de motivation et 2 lettres de recommandation uniquement par courriel au Prof. Seiamak BAHRAM : recrutement-genomax@unistra.fr