

Poste : Ingénieur/Master2/PhD en bioinformatique/biostatistiques

Contexte du projet :

Nom du projet : Share-4Kids

Description :

L'amélioration des traitements des cancers pédiatriques passe par la compréhension de leurs bases moléculaires. Pour ce faire, l'utilisation des données -omiques est un enjeu clé. Même s'ils causent 80 000 décès/an à travers le monde, les cancers pédiatriques sont à considérer comme des maladies rares à l'échelle de la recherche. La mutualisation et le partage des données doivent donc être repensés et organisés à l'échelle de l'ensemble de la communauté scientifique pour booster la recherche.

L'objectif du réseau national de recherche fondamentale en cancérologie pédiatrique React-4Kids est d'établir une plateforme nationale de bio-informatique destinée à : i) rassembler, centraliser et mettre à disposition des chercheurs et des cliniciens l'ensemble des données -omiques disponibles sur tous les cancers de l'enfant via un entrepôt de données national, et ii) réaliser des analyses multi-omiques à partir d'échantillons de patients et de modèles pour démontrer l'efficacité d'un partage en temps réel à l'échelle nationale sur la résolution de questions complexes. Nous montrerons comment ce dispositif répond aux besoins des chercheurs pour élucider notamment la question de la résistance aux traitements, et peut être utile aux cliniciens dans le cadre d'approches de médecine personnalisée. Ce projet s'inscrit dans la droite ligne d'initiatives internationales, telles que le *Kids First Data Resource Center*.

Missions :

Vous serez rattaché à l'équipe du projet Share-4kids et travaillerez avec des bio-informaticiens, des bio-statisticiens, et des chercheurs en biologie.

Vous serez chargé de réaliser des analyses -omiques (notamment RNA-Seq et microarray) à partir de jeux de données publiques sur les cancers pédiatriques ou générés dans le cadre du projet Share-4Kids, pour les chercheurs du réseau React4-Kids. Pour cela vous utiliserez les méthodes usuelles du domaine, et en particulier : traitement des données brutes RNA-Seq (alignement, QC, etc.), ainsi que leur normalisation, et la réalisation d'analyses : différentielles (e.g. limma, DESeq), multivariées (e.g. ACP, CAH) et d'enrichissement en processus biologiques (e.g. GSEA, ssGSEA).

Par ailleurs, vous serez également amené à participer ponctuellement au soutien d'autres projets individuels d'équipes du réseau, en mettant votre expertise au service de la résolution de questions scientifiques nécessitant la mise en œuvre d'analyses évoquées ci-dessus.

Profil du candidat :

Titulaire d'un diplôme d'ingénieur, d'un M2, d'un doctorat en bio-informatique avec une spécialisation en bio-statistiques.

Bonne connaissance de R, linux, python ou perl, analyse de données NGS.

Contrat : Plein temps (CDD 1 an renouvelable)

Date début : Septembre 2021

Lieu: Centre Léon Bérard, LYON (69008)

La rémunération suivra les règles du Centre de Recherche et dépendra de l'expérience des candidats.

Processus de recrutement : Envoi d'un CV + lettre de motivation à marie.castets@lyon.unicancer.fr