

ENVIRONNEMENT ET CONTEXTE DE TRAVAIL

Notre établissement fait partie de l'Université PSL. Située au cœur de Paris, celle-ci fait dialoguer tous les domaines du savoir, de l'innovation et de la création. Classée parmi les 50 premières universités mondiales, elle forme au plus près de la recherche des chercheurs, artistes, ingénieurs, entrepreneurs ou dirigeants conscients de leur responsabilité sociale, individuelle et collective.

STRUCTURE D'ACCUEIL

L'École Pratique des Hautes Études (EPHE) est un grand établissement d'enseignement supérieur et de recherche, établissement-composante de l'Université Paris Sciences et Lettres (PSL), et membre fondateur du Campus Condorcet. L'EPHE-PSL est implantée sur plusieurs sites en France métropolitaine et en Polynésie française.

La candidate ou le candidat retenu travaillera au sein de l'équipe DIVA (« Diversification et adaptation aux échelles micro et macro-évolutives ») de l'Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB, UMR 7205) située au Muséum National d'Histoire Naturelle à Paris. L'équipe DIVA est composée de 11 enseignants-chercheurs permanents, deux techniciennes, un ingénieur de recherche, et plusieurs doctorants / doctorantes et stagiaires. L'équipe mène des recherches portant sur les processus évolutifs à travers diverses disciplines comme la génétique des populations, l'écologie comportementale, la génétique quantitative, l'écologie évolutive, en partenariat avec plusieurs équipes en France et à l'étranger.

MISSIONS

ACTIVITÉS PRINCIPALES

ENCADREMENT SCIENTIFIQUE

La personne recrutée participera aux projets scientifiques des différentes membres de l'équipe DIVA et sera sous la responsabilité du correspondant EPHE de l'unité, actuellement Stefano Mona.

ACTIVITÉS PRINCIPALES

La candidate ou le candidat retenu sera responsable de la gestion et du traitement bio-informatique des données, notamment du type « *Next Generation Sequencing* » (NGS), issues de plusieurs projets de l'équipe et ponctuellement venir en appui aux projets des autres équipes de l'UMR. Elle ou il devra utiliser et développer des *pipelines* bio-informatiques pour le traitement des librairies produites par des méthodes de type *Whole Genome Sequencing* (Illumina sort-reads), long read sequencing (PacBio et ONT), Hi-C sequencing, ou transcriptomique (long et short reads). Outre le traitement bio-informatique, elle ou il devra également analyser les données produites et présenter et interpréter les résultats dans leur contexte scientifique. Ces investissements se traduiront notamment par la co-signature des articles scientifiques de l'équipe. En termes de gestion des données, la personne recrutée devra coordonner la sauvegarde des données « omics » sur les serveurs de l'EPHE-PSL en accord avec la direction des systèmes d'information de l'EPHE-PSL.

PROFIL DU CANDIDAT

SAVOIRS ET COMPÉTENCES ATTENDUS

COMPÉTENCES REQUISES

Savoirs

- Maîtrise de l'analyses de données « omics »,
- Connaissances au moins superficielles des différences techniques de séquençage NGS, et surtout des données produites par ces méthodes,
- Connaissance du système d'exploitation GNU/Linux ou autre Unix-like,
- Connaissance d'au moins un langage de programmation utilisé en analyse de données (R, Python, Perl, Julia, ...).
- Connaissance de la syntaxe d'un shell en ligne de commande (notamment bash, zsh ou fish, et les programmes GNU comme sed ou awk)
- Connaissance de plusieurs logiciels dédiés à l'analyses des données NGS : BWA, SAMtools, GATK, PICARD, ANGSD, Hifiasm....
- Facultatif : connaissance de logiciels pour l'analyse des données précédemment filtrés (fastsimcoal, Beast, LEA, ADMIXTURE entre autres)
- Connaissance des bonnes pratiques du cycle de la donnée et des principes FAIR.
- Anglais, lu et écrit.

Savoirs-faire

- Utiliser des *pipelines* déjà existant en ligne de commande et les modifier si nécessaire pour le traitement de données de type NGS dans le cadre des projets menés par l'équipe.

- Traiter des gros jeux de données en travaillant sur un cluster informatique.
- Organiser le traitement des jeux de données selon les bonnes pratiques au sein d'une équipe de recherche.
- Interpréter les résultats des analyses dans leur contexte scientifique.
- Rédiger en anglais les parties des articles scientifiques en lien avec les données analysées.
- Facultatif : analyser statistiquement les données obtenues à l'aide d'un langage de programmation (R, Python, Julia...) et/ou à partir de programmes existants pour des analyses plus spécialisées de génétique des populations ou phylogénie.

Savoirs-être

- Excellente capacité relationnelle. La candidate ou le candidat retenu sera amené à travailler en groupe et à communiquer ses avancements sur une base régulière.
- Esprit d'initiative et autonomie.
- Rigueur et sens de l'organisation.

FORMATIONS ET EXPÉRIENCE PROFESSIONNELLE SOUHAITABLES

- Niveau master 2 ou équivalent pour les mentions suivantes : Bio-Informatique, Mathématique appliquée et statistiques, Sciences du vivant, Biodiversité Écologie et Évolution. Des expériences antérieures dans un laboratoire de recherche sur des projets d'analyse de données, spécifiquement de bio-informatique, seront considérées favorablement.

TYPE DE RECRUTEMENT :

Fonctionnaire de catégorie A ou CDD d'un an, renouvelable

CV et lettre de motivation obligatoires

NON DISCRIMINATION, OUVERTURE ET TRANSPARENCE

Notre établissement, comme l'ensemble de l'Université PSL, s'engage à soutenir et promouvoir l'égalité, la diversité et l'inclusion au sein de ses communautés. Nous encourageons les candidatures issues de profils variés, que nous veillerons à sélectionner via un processus de recrutement ouvert et transparent.

CONTACT

zovv3d8zjx5k@emploi.beetween.com

AUTRES INFORMATIONS

Type de contrat / de poste : **CDD**

Durée du contrat : **1 an(s)**

Référence
zovv3d8zjx

PUBLIÉ LE 29/09/2026

L'Université PSL (Paris Sciences & Lettres)

