



Offre de poste d'ingénieur(e) d'études en bioinformatique



« Implémentation d'un nouveau module de traitement des données de spectrométrie de masse dans le logiciel i2MassChroQ »

- Localisation: Plateforme d'Analyse Protéomique de Paris Sud-Ouest (PAPPSO), Université Paris-Saclay, IDEEV, Gif-sur-Yvette (91)
- Dates: contrat de 12 mois à partir de mars 2023
- Salaire brut: 2100-2500 € par mois selon le niveau d'expérience

Mots clefs : protéomique, chromatographie liquide couplée à la spectrométrie de masse (LC-MS/MS), bioinformatique, logiciel libre, C/C++, machine learning

Contexte :

PAPPSO (pappso.inrae.fr) est une plateforme de protéomique visant à fournir aux équipes de recherche des prestations analytiques à haute valeur ajoutée grâce à ses équipements de pointe et ses compétences en bioinformatique des données de spectrométrie de masse. PAPPSO développe en effet depuis de nombreuses années une suite logicielle couvrant tous les aspects de l'analyse protéomique, depuis l'exploitation des données brutes produites par les spectromètres de masse jusqu'aux analyses statistiques des résultats d'identification et de quantification des protéines (<http://pappso.inrae.fr/bioinfo/>). Parmi ces logiciels, i2MassChroQ (<http://pappso.inrae.fr/bioinfo/i2masschroq/documentation/html/>) est dédié à l'identification et à la quantification des protéines à partir de données LC-MS/MS acquises dans un mode couramment utilisé appelé "*data dependent*". PAPPSO souhaite adapter ce logiciel pour qu'il puisse également prendre en charge des données acquises dans un nouveau mode appelé "*data independent*" faisant intervenir l'intelligence artificielle (*machine learning*).

Objectif :

La personne recrutée sera chargée d'implémenter, à partir du code i2MassChroQ existant, un nouveau module permettant de réaliser l'identification et la quantification des protéines à partir de données de LC-MS/MS acquises en mode "*data independent*". Elle devra, pour cela, développer du code en C++ et utiliser des approches de *machine learning*.

Environnement:

PAPPSO regroupe 9 agents permanents répartis sur deux sites distants de 8 km : le laboratoire de Génétique Quantitative et Évolution - Le Moulon (GQE-Le Moulon, Gif-sur-Yvette) et l'Institut MICALIS (Jouy-en-Josas). La personne retenue sera basée sur le site du Moulon et travaillera en étroite collaboration avec les bioinformaticiens de la plateforme qui développent et maintiennent les logiciels.

Les points forts de PAPPSO: une plateforme d'envergure internationale avec des équipements de pointe exploités par des analystes chevronnés et des bioinformaticiens qui développent des solutions logicielles répondant aux exigences croissantes de traitement des données.

Compétences et aptitudes requises:

Les candidats doivent être titulaires d'un M2 en bioinformatique. Ils doivent savoir utiliser l'environnement Linux, écrire du code en C/C++ et avoir des notions en *machine learning*. Ils doivent être familiers des données omiques et plus particulièrement des données de LC-MS/MS. Rigueur, sens de l'organisation, dynamisme et aptitude à travailler en équipe seront nécessaires pour mener à bien la mission.

Pour postuler :

Envoyer un CV accompagné d'une lettre de motivation et les coordonnées de deux référents à l'adresse melisande.blein-nicolas@inrae.fr.