





Ingénieur-e de recherche en bioinformatique



CDD 24 mois







▶ Bac +8

L'Inserm est le seul organisme public français entièrement dédié à la recherche biologique, médicale et en santé des populations. Il dispose de laboratoires de recherche sur l'ensemble du territoire, regroupés en 12 Délégations Régionales. Notre institut réunit 15 000 chercheurs, ingénieurs, techniciens et personnels administratifs, avec un objectif commun : améliorer la santé de tous par le progrès des connaissances sur le vivant et sur les maladies, l'innovation dans les traitements et la recherche en santé publique.

Rejoindre l'Inserm, c'est intégrer un institut engagé pour la parité et l'égalité professionnelle, la diversité et l'accompagnement de ses agents en situation de handicap, dès le recrutement et tout au long de la carrière. Afin de préserver le bien-être au travail, l'Inserm mène une politique active en matière de conditions de travail, reposant notamment sur un juste équilibre entre vie personnelle et vie professionnelle.

L'Inserm a reçu en 2016 le label européen HR Excellence in Research et s'est engagé à faire évoluer ses pratiques de recrutement et d'évaluation des chercheurs.

Emploi				
Poste ouvert aux candidats	Agents fonctionnaires de l'Inserm par voie		Catégorie	
	de mobilité interi	e tionnaires non Inserm par voie	Corps	
	de détachement CDD agents contractuels		Emploi-Type	A1A41 - Ingénieur-e biologiste en analyse de données
Structure d'accueil				
Département/ Unité/ Institut		Equipe Spatio-temporal organisation and regulation of myeloid cells in Malignancy and inflammation (STORM-MI)" (Alexandre Boissonnas) Inserm U 955 Institut Mondor de Recherche Biomédicale		
A propos de la Structure		L'IMRB est l'un des principaux centres de recherche biomédicale pluridisciplinaire de l'est de la région parisienne. Les équipes de recherche y mènent des travaux de haut niveau en recherche fondamentale et translationnelle dans une diversité de domaines, en lien direct avec les services de santé et un grand nombre de cohortes de patients. Il regroupe près de 700 personnes réparties en 17 équipes de recherche et 5 plateformes technologiques.		
Directeur		Christophe Combadière		
Adresse		Faculté de Santé de Créteil 8, rue du Général Sarrail 94010 Créteil cedex FRANCE		
Délégation Régionale		Paris IDF Centre-Est		

Description du poste

Mission principale

L'ingénieur e de recherche contribuera au développement et à la mise en œuvre d'analyses bioinformatiques avancées appliquées à la transcriptomique en cellule unique et à la transcriptomique spatiale.

La personne recrutée aura pour mission de concevoir, adapter et déployer des outils permettant d'explorer l'hétérogénéité et les interactions cellulaires dans le microenvironnement tumoral humain, avec un accent particulier sur les populations myéloïdes (monocytes, macrophages, cellules dendritiques).

Activités principales

- Identifier, adapter et utiliser des outils et pipelines existants pour l'analyse de données de transcriptomique en cellule unique (scRNA-seq) et de transcriptomique spatiale (technologies de type MERSCOPE, Visium, etc.).
- Développer de nouveaux scripts ou modules bioinformatiques pour l'intégration et la visualisation de données multi-omiques.
- Participer à la conception et à la mise en œuvre de stratégies analytiques en collaboration avec les biologistes du laboratoire.
- Contribuer à l'annotation, la comparaison et l'interprétation biologique des populations cellulaires identifiées.
- Documenter et assurer la reproductibilité des analyses (versioning, documentation, pipeline management).
- Participer à la valorisation des résultats (figures, rapports, contribution à la rédaction d'articles scientifiques).
- Interagir avec les autres bioinformaticiens et ingénieurs de l'Institut Mondor de Recherche Biomédicale (IMRB) pour partager outils et bonnes pratiques.

Spécificité(s) et environnement du poste

- Le poste est situé au sein de l'unité Inserm U955 (Institut Mondor de Recherche Biomédicale, Faculté de Santé de Créteil), dans une équipe spécialisée dans l'étude du microenvironnement immunitaire des tumeurs humaines.
- Le travail s'inscrira dans une dynamique pluridisciplinaire associant immunologistes, pathologistes, bioinformaticiens et cliniciens, autour de projets centrés sur la compréhension du rôle des cellules myéloïdes dans la progression tumorale.
- Le/la candidat e bénéficiera d'un environnement scientifique riche, d'un accès à des données de haute qualité (scRNA-seq, spatial transcriptomics, imagerie), et de l'appui du réseau de bioinformatique de l'IMRB.

Connaissances

- Bonnes connaissances en bioinformatique appliquée à la transcriptomique (scRNA-seq, RNA-seq, spatial transcriptomics).
- Connaissances en biologie moléculaire et cellulaire, idéalement en immunologie et/ou cancérologie.
- Maîtrise des environnements Linux et des langages de programmation usuels en analyse omique (Python, R).
- Connaissance des outils et bibliothèques standards : Scanpy, Seurat, Squidpy, Anndata, etc.
- Compréhension des notions de statistiques et d'apprentissage automatique appliquées aux données biologiques.
- Connaissances souhaitées en gestion de données (Git, Docker, Snakemake ou Nextflow).

Savoir-faire

- Analyser, interpréter et intégrer des données issues de technologies scRNA-seq et spatiales.
- Développer et documenter des pipelines reproductibles.

- Gérer des jeux de données volumineux et complexes.
- Communiquer efficacement les résultats à des biologistes non spécialistes.
- Travailler en collaboration dans un environnement pluridisciplinaire.
- Assurer une veille technologique sur les nouvelles approches analytiques.

Aptitudes

- Curiosité scientifique et intérêt marqué pour la biologie et l'immunologie.
- Esprit d'équipe, goût pour la collaboration et le partage d'expertise.
- Rigueur, sens de l'organisation et autonomie.
- Capacité d'adaptation à des projets évolutifs et interdisciplinaires.
- Motivation à apprendre et à développer de nouvelles compétences analytiques.

Expérience(s) souhaité(s)

- Expérience préalable en analyse de données de transcriptomique en cellule unique (stage, CDD, ou thèse).
- Expérience en traitement ou intégration de données spatiales (Visium, MERFISH, MERSCOPE, etc.) appréciée.
- Une expérience dans le domaine de l'immunologie ou du microenvironnement tumoral serait un atout fort.
- Participation antérieure à des collaborations multidisciplinaires (biologie/bioinformatique) souhaitée.

Niveau de diplôme et formation(s)

- Diplôme de niveau Master 2 (bac +5) ou Doctorat en bioinformatique, biostatistique, biologie computationnelle, ou discipline équivalente.
- Une double compétence biologie / bioinformatique sera particulièrement valorisée.

Informations Générales

Date de prise de fonction

01/01/2026

Durée (CDD et détachements)

24 mois

Renouvelable : X OUI NON

Temps de travail

- Temps plein
- Nombre d'heures hebdomadaires : 38h30min
- Congés Annuels et RTT : 32 CA + 12 ARTT : 44 jours

Activités télétravaillables

OUI *

☐ NON

Maximum 2 jours par semaine de télétravail selon les règles de l'Inserm.

* Préciser les modalités de télétravail possible.

Rémunération

 Contractuels : A partir de 2494,30€ brut mensuel, au-delà en fonction de l'expérience professionnelle sur des postes de niveau équivalent.

Modalités de candidature

Date limite de candidature

07/11/2025

Contact

Charles-Antoine Dutertre

Contractuels

• Envoyer CV et lettre de motivation à charles-antoine.dutertre@u-pec.fr

Précisez vos prétentions salariales.

Pour en savoir +

- Sur l'Inserm : https://www.inserm.fr/; site RH : https://rh.inserm.fr/Pages/default.aspx
- Sur la politique handicap de l'Inserm et sur la mise en place d'aménagements de poste de travail, contactez la Mission Handicap : emploi.handicap@inserm.fr