

L'**URGI**, unité INRA de recherches en génomique info (31 bioinformaticiens dont 20 permanents INRA) dédiée à la génomique et à la génétique des plantes et de ses bioagresseurs (Champignons) <http://urgi.versailles.inra.fr>,

recherche : **5 ingénieurs en développement d'applications, en contrat CDD**

- Le premier axe de recherche de cette unité est l'intégration de données et l'interopérabilité de données en génomiques, en génétiques, épigénétiques, issues de différentes expérimentations de séquençage, de génotypage et de phénotypage à haut débit (du génotype au phénotype), dans des objectifs d'aide à la découverte de gènes d'intérêt agronomique et des allèles responsables des variations de caractères d'intérêt (rendement par exemple).

- Le 2ème axe est l'analyse de la structure et de la dynamique des génomes, et en particulier l'étude de l'impact des éléments transposables sur l'expression et la régulation des gènes.

- Cette unité maintient aussi une plateforme bioinformatique qui appartient au réseau national des plateformes bioinformatique (RENABI), labellisée sur le plan national par le GIS IBISA et labellisée outil collectif stratégique par l'INRA.

- Les services de la plateforme, couvrent la conception de bases de données, le développement logiciel (interface et pipeline d'analyses), l'intégration de données, le support et la formation. Elle participe à de nombreux projets et consortium d'envergure nationale et internationale

Lieu de travail de tous les postes : INRA-URGI (<http://urgi.versailles.inra.fr/>) sur le centre INRA de Versailles (<http://www.versailles.inra.fr>).

Fonctionnement: toutes les personnes recrutées intégreront les équipes de développement de la plateforme de l'URGI et suivront les méthodologies agiles (Extreme Programming). Elles seront affectées à 100% à la plateforme. Le planning et le suivi des activités se fera en mode projet sous la responsabilité d'un chef de projet identifié. Les priorités de développement sont arbitrées trimestriellement avec la direction et revues mensuellement. Le pourcentage du temps affecté des personnes à ces équipes sera positionné à l'année et revus tous les trimestres afin de garantir une souplesse et une réactivité face aux besoins des utilisateurs. Le travail réalisé s'intégrera dans la démarche qualité de l'unité (ISO9001) et les processus dédiés.

Ces postes sont à pourvoir à partir d'octobre 2012, auditions à prévoir en septembre.

Les candidats peuvent postuler à un ou plusieurs postes dont les références suivent.

Les candidatures (CV et lettre de motivation) sont à envoyer en format électronique à **toutes les personnes indiquées dans chaque référence**, avec en sujet de mail, la ou les références des profils candidatés.

=====

Réf : 2012-URGI-Java_Aso_1

CV+Lettre à adresser à : delphine.steinbach@versailles.inra.fr ET raphael.flores@versailles.inra.fr

La personne sera recrutée dans le cadre d'un projet de type Bioinformatique, ANR (Agence nationale pour la recherche), GnpAsso de 3 ans qui a démarré en 2011, coordonné par D. Steinbach à l'URGI, qui implique plusieurs partenaires académiques (laboratoires INRA de l'URGI à Versailles, du Moulon à Gif, de l'unité URLEG de Dijon, de l'unité AGAP de Montpellier), une société privée (Biogemma) à Clermont-Ferrand et l'IRD à Montpellier. Ces partenaires sont soit des scientifiques experts en génomique, génétique d'association, soit des bioinformaticiens experts en développement localisés sur la plateforme ou dans les d'unités. cf. <http://urgi.versailles.inra.fr/Projects/GnpAsso>

Elle sera chargée d'étendre le système d'information GnpIS afin de gérer et de requêter des résultats d'analyse de génétique d'association (GWAS) issus d'expérimentations à grande échelle faites sur différentes espèces de plantes (pois, blé, maïs, vigne, tomate..). Par association, on entend des associations calculées par des outils spécialisés et trouvés entre des SNPs (single nucleotide polymorphisms) issus de génotypage et des caractères issus de résultats de phénotypage.

Une première version de l'application de la base de données et de l'interface de requête en JAVA (GWT) a été réalisée en année 1 du projet. Il reste à la faire évoluer en année 2 et 3 de manière itérative en cohérence avec les besoins des utilisateurs qui ont été définis et qu'il reste à affiner. Il reste également à développer des webservices afin que des applications extérieures réalisées par des collaborateurs du projet (ThaliaDb, Sniplay) puissent se connecter à l'interface, pour récupérer les données de leur intérêt pour faire tourner par exemple des analyses d'association sur ces données et en faire remonter les données élaborées dans GnpIS.

Compétences : environnement UNIX/LINUX expérience au minimum en utilisation de base de données (PostgreSQL, ou MySQL, ou Oracle)

Expérience en conception de base de données serait appréciée, modélisation (UML) ou MERISE

langages : pratique du langage : JAVA J2EE

connaissances des frameworks : Hibernate, de Google Web Toolkit

connaissances et pratique des technologies WebServices serait un plus

bonnes capacités relationnelles, goût pour le travail en équipe et en particulier la programmation en binôme

maîtrise de l'anglais technique du domaine.

connaissances des concepts des méthodologies Agile serait appréciée.

Formation : Master2 (bioinformatique, informatique) ou Ecole d'ingénieur.

Durée : 18 mois (contrat de 12 mois renouvelable)

=====

Réf : 2012-URGI-BD_Aso_1

CV+ Lettre à envoyer à: delphine.steinbach@versailles.inra.fr ET celia.michotey@versailles.inra.fr

La personne contribuera au projet GnpAsso (<http://urgi.versailles.inra.fr/Projects/GnpAsso>). Elle sera chargée de continuer les développements de la partie du schéma du système d'information GnpIS dédié à la gestion des expérimentations (GWAS), en adéquation avec les développements de son interface (profil Réf : 2012-URGI-Java_Aso_1).

A court terme, il reste à finir les développements de quelques jobs Talend d'insertion, à tester et retester plusieurs jeux de données soumis par les scientifiques (pois, maïs, blé) et à proposer le format final de soumission des données GWAS qui servira ensuite pour les projets ayant ce besoin, notamment les projets investissement d'avenir (BreedWheat, Amaizing, PeaMust...).

A moyen terme, la personne travaillera en collaboration avec les personnes impliquées dans les développements prévus dans le projet sur les outils Sniplay et ThaliaDB et notamment sur le processus de flux et d'interaction à mettre en place entre les 3 outils central et locaux (GnpIS-Thalia-Sniplay), que ce soit au niveau des formats, des interfaces de requêtes et les Web services associés. Quelques déplacements sont à prévoir au Moulon à Gif, et à Montpellier dans le cadre du groupe de travail.

Remarque : en fonction de l'avancement du projet, et des compétences de la personne recrutée notamment sa compétence éventuelle en JAVA J2EE, il est aussi possible d'ajouter du développement JAVA dans ce profil pour aider au développement de l'interface de requête avec une répartition des tâches entre ce profil et le profil précédent. Réf : 2012-URGI-Java_Aso_1.

Compétences : environnement UNIX/LINUX. expérience en base de données (PostgreSQL et/ou Oracle), modélisation (UML)

langages : SQL et au moins un langage parmi la liste suivante : Perl et/ou Python

Connaissances et pratique d'un ETL (par exemple Talend) serait un plus

Connaissances d'XML serait un plus

Pratique d'un langage de type C ou JAVA serait un plus.

bonnes capacités relationnelles, goût pour le travail en équipe, la programmation en binôme maîtrise de l'anglais technique du domaine.

connaissances au moins des concepts des méthodologies Agile serait appréciée.

Formation : Master2 (bioinformatique, informatique) ou Ecole d'ingénieur.

Durée : 18 mois (contrat de 12 mois renouvelable)

=====

Réf : 2012-URGI-Java_Siregal

CV+ Lettre à envoyer à: sophie.durand@versailles.inra.fr ET delphine.steinbach@versailles.inra.fr

La personne recrutée contribuera au projet Siregal (<http://urgi.versailles.inra.fr/Projects/URGI-sofware/Siregal>), système d'information pour les ressources génétiques gérées par l'INRA pour

différentes espèces végétales, accessible sur le portail GnpIS (<http://urgi.versailles.inra.fr/siregal>).

Le travail consiste à développer une interface Web permettant aux utilisateurs d'insérer de nouvelles données dans la base de données et de les mettre à jour.

Pour cela, la personne recrutée aura à effectuer le recueil des besoins auprès des utilisateurs répartis sur 12 sites INRA en France, la réalisation d'une maquette en interaction avec les utilisateurs, la participation à la planification des développements, l'évolution de la base de données Oracle, l'évolution de l'interface web Java/J2EE-GWT et la formation des utilisateurs à ce nouvel outil.

Des déplacements en province sont à prévoir.

Compétences : environnement UNIX/LINUX. expérience en base de données (PostgreSQL, ou Mysql, ou Oracle), modélisation (UML)

langages : JAVA J2EE

connaissances d'Hibernate et de GWT seraient un plus

bonnes capacités relationnelles, goût pour le travail en équipe, la programmation en binôme
maîtrise de l'anglais technique du domaine.

connaissances des méthodologies Agile serait appréciée.

Formation : Master2 (bioinformatique, informatique) ou Ecole d'ingénieur.

Durée: 12 mois

=====

Réf : 20012-URGI-BD_TransPlant_2

CV+ Lettre à envoyer à: delphine.steinbach@versailles.inra.fr ET aminah-olivia.keliet@versailles.inra.fr

La personne recrutée contribuera au projet européen de bioinformatique TransPlant (projet coordonné par l'EBI), <http://urgi.versailles.inra.fr/Projects/TransPLANT>, de 4 ans, démarré en 2011.

La personne sera chargée de contribuer à la mise en place de services et d'environnements distribués pour accéder depuis l'extérieur aux données plantes de notre système d'information GnpIS. Ces services seront basés sur 3 types d'accès : des datamarts, des serveurs DAS et des fichiers d'indexation destinés à des moteurs du genre LUCENE. L'objectif est d'avoir dans Transplant et sur le site de l'EBI, un unique point d'entrée indexé des services dédiés aux Plantes à partir duquel, des liens permettront de basculer sur les sites et les ressources des autres partenaires de TranPlant afin d'accéder donc aux détails sur les données maintenues par ces sites et ceci de manière transparente pour les utilisateurs.

En particulier à l'URGI, la personne interviendra dans la tâche de mise en place et de mises à jour de datamarts sur des données d'annotations de plusieurs génomes de plante et de données de

variations sur les génomes (SNPs, CNVs..), données déjà centralisées dans le système GnpIS de l'URGI, issues de pipelines d'analyse existants dans à l'URGI ou en cours de développement dans d'autres workpackages du projet TransPlant (pipeline assemblage de novo, détection de variants structuraux...).

La personne aura aussi à mettre en place des DAS serveurs permettant de distribuer aux partenaires TransPlant et à la communauté internationale les données génomiques d'annotation de nos bases GnpIS génomes (vigne, blé, maïs, ...)

La personne aura aussi à générer des fichiers d'indexation extraits de GnpIS, fichiers sur la thématique génome, génotypage, phénotypage... Une première version de ce travail a été faite qu'il reste à compléter et automatiser.

La personne pourra aussi contribuer à la mise en place d'un format standard international sur les données de Phénotypage en relation avec le projet EPHESES et d'un autre workpackage dédié au phénotypage dans TransPlant.

Compétences : environnement UNIX/LINUX. expérience en base de données (PostgreSQL ou MySQL ou Oracle), modélisation UML ou MERISE

langages : SQL et au moins un langage parmi ceux ci : Perl et/ou Python, Java, C

Connaissances et pratique de Biomart serait un plus

Connaissances et pratique des DAS server serait un plus

bonnes capacités relationnelles, gout pour le travail en équipe

maîtrise de l'anglais technique du domaine.

Un niveau correct d'anglais oral serait un plus pour faciliter les échanges avec les collaborateurs étrangers (réunions majoritaires téléphoniques ou visio et aussi écrit pour faciliter les échanges sur le site Wiki du projet).

Formation : Master2 (bioinformatique, informatique) ou Ecole d'ingénieur.

Durée : 18 mois (contrat 12 mois renouvelable)

=====

Réf : 20012-URGI-BD_Breedwheat_2

CV+ Lettre à envoyer à: michael.alaux@versailles.inra.fr ET delphine.steinbach@versailles.inra.fr

La personne recrutée travaillera dans le cadre du projet d'investissement d'avenir Breedwheat (<http://urgi.versailles.inra.fr/Projects/BreedWheat>), projet sur 8 ans démarré en 2011.

L'objectif de BreedWheat (http://www.clermont.inra.fr/toute_l_actu/breedwheat) est le développement de nouvelles variétés de blé pour une agriculture durable par une approche intégrée de la génomique à la sélection. Les données qui seront produites dans ce projet (génotypage, phénotypage, génétique d'association...), vont être intégrées dans le système d'information de

l'URGI et mises à disposition des utilisateurs via un portail web dédié au blé. Ces nouvelles données blé rejoindront les autres données blé présentes dans le système d'information GnpIS, données centralisées depuis 10 ans dans l'unité et servant d'entrepôt de référence pour la communauté blé internationale.

La personne recrutée sera impliquée dans l'intégration des données dans les bases de données GnpIS ainsi que dans le développement de web services et d'interfaces web.

La personne aura à interagir avec les bioinformaticiens des autres partenaires bioinformatiques du projet, les bioinformaticiens de l'unité INRA GDEC à Clermont (équipe coordinatrice du projet Breedwheat) et des bioinformaticiens de la société BIOGEMMA à Clermont Ferrand.

Elle interagira aussi avec les autres bioinformaticiens de l'URGI chargé de développer des outils transversaux applicables pour le blé, comme les bioinformaticiens du projet GnpAsso, du projet GnpSNP, du projet EPHESES et participera à des groupes de travail transversaux GnpIS en interne sur le génotypage ou le phénotypage.

Compétences : environnement UNIX/LINUX. expérience en base de données (PostgreSQL ou MySQL, ou Oracle), modélisation (UML)

Maîtrise d'un langage : SQL et au moins un langage parmi ceux ci : Perl et/ou Python, Java, C. La pratique de JAVA et JAVA J2EE serait un plus.

bonnes capacités relationnelles, gout pour le travail en équipe, la programmation en binôme maîtrise de l'anglais technique du domaine.

connaissances des méthodologies Agile serait appréciée.

Formation : Master2 (bioinformatique, informatique) ou Ecole d'ingénieur

Durée : 12 mois renouvelable de 12 mois en 12 mois jusqu'à 48 mois maximum

=====