

PROFIL

MCF 65 – UFR SMBH - IAME

Profil court :

Section 65 Biologie Cellulaire

Bio-informatique, génétique des populations

General profile :

Post profile:

Bioinformatics, population genetics

Teaching fields:

The candidate will need to have strong bioinformatics skills and integrate into bioinformatics, computer and algorithmic development lessons. She/he will have to have an expertise in programming with one or more languages (R, C, Java, python, perl, web programming (HTML, Seng, Java script...)). Experience with next-generation sequencing data, microbial genomics or population genetics are not necessary but will be appreciated.

Other tasks :

Student tutoring, recruitment, departmental activities ...

Research fields :

The candidate will initially need to develop and consolidate high-throughput sequence analysis tools to automate bacterial genomic analysis. She/he will then have the task of analyzing the data with simple descriptive tools coming from population genetics, phylogeny or molecular epidemiology. Both fundamental research perspectives and more medically driven ones with the development of sequencing as a diagnostic tool, will be encouraged. The candidate will be in charge of technological survey to update genome analysis with the state of the art at both technology level and analysis level.

Profil : Section 65 Biologie Cellulaire

Bio-informatique, génétique des populations

Objectifs pédagogiques et besoin d'encadrement :

Dans le cadre de la loi "Orientation et Réussite des Étudiants (ORE)" des moyens financiers ont été obtenus notamment dans le cadre de l'ouverture de dispositifs « oui-si ». Ces dispositifs permettent un accueil différencié des étudiants qui ont accepté ce contrat grâce à la mise en place de groupes à effectifs réduits. Les enseignements seront effectués en licence et prioritairement en première année de licence.

Département ou filière d'enseignement : filière « Sciences de la Vie » ; l'enseignement sera effectué en licence et prioritairement en première année de licence dans le cadre du dispositif « oui-si ».

Le/la MCF devra avoir de fortes compétences en bio-informatique et s'intégrer dans des enseignements de développement bio-informatique, maîtriser un ou plusieurs langages de programmation (R, C, Java, python), la programmation web (HTML, CS5, Java script) et les bases de données. Il devra aussi avoir des compétences dans le domaine de la génétique des populations.

Lieu(x) d'exercice : Université Paris 13, UFR SMBH, 74 rue Marcel-Cachin, 93000 Bobigny

Contact : Directeurs filière : Olivier Oudar

Téléphone : 01 48 38 77 21

Email directeur département : olivier.oudar@univ-paris13.fr

Activités de Recherche :

La recherche s'effectuera dans le groupe Paris 13 de l'unité IAME, dirigée par Etienne Carbonnelle (PU-PH, Université Paris 13, UFR SMBH), dont la spécialité principale est la microbiologie. Cette recherche aura également en soutien la possibilité d'interagir avec l'expertise en bio statistiques des équipes QEM d'Olivier Tenaillon et BIPID de France Mentré au sein de l'unité IAME. Le projet repose sur l'analyse de génomes et de métagénomes de l'espèce *Escherichia coli*, en particulier dans le cadre des infections urinaires récidivantes, de l'espèce *Mycobacterium tuberculosis*, agent de la tuberculose maladie à très forte incidence dans notre département et de l'étude du microbiote intestinal en particulier dans le cadre de l'émergence de la résistance aux antibiotiques. Ces thématiques sont des problèmes majeurs de santé publique.

Le groupe Paris 13 de l'UMR 1137 IAME développe des approches permettant une représentation globale de la régulation de l'expression des gènes, du génome au protéome, en développant en particulier une approche originale d'étude du traductome. En effet, en collaboration avec l'ESPCI, nous nous intéressons aux infections urinaires récidivantes et en particulier au rôle des bactéries en dormance dans ce contexte clinique. Par millifluidique, des candidats bactériens ont été isolés et il s'avère que l'analyse de leur génome n'est pas en faveur de la présence de mutations ou de recombinaisons, ce qui nous laisse penser que cette patho-adaptation serait le fait de régulation post traductionnelle. Le/la nouveau-elle MCF s'attachera à développer de nouveaux outils permettant l'acquisition de connaissances biologiques à partir d'un spectre d'approches « omiques ». D'excellentes connaissances théoriques et appliquées sont requises dans les domaines de l'analyse de données et de la bio-informatique. Un bon niveau en biologie moléculaire est également nécessaire.

Concernant la tuberculose, le laboratoire hospitalier du site Avicenne (laboratoire NSB3 ou L3) isole entre 150 et 200 nouvelles souches de *M. tuberculosis* par an. L'incidence dans notre département est parmi les plus élevées de France. Notre objectif est de séquencer toutes les souches isolées afin de mieux comprendre sur le plan microbiologique l'épidémiologie de ces souches, d'identifier leurs facteurs de virulence, de résistance aux anti-tuberculeux. Par ailleurs, un suivi longitudinal au long court dans le cadre du suivi de cohorte, nous permet d'établir des liens avec la clinique et l'évolution de la maladie sous traitement. L'apport du séquençage permettra d'établir le cas échéant, s'il s'agit d'une rechute ou d'une réinfection, d'établir les mutations apparues en cas de rechute et d'étudier le caractère évolutif de ces souches sur plusieurs prélèvements sur différentes périodes. Le but étant de mieux comprendre l'histoire naturelle de la maladie.

Dans le cadre de l'étude du microbiote, les buts du projet seront d'identifier les facteurs écologiques favorisant l'émergence des souches virulentes et résistantes aux antibiotiques au niveau du portage commensal. Pour cela, les données génomiques relatives à *E. coli* (prévalence des clones, présence absence des gènes, polymorphisme génétiques) seront confrontées à des données sur les hôtes incluant la composition de leur microbiote, leur régime alimentaire ou bien encore leur génome.

Le/la candidat(e) devra initialement développer et consolider des outils d'analyses de séquences haut débit pour automatiser l'analyse génomique bactérienne. Il/elle aura ensuite pour tâche de valoriser en termes de génétique des populations et d'épidémiologie moléculaire les données qui peuvent être produites en grande quantité au laboratoire dans un contexte fondamental mais aussi dans une perspective plus médicale avec le développement du séquençage comme outil diagnostique. Le/la candidat(e) devra donc à la fois avoir des compétences techniques pour permettre de mettre à jour l'analyse des génomes avec le développement des technologies et des compétences théoriques en statistiques et en évolution pour donner du sens aux données de génomiques produites dans l'unité. Des compétences en programmation seront nécessaires et une expérience pratique dans l'utilisation de séquenceur à haut débit (Illumina, Ion Torrent, Nanopore) appréciée.

Cette caractérisation du poste sera amenée à évoluer en fonction des besoins de la recherche et les évolutions des organisations locales, avec une évolution souhaitée vers une structuration organisationnelle à plus grande échelle dans le cadre de la formation d'une plateforme au sein de l'UFR SMBH de gestion de « big data ».

Laboratoire.s concerné.s :

UMR INSERM 1137 IAME

Directeur : Pr Erick Denamur

Groupe Paris 13, dirigé par le Pr Etienne Carbonnelle

UFR-SMBH, 74, rue Marcel Cachin, 93000 Bobigny

Téléphone : 06-09-76-17-57

etienne.carbonnelle@inserm.fr

UMR INSERM U978 ASIH

Directrice : Dr Nadine Varin-Blank

UFR-SMBH,

74, rue Marcel Cachin.

93000 Bobigny