

**Recrutement d'un bioinformaticien H/F**  
**CDD 12 mois à temps plein**  
**POSTE A POURVOIR AU 01/04/2025**

L'Institut Bergonié est le Centre de Lutte Contre le Cancer de Nouvelle Aquitaine, il assure une triple mission : le soin, l'enseignement et la recherche en cancérologie.

Il est doté d'une Direction Données et santé numérique (DDSN) en charge de l'innovation organisationnelle et technologique, du développement de dispositifs de santé numérique dans le cadre du soin, du traitement et études de données de vie réelle, du traitement bio-informatique des données haut débit. Au sein de cette Direction une dizaine de personnes, principalement des ingénieurs possédant une double compétence en santé et en informatique constituent l'Unité Bio- informatique, à laquelle vous serez rattaché(e).

L'Institut Bergonié est également doté d'un département de Biopathologie dont fait partie l'unité de Pathologie Moléculaire. Cette unité utilise des technologies de screening moléculaire de pointe dans le but d'identifier des altérations génétiques spécifiques contribuant au diagnostic, au pronostic ou à l'identification de cibles thérapeutiques pour l'oncologie de précision. Grâce à son expertise et à son accès à des technologies innovantes, cette unité participe activement aux activités de recherche clinique. La plupart des secteurs d'activité de l'unité ont été accrédités par le COFRAC (Comité Français d'Accréditation) selon la norme ISO15189, garantissant la qualité des résultats produits.

Les unités de Pathologie Moléculaire et de Bioinformatique travaillent en lien étroit pour le développement des pipelines bio-informatiques d'analyse moléculaire des tumeurs, l'intégration et l'analyse des données pour les études précliniques et cliniques biomoléculaires et translationnelles, ainsi que le développement d'outils d'aide à l'interprétation et la validation du NGS.

**Missions principales :**

Vous travaillerez dans le cadre du projet LearnCHIP sur la mise au point d'un modèle prédictif de l'origine CHIP ou tumorale des variants détectés sur biopsie liquide, en collaboration avec l'Unité de Pathologie Moléculaire (unité coordinatrice du projet), le Centre de Ressources Biologiques, l'Unité de Recherche clinique en Biopathologie, le Département de Recherche Clinique et d'Innovation (DRCI) et le prestataire externe de séquençage choisi, sur les missions suivantes :

Développer et mettre en production dans les temps impartis les outils bio-informatiques nécessaires :

- au lancement du projet sur la requête de la cohorte de patients cibles.
- à l'export, la structuration, l'analyse et l'annotation des données destinées à alimenter la base d'entraînement et de validation du modèle prédictif.
- à la centralisation des données obtenues dans un eCRF structuré.
- à la traçabilité des actions techniques de chaque équipe impliquée dans le projet.

**Activités générales :**

- Développer un outil de sélection des patients éligibles sur la base de critères d'inclusion prédéfinis et permettant de tracer les actions techniques et analytiques effectuées sur leurs prélèvements.
- Développer un outil croisant pour chaque patient inclus les données moléculaires issues de leurs prélèvements tumoraux, plasmatiques et leucocytaires pour permettre aux biologistes de l'unité de pathologie moléculaire d'annoter l'origine des variants plasmatiques.
- Développer un outil d'analyse in silico des caractéristiques fragmentomiques associées aux variants plasmatiques d'intérêt.

- Centraliser l'ensemble des données cliniques et moléculaires obtenues dans un eCRF structuré au moyen d'un outil d'import automatique, en vue de leur traitement ultérieur par un data-scientist (étape de machine learning).

### **Activités spécifiques :**

- Se former à l'utilisation des systèmes informatiques et solutions logicielles utilisés par les équipes impliquées de l'institut Bergonié (ArianeDx, Hexalis, Redcap, GenVarXplorer,...).
- Participer au suivi du projet.
- Tenir compte des nouvelles données de la littérature pour la conception et le développement des outils précités.
- Travailler en équipe avec les autres bio-informaticiens de l'unité pour la bonne articulation des différents projets.
- Interagir avec l'unité de Pathologie Moléculaire et les autres équipes impliquées en adéquation avec les besoins des projets.

### **Profil attendu :**

- Ingénieur (bio-)informatique (biologie/santé), Master bio-informatique, ou équivalent.
- Appétence pour les données.
- Expérience dans la compréhension, l'analyse et la manipulation des données génomiques.
- Connaissance en cancérologie sera appréciée favorablement.

### **Compétences requises :**

- Travail sous environnement linux.
- Maîtrise du langage Python.
- Développement application web (Python FastAPI).
- Gestion de version Git.
- Connaissance des SGBD.
- Autonomie et capacité d'apprentissage rapide.

### **Votre cadre de travail**

Vous travaillez du lundi au vendredi, 39h par semaine ce qui vous permet de cumuler à **vos 25 congés payés légaux : 22 jours de RTT par an.**

En intégrant l'Institut Bergonié vous bénéficiez de la grille de rémunération et des avantages de la convention collective des CLCC.

- À l'embauche à partir de **39K€ brut annuel, statut cadre, télétravail possible.**

Situé au cœur de Bordeaux vous accédez facilement à l'Institut par les transports en commun. Grâce à la restauration collective assurée sur place vous pouvez déjeuner à un tarif préférentiel. Le Comité Social et Economique de l'Institut vous propose de nombreuses prestations (places de cinéma, chèques cadeaux, chèques vacances...)

Expression des candidatures (CV et lettre de motivation) à [bergonie.recrutement@bordeaux.unicancer.fr](mailto:bergonie.recrutement@bordeaux.unicancer.fr)

*L'Institut Bergonié s'engage en faveur de la diversité culturelle, l'égalité hommes-femmes et l'emploi des travailleurs handicapés.*

