



Offres d'alternance à l'Ifremer

1 Informations communes aux deux offres

L'Institut :

L'Institut français de recherche pour l'exploitation de la mer (www.ifremer.fr), l'Ifremer contribue, par ses travaux et expertises, à la connaissance des océans et de leurs ressources, à la surveillance du milieu marin et littoral et au développement durable des activités maritimes. L'Ifremer est source de connaissances, d'innovation, de données de surveillance et d'expertise pour le monde de la mer, à la fois en matière de politique publique et d'activité socio-économique. Il est la seule structure de ce type en Europe.

Fondé en 1984, l'Ifremer est un établissement public à caractère industriel et commercial (EPIC), placé sous la tutelle conjointe du ministère de l'Enseignement supérieur, de la Recherche et de l'Innovation, et du ministère de la Transition écologique et solidaire.

Profils recherchés :

Bac + 4 ou 5, Master 1 ou 2 Informatique ou Bio-informatique, École d'ingénieur en informatique

Compétences mises en œuvre ou à acquérir :

- Compétences techniques / métiers

Maîtrise de l'environnement Unix

Maîtrise de la création et de la gestion de base de données

Bonnes notions en développement web

Goût prononcé pour la programmation informatique

Expérience en traitement de données NGS et/ou intérêt pour les analyses évolutives et épidémiologiques seraient un plus pour l'offre 2.

- Qualités personnelles

Être capable d'évoluer dans un environnement transdisciplinaire

Esprit d'équipe

Autonomie

Curiosité

Esprit de synthèse

Durée du contrat :

1 ou 2 ans en fonction de la formation en cours de l'alternant.e

2 Offre 1 - Optimisation d'un pipeline scientifique sur le supercalculateur de l'IFREMER

Contexte

Le métabarcoding sur l'ADN environnemental (eDNA) est devenu une méthode puissante pour évaluer la diversité et la dynamique des communautés microbiennes au sein de différents échantillons environnementaux. Cette approche implique des étapes de bioinformatiques et biostatistiques poussées avant de pouvoir interpréter les données issues du séquençage. Elle peut être compliquée à mettre en oeuvre pour les chercheurs au bagage purement biologique et requière donc une implémentation automatisée, standardisée et facile d'utilisation.

Dans ce contexte, le Service de Bioinformatique de l'Ifremer (SeBiMER) a développé SAMBA (Standardized and Automated MetaBarcoding Analyses) à l'aide du gestionnaire de workflow NextFlow. SAMBA repose sur l'utilisation de la ligne de commande pour automatiser l'analyse des données de n'importe quel projet de métabarcoding en produisant des résultats robustes, reproductibles et standardisés. Les processus implémentés dans SAMBA sont principalement basés sur QIIME 2, DADA 2 et R. Tous les résultats sont présentés dans un rapport html pour en faciliter l'interprétation.

Objectifs

L'objectif premier de cette alternance est de permettre l'utilisation de SAMBA dans la plateforme web d'analyse de données GALAXY. Pour cela, l'alternant aura pour mission d'intégrer les différents modules de SAMBA dans GALAXY en respectant les standards de partage et de diffusion de la communauté. La construction du workflow se fera en utilisant les outils mis à disposition au sein de l'interface de GALAXY. Le portage de SAMBA dans GALAXY augmentera sa diffusion à la communauté en permettant son utilisation par des scientifiques non-familiers de la ligne de commande.

Le second objectif de cette alternance sera de mettre à niveau SAMBA au standard Nextflow DSL2. Cette montée de version permettra une plus grande flexibilité et modularité du pipeline automatisé et facilitera l'intégration de nouvelles fonctionnalités.

Un troisième objectif sera l'ajout de nouvelles étapes d'analyses au pipeline SAMBA et une amélioration du rendu du rapport pour en faciliter le maintien et la modularité.

Le sujet est orienté sur le déploiement du pipeline d'analyse de données de métabarcoding automatisé par SAMBA dans GALAXY puis sur l'optimisation du code nextflow.

UMR/Unités et personnel impliqués dans ce projet (en interne)

Ce projet sera supervisé par le SeBiMER en lien avec l'équipe Ressources Informatiques et Communications en charge de l'administration du supercalculateur DATARMOR.

Lieu du stage

Le stagiaire H/F sera accueilli dans les locaux du SeBiMER, sur le site Ifremer de Plouzané (Finistère).

Candidatures à adresser à Cyril Noël (cnoel@ifremer.fr) et Laura Leroi (lloeroi@ifremer.fr)

3 Offre 2 - Développement d'un outil de partage, de visualisation et d'analyse de séquences d'agents pathogènes de mollusques marins

Contexte

L'unité ASIM est adossée au Laboratoire National de Référence (LNR) et au Laboratoire de Référence de l'Union Européenne (LRUE) pour les maladies des mollusques marins. Ces deux laboratoires de référence ont pour objectifs i) d'assurer un niveau élevé de qualité et l'uniformité des résultats analytiques au sein des laboratoires agréés et reconnus et des LNRs européens, ii) d'apporter un soutien scientifique et technique à l'autorité compétente ou aux réseaux de laboratoires, iii) de contribuer à l'étude de la santé des cheptels de mollusques bivalves marins par le développement, la validation et le transfert de nouvelles méthodes diagnostiques. Ces objectifs ne peuvent être pleinement atteints que si le partage de connaissance, d'expertise et de données, s'effectue rapidement et efficacement vers les laboratoires agréés et reconnus en France et les LNR Européen ainsi que vers la communauté de recherche. Les méthodes de surveillance et de diagnostic des maladies des mollusques marins sont en pleine évolution, s'orientant de plus en plus vers les nouvelles technologies de séquençage générant, en conséquence, un nouveau besoin de mettre en place des outils collaboratifs de partage de séquences génétiques et/ou génomiques et des métadonnées qui leur sont associées.

Objectifs

Le poste à pourvoir a pour objectif de mettre en place un outil de partage, de visualisation et d'analyse de séquences génomiques permettant de i) valoriser au mieux les données génomiques disponibles au sein de l'unité et souvent sous exploitées et ii) faciliter les échanges inter-laboratoires iii) augmenter la visibilité d'ASIM. Différentes tâches seront à réaliser :

1. S'approprier les codes déjà disponibles développés par un précédent étudiant et qui ont permis de développer une base de données de séquences et une plateforme web de consultation et téléchargement des données de la base
2. Mettre en place un portail utilisateur offrant des fonctionnalités évolutives d'analyses de séquences (phylogénie, d'étude de variation nucléotidiques et structurales des séquences...)
3. Documenter et organiser plusieurs tests avec des publics variés pour s'assurer que l'expérience utilisateur est bonne et adaptée aux besoins.

UMR/Unités et personnel impliqués dans ce projet (en interne)

Ce projet sera supervisé par l'unité ASIM en lien avec le SeBIMER pendant toute la durée du contrat. Des interactions avec l'équipe Ressources Informatiques et Communications sont également à prévoir.

Lieu du stage :

L'alternant.e sera accueillie dans les locaux de l'unité ASIM, sur la station Ifremer de La Tremblade (Charente-Maritime).

Candidatures :

A soumettre via le portail de candidatures Ifremer (<https://ifremer.jobs.net/fr-FR/job/alternant-ingenieur-bioinformatique-h-f/J3V82F6M9N038DQJF7S>) ou à adresser à Maude Jacquot (maude.jacquot@ifremer.fr) et Germain Chevignon (germain.chevignon@ifremer.fr).