

Contact Université de Rouen

Hélène Dauchel
Resp. du Master de BioInforMatique
UFR des Sciences et des Techniques
Université de Rouen
F 76821 Mont Saint Aignan CEDEX
fax: 02.35.14.71.40 – tel: 02.35.14.63.89
e-mail : master.bioinfo@univ-rouen.fr



<http://www.univ-rouen.fr/ABISS/MasterBioinfo>

Offres de contrats d'apprentissage 2009-2011

Il s'agit d'offres de contrats de travail rémunérés pour les deux années en alternance du M2 - de septembre 2009 à juillet 2011 - proposés par différentes structures bioinformatiques en partenariat avec le master de Bioinformatique de l'université de Rouen pour un(e) étudiant(e) désireux(e) de devenir bioinformaticien(ne) par la voie de l'alternance et de l'apprentissage. La formation de Rouen est de type « professionnelle et recherche », elle permet de postuler immédiatement sur des postes d'ingénieurs bioinformaticiens comme de poursuivre en thèse.

★ Contrat d'apprentissage INRA Génopôle, Evry



Génomique et transcriptomique végétale : exploitation globale des données transcriptomiques pour améliorer l'annotation fonctionnelle des gènes chez *Arabidopsis thaliana*.

►► Contexte Scientifique et encadrement:

L'URGV (Unité de Recherche en Génomique Végétale) est une unité mixte INRA – CNRS - Université d'Evry Val d'Essonne, créée en 1999 au sein du Génopôle d'Evry pour assurer le développement des thématiques de génomique végétale et fournir une plateforme technologique de pointe à la communauté scientifique végétaliste française. L'équipe bioinformatique, où sera intégré le futur apprenti, est déjà plusieurs fois partenaire du master. Elle offre des conditions d'apprentissage idéales avec un encadrement assuré par une équipe de trois maîtres d'apprentissage : S.Aubourg CR1 INRA (bioinformaticien), ML. Martin-Magniette CR1 INRA (biostatisticienne) et V. Brunaud IR2 INRA (bioinformaticienne).

►► Objectifs du travail:

Le projet proposé est basé sur l'exploitation globale des données transcriptomiques pour améliorer l'annotation fonctionnelle des gènes chez *A. thaliana*, chez qui 30% des gènes sont considérés comme orphelins de fonction. Des méthodes statistiques, déjà mises au point dans l'équipe, permettent de regrouper les gènes en fonction de leur profil d'expression. Le fait que des gènes partageant le même profil d'expression participent à une même fonction physiologique, nous permettra ainsi de faire de l'inférence de fonction sur les gènes orphelins. Nous travaillerons sur le modèle biologique de la réponse des plantes aux stress biotiques qui est une problématique phare de l'INRA au sein du réseau des phytopathologistes. L'apprenti aura en charge la gestion de ces groupes de gènes, de rassembler leurs caractéristiques et d'analyser leur séquence par différentes méthodes. Ce travail demandera des développements en langage Perl, avec intégration de routines statistiques et des accès SQL aux 2 bases de données structurales et fonctionnelles d'*A. thaliana* (FLAGdb++ et CATdb).

►► Outils et méthodes informatiques statistiques à mettre en œuvre :

Le domaine d'application de la génomique au transcriptome et à la fonction des gènes, permettra à l'apprenti d'arriver sur le marché du travail avec un bagage très demandé dans son futur milieu professionnel : gestion de données (conception et développement de base de données, programmation SQL), analyses statistiques (langage R), développements d'applications (Perl), bioanalyse structurale et fonctionnelles des gènes (analyse de séquences géniques, méthodes phylogénétiques, ontologies, analyse de promoteurs...).

Contacts :

Véronique Brunaud, Ingénieure INRA
URGV - UM INRA CNRS UEVE tél : (33) 01 60 87 45 14
2 rue Gaston Crémieux - CP 5708 email : brunaud@evry.inra.fr
91057 EVRY CEDEX - FRANCE <http://urgv.evry.inra.fr>

★ Contrat d'apprentissage CNRS

Ouest Génopole, Angers

Evolution structurale et fonctionnelle de protéines membranaires

Contexte Scientifique et encadrement:

Le Laboratoire de Biologie Neuro-Vasculaire Intégrée de l'Université d'Angers (unité mixte CNRS – INSERM), déjà plusieurs fois partenaire du master, offre des conditions d'apprentissage idéales avec un encadrement assuré par le Dr M. Chabbert, bioinformaticienne spécialiste de biologie structurale.

Les hélices- α forment les éléments de structure secondaire les plus fréquents des protéines. Elles présentent souvent des irrégularités (courbure ou cassure) qui jouent un rôle majeur dans la structure et/ou la fonction des protéines. Nous avons précédemment mis en évidence, pour les protéines solubles, l'existence de motifs de cassures spécifiques (Deville et al., 2008, Proteins). Deux de ces motifs correspondent à des renflements ou à des resserrements souvent impliqués au niveau fonctionnel.

Objectifs du travail:

Le but de la mission est d'analyser les déformations structurales d'hélices transmembranaires et l'évolution de ces déformations dans les familles de protéines correspondantes. Il s'agira de sélectionner quelques familles d'intérêt dont des hélices possèdent des renflements ou des resserrements et d'analyser l'évolution des séquences dans différents génomes entièrement séquencés à la recherche d'insertions/délétions (indel) responsables de la distorsion. La modélisation moléculaire permettra de relier séquence et fonction et de comprendre l'évolution fonctionnelle liée à l'InDel.

Outils et méthodes informatiques statistiques à mettre en œuvre :

Linux, Perl

Outils d'analyse de séquences et d'analyse phylogénétique

Graphisme et modélisation moléculaires

Contact :

Dr Marie CHABBERT, DR CNRS

Tel : 33 2 41 73 58 73

E-mail : marie.chabbert@univ-angers.fr

Laboratoire de Biologie Neuro-Vasculaire Intégrée

UMR CNRS 6214 – INSERM U771

UFR Sciences médicales d'Angers

3 rue Haute de Reculée

49045 ANGERS

Tel : 33 2 41 73 53 45

★ Contrat d'apprentissage INRA

Ouest Génopole, Rennes



Génomique Végétale : Système d'Information sur les espèces Brassica. Analyse des régions génétiques déterminant des caractères quantitatifs (QTLs) par une approche gènes candidats grâce à la conception et à la mise en place d'un Workflow de bioanalyse semi-automatique.

Contexte Scientifique et encadrement:

L'UMR APBV assure des recherches dans les domaines d'activités scientifiques suivants : Structuration de la diversité génétique, organisation des génomes et des complexes d'espèces ; Résistance aux bio-agresseurs ; Elaboration du rendement en huile chez le colza sous contraintes azotée et hydrique ; Matériel végétal innovant.

L'élaboration de cartes génétiques sur le complexe d'espèces *Brassica* (colza, chou, moutarde, radis ...) repose sur le développement de différents types de marqueurs polymorphes (RFLP, RAPD, AFLP, microsatellites) et de QTLs. Les données d'ESTs et de SNPs du modèle *Arabidopsis thaliana* sont en cours d'exploitation selon des approches de génomique comparative et d'alignements de cartes génétiques (comparaison de séquences, recherche de synténie). La cartographie fine des gènes d'intérêt va permettre d'établir la cartographie physique sur des BACs de *Brassica rapa*.

L'équipe de bioinformatique qui assure la gestion de toutes les données nécessaires aux cartographies est plusieurs fois partenaire du master. Elle offre des conditions d'apprentissage idéales avec un encadrement assuré par Gille Lassalle, ingénieur bioinformaticien spécialiste des systèmes d'informations pour la génomique.

Objectifs du travail:

La mission professionnelle confiée à l'apprenti(e) consistera à appréhender les différents outils et développement inclus dans le SI *Brassica* puis à mettre en place un outil d'intégration systématique des données de génomique issues du laboratoire de biologie moléculaire. Dans un deuxième temps, il/elle aura à développer des workflows de bio-analyse, complètement intégrés au SI, en permettant d'optimiser les analyses gènes candidats et de développer des outils de prédiction et d'aide à la décision dans le choix des marqueurs.

Outils et méthodes informatiques statistiques à mettre en œuvre :

Le domaine d'application des systèmes d'informations dédiés à la génomique est très porteur en bioinformatique. La mission proposée permettra à l'apprenti(e) de développer une expertise très demandée en base de données, programmation objet ainsi que dans l'analyse et la conduite de projet. **Plateforme de travail :** Linux debian, windows **Principaux langages et méthodes :** Merise, UML, PHP, Java, DHTML, AJAX, design pattern MVC et autres ...

Contact :

Gilles Lassalle, Ingénieur INRA, Responsable Informatique et Bio-Informatique

UMR -118 Amélioration des Plantes et de Biotechnologies Végétales

INRA / Agrocampus-Ouest / Université de Rennes 1

Domaine de la Motte 35653 le Rheu Cedex

Tel : 02 23 48 57 01

E-mail : gilles.lassalle@rennes.inra.fr

