

Technicien de recherche

Affectation du poste : UFR Santé – Laboratoire DYNAMICURE UMR 1311

ENVIRONNEMENT ET CONTEXTE DE TRAVAIL

Le laboratoire DYNAMICURE UMR 1311 du campus de Martainville dépend de l'UFR Santé. Le laboratoire est dirigé par le Pr JC Plantier, et est actuellement composé de 11 enseignants-chercheurs titulaires (dont 10 hospitalo-universitaires), 2 personnels BIATSS (technicien et ingénieur), 2 assistants (AHU/ATER), et 10 étudiants (M2R, doctorat). L'effectif est complété par des praticiens hospitaliers (n=5) et personnels hospitaliers impliqués partiellement dans la recherche (n=4).

NATURE DU POSTE

Corps : TCH
Catégorie B
BAP A
Emploi-type : technicien biologiste A4A41
Concours externe

DESCRIPTION DU POSTE

MISSION PRINCIPALE

La mission principale de ce poste est de mettre en place des protocoles d'analyses de génomique microbienne, permettant la caractérisation des génomes microbiens et de leur environnement (microbiomes), en utilisant la technologie de séquençage génomique haut-débit NGS/UDS disponible désormais dans l'équipe. Il s'agira de :

- Rédiger et actualiser les protocoles techniques
- Etre référent pour l'utilisation des appareillages et en assurer la maintenance de premier niveau
- Gérer les stocks et les commandes
- Préparer l'appareillage et effectuer les contrôles et réglages systématiques
- Conduire les expériences
- Etre en soutien technique pour les étudiants et stagiaires
- Participer aux différents travaux de l'unité liés à la génomique microbienne
- Rassembler et mettre en forme les résultats des expériences
- Tenir un cahier de laboratoire
- Appliquer les réglementations du domaine d'étude
- Planifier l'utilisation d'appareils spécifiques et celle des salles d'expériences

ACTIVITES ASSOCIEES

Mission 1 : techniques et protocoles de séquençage haut-débit de pathogènes

- Mettre en place les techniques de séquençage des génomes de bactéries et virus, en lien avec l'ingénieur et le MCF en génomique microbienne,
- Mettre en place des techniques de séquençage des microbiomes respiratoires et urinaires, en lien avec l'ingénieur et le MCF en génomique microbienne,
- Réaliser les analyses de séquençage des projets de recherche, sous la direction du MCF,
- Participer au développement de nouvelles techniques/nouveaux protocoles en lien avec l'ingénieur et le MCF,
- Suivre l'évolution des techniques et matériels d'extraction/préparation des échantillons, de séquençage haut-débit et d'amplification génique.
- Suivre les analyses bio-informatiques développées par l'ingénieur de l'équipe,

Mission 2 : formation des étudiants aux analyses de la génomique microbienne

- Former aux protocoles NGS spécifiques de la caractérisation génomique microbienne et des microbiomes,
- Former aux outils bio-informatiques, disponibles ou développés par l'équipe, d'analyse des données issues du séquençage haut-débit.

SPECIFICITES DU POSTE

CONTRAINTES PARTICULIERES D'EXERCICE

Les contraintes d'exercice sont identiques à celles des autres personnels du laboratoire. Les collaborations avec la plateforme NGS de l'équipe INSERM UMR 1245 conduiront à échanger régulièrement et à s'organiser, pour certaines expérimentations, avec la plateforme.

L'équipe étant bi-site Caen-Rouen, le technicien sera amené à se déplacer pour sa formation ou pour des projets sur le site caennais de l'Unité.

COMPETENCES A METTRE EN ŒUVRE POUR TENIR LE POSTE

COMPETENCES PRINCIPALES

Savoir / connaissances

- Connaissances en microbiologie générale (bactériologie et virologie)
- Connaissances des grands principes de génétique moléculaire
- Connaissances en génomique des agents microbiens
- Connaissances des différentes approches de séquençage haut-débit
- Connaissances de base en bio-informatique dédiée au génome microbien
- Calcul mathématique
- Langue anglaise : A2 à B1 (cadre européen commun de référence pour les langues)
- Réglementation en matière d'hygiène et de sécurité

Savoir-faire / compétences opérationnelles

- Maîtriser les techniques d'extraction des génomes microbiens, à partir de différents types d'échantillons (liquides, solides, cellulaires...)
- Maîtriser l'amplification des génomes bactériens et viraux
- Maîtriser les techniques de biologie moléculaire et de séquençage nucléotidique Sanger
- Maîtriser les techniques de séquençage haut-débit
- Maîtriser les outils informatiques en lien avec les techniques de NGS
- Maîtriser la démarche qualité
- Savoir rendre compte
- Adapter un mode opératoire
- Transmettre des connaissances

Savoir être / compétences comportementales

- Faire preuve de rigueur
- Etre autonome
- Faire preuve d'initiative
- Etre organisé et savoir planifier ses analyses dans l'environnement de travail
- Savoir définir ses propres objectifs
- Savoir travailler en équipe, en particulier savoir s'intégrer dans une organisation ou un fonctionnement déjà rodé
- Encadrer des étudiants
- Etre force de proposition pour l'optimisation technique dans le champ de compétence du poste, mais aussi dans le champ plus large des travaux de l'équipe
- Curiosité intellectuelle

POSTE DANS L'ORGANISATION

POSITIONNEMENT DANS L'ETABLISSEMENT ENVIRONNEMENT DE TRAVAIL

Affectation du poste :	Laboratoire DYNAMICURE UMR 1311
Localisation du poste :	UFR Santé - Martainville
Sous autorité hiérarchique :	Pr JC Plantier
Sous autorité fonctionnelle :	Pr M Pestel-Caron et Pr JC Plantier
Nombre de personnes encadrées :	Multiples
Statut et catégorie des personnes encadrées :	Etudiants Stagiaires

ARGUMENTAIRE

A côté de ses travaux de recherche fondamentale et clinique, l'équipe DYNAMICURE travaille depuis de nombreuses années sur la caractérisation génomique et la classification génétique microbienne (Plantier, Nature Medicine, 2009 ; Delaugerre, Lancet, 2011 ; Chassain, J Clin Microbiol, 2012 ; Alauzet, Syst Appl Microbiol, 2014 ; Didi, J Clin Microbiol, 2014 ; Leoz, Plos Pathogens, 2015 ; Dahyot Front Microbiol 2019). Les méthodes utilisées jusque-là s'appuyaient sur le séquençage classique par la méthode de Sanger, associé à du clonage ou des méthodes moléculaires très spécifiques (Single Genome Amplification et Single Genome Sequencing). Ces

méthodes avaient de nombreuses limites : caractérisations de génomes complets très consommatrices de temps, et impossibilité de détecter les espèces les plus minoritaires ou de détecter de nouvelles espèces. Le développement du séquençage haut débit ou New Sequencing Generation (NGS), a tout d'abord révolutionné la génétique humaine et s'applique désormais en génétique microbienne. La puissance de caractérisation génétique par cette technologie donne l'opportunité de découvrir de nouvelles espèces, de mieux connaître les populations au sein d'un échantillon et donc de déterminer la dynamique d'évolution microbienne ; à terme, ces outils permettront d'analyser les relations entre ces populations, de caractériser le microbiote d'un environnement (microbiome d'un individu, animal ou autre...) et ainsi de mieux caractériser l'écologie microbienne et son évolution au cours des infections.

L'implémentation de cette technologie est une priorité du laboratoire, et est au cœur du projet du contrat actuel, pour lequel l'équipe a été labellisée Inserm. Nous souhaitons et devons, pour être compétitifs, développer un pôle de génomique microbienne en Santé. Celui-ci s'articule sur des projets nécessitant des ressources humaines, mais aussi matérielles. Nous avons récemment acquis et mis en place des équipements permettant la réalisation de nos projets, et collaborons également avec la plateforme de l'UMR 1245, pour l'utilisation d'approches complémentaires. Les recrutements précédents d'un ingénieur en analyse de données pour la partie bio-informatique, et d'un MCF en génomique microbienne s'inscrivent dans ce projet ; ils doivent être complétés par un poste de technicien, permettant la réalisation pratique des nombreuses études en cours et à venir sur les nouveaux axes de recherche définis pour le prochain contrat. Ces axes, respiratoires et urinaires, vont permettre d'étudier la dynamique microbienne, de son émergence à partir de réservoirs (humains ou animaux) jusqu'à la prise en charge thérapeutique dans un contexte d'échappement. La caractérisation moléculaire des pathogènes, de leur évolution génomique et de leur environnement (microbiome), est un enjeu majeur en santé publique, avec par exemple la crise sanitaire actuelle à SARS-CoV-2 et ses variants, ou l'émergence d'entérobactéries multirésistantes.

Ce poste indispensable à l'équipe sera interdisciplinaire, puisqu'il sera associé à des activités aussi bien bactériologiques que virologiques. Le technicien recherche travaillera en lien avec le MCF et l'ingénieur en analyse de données.

CAMPAGNE D'EMPLOIS 2022

(à remplir par la composante / direction / service / laboratoire)

LABORATOIRE

Classement du laboratoire sur l'ensemble de ses demandes EC/BIATSS par champ :

1.
2.
3.
-

COMPOSANTE / DIRECTION / SERVICE

Classement de la composante/direction/service sur l'ensemble de ses demandes BIATSS des fonctions « soutien et support »

1.
2.
3.
-

Classement par champ de la composante sur l'ensemble de ses demandes EC/E/BIATSS des laboratoires

1.
2.
3.
-

Classement inter-champs de la composante de ses demandes EC/E/BIATSS des laboratoires

1.
2.
3.
-

Poste demandé l'année dernière ? Si oui, classement de la composante/direction/service (X / nombre de demandes) :

SIGNATURES

Direction laboratoire recherche



Direction composante/direction/service