



([https://lbbe.univ-lyon1.fr/sites/default/files/styles/img\\_1280x768\\_image\\_scale\\_crop\\_main/public/media/images/arton5105.jpg?itok=TbL6Wish](https://lbbe.univ-lyon1.fr/sites/default/files/styles/img_1280x768_image_scale_crop_main/public/media/images/arton5105.jpg?itok=TbL6Wish))

# 1. Le LBBE recrute un maître de conférences en "Biostatistique et Bioinformatique pour la Biologie"

Publié le 30 avril 2014

{}{}{}{}{PROFIL DU POSTE: }{}{}{}{}

{}{}{}{- Enseignement} :{}{}{}{}

Le candidat intégrera l'équipe pédagogique du département de biologie de l'UCBL, qui a en charge les enseignements de biomathématiques, biostatistiques et bioinformatique en Licence et en Master dans différents établissements (UCBL, INSA, ENS Lyon).

Le candidat aura pour mission de développer et maintenir, avec l'aide de l'équipe pédagogique de Biométrie et Biologie Evolutive, un nouvel outil unifié pour l'enseignement de la bioinformatique et des biostatistiques et pouvant être utilisé à distance par les étudiants de la licence de Biologie de Lyon et d'ailleurs. Les outils mis à disposition sur cette plateforme auront pour objectif principal de réduire le taux d'échec en Licence en bioinformatique et biostatistiques, des disciplines essentielles à la formation des étudiants en Science de la Vie. Cette plateforme d'enseignement contribuera à la visibilité de LYON1 dans la formation des étudiants en bioinformatique et biostatistiques.

Cette plateforme s'appuiera également sur une plateforme de l'université LYON1, le PRABI pour la mise à disposition de certains outils, et bases de données qui ne peuvent pas être intégrées dans SPIRAL. L'équipe pédagogique de Biométrie et Biologie Evolutive a une expertise en e-learning reconnue dans ce domaine (7 publications) avec notamment le site MATHSV. Un effort particulier devra être porté sur la partie bioinformatique des enseignements à distance, qui est actuellement beaucoup moins développée.

Parallèlement à cette mission et compte tenu de ses compétences en informatique et biostatistique, le candidat participera aux enseignements des différentes UE de licence dans ces domaines (potentiellement 8 UE du L1 au L3) qui seront concernées par le développement de la plateforme :

Mathématiques pour les sciences de la vie (UE obligatoire de L1 de biologie)  
Biologie et Modélisation (UE de L2 obligatoire des parcours MIV de licence STS)  
Biostatistique et bioinformatique (UE de L2, obligatoire pour les parcours BOP et MIV, optionnelle pour les parcours GBC / Microbiologie / Physiologie)  
Mathématiques appliquées à la biologie (UE de L3 obligatoire des parcours BOP et MIV)  
Biostatistique MIV (UE de L3 obligatoire du parcours MIV et optionnelle du parcours BOP)  
Bioinformatique MIV (UE de L3 obligatoire du parcours MIV et optionnelle du parcours BOP)  
Approches Statistiques et Bioinformatique du Vivant (UE de L3 optionnelle pour les parcours GBC / Microbiologie / Physiologie)  
Outils statistiques pour la biologie (UE de L2 optionnelle pour les parcours GBC / Microbiologie / Physiologie)

{}{}{Contact enseignement :  
Vincent Lacroix}}, Maître de Conférence, [vincent.lacroix@univ-lyon1.fr](mailto:vincent.lacroix@univ-lyon1.fr), +33 (0)4 72 43 15 52

{}{}{}{- Recherche} :{}{}{}{}

A l'analyse des données génomiques est venue s'ajouter en force depuis quelques années l'étude des relations et des interactions durables entre organismes (symbiose entendu dans le sens large), l'émergence et le maintien d'infections à tous les niveaux du vivant, et, d'une manière générale, le lien entre génotype et phénotype, et entre organisme et environnement, que ce soit au niveau fondamental ou dans un but biotechnologique.

Un effort massif devra être mis en place dans les prochaines années afin de développer les algorithmes, combinatoires et/ou probabilistes, permettant de cribler, structurer, modéliser et analyser de façon fiable et de plus en plus fine les réseaux formés par l'interaction des organismes en jeu (réseaux d'interactions moléculaires et leur évolution, réseaux phylogénétiques).

Réciproquement, cette démarche à la fois de modélisation et d'analyse [in silico] pourra générer de nouvelles questions biologiques qui conduiront à de nouvelles expérimentations au sein du laboratoire et en collaboration avec des expérimentateurs nationaux et internationaux.

Le candidat devra posséder une formation interdisciplinaire, avec une forte composante en algorithmique et en mathématiques (principalement mais pas exclusivement théorie des graphes, si possible à la fois probabiliste et combinatoire), ainsi que de bonnes connaissances en biologie, avec un intérêt pour la symbiose. Le candidat devra avoir démontré sa capacité à contribuer à l'étude d'un problème biologique à l'aide de méthodes originales.

Des connaissances en informatique (langages de programmation, logiciel statistique R) sont fortement souhaitées afin de mettre en oeuvre les développements réalisés et de les diffuser à la communauté scientifique internationale.

Le laboratoire regroupe des équipes travaillant sur des domaines biologiques divers, dont les travaux reposent tous sur des développements méthodologiques importants. Le candidat s'intégrera dans l'équipe BAOBAB et participera aux diverses activités méthodologiques du laboratoire, ainsi qu'aux diverses activités collaboratrices que l'équipe maintient avec d'autres équipes expérimentales et méthodologiques au sein du laboratoire, en France et au niveau international (notamment via un LIA avec le Brésil, et une équipe européenne Inria en cours de création : ERABLE).

Le candidat intégrera une équipe de (bio)informaticiens qui développe des algorithmes pour l'identification et l'analyse de réseaux biologiques notamment les réseaux d'interaction « Hôte / parasite » en relation avec des questionnements en écologie et biologie évolutive.

{{Contact recherche : Dominique MOUCHIROUD}}, Professeur, directrice de l'UMR 5558, dominique.mouchiroud@univ-lyon1.fr, +33 (0)4 72 43 26 28