

Numéro dans le SI local :	27MC1727	
Référence GESUP :		
Corps :	Maître de conférences	
Article :	26-I-1	
Chaire :	Non	
Section 1 :	27-Informatique	
Section 2 :		
Section 3 :		
Profil :	Biologie computationnelle, génomique statistique.	
Job profile :	MCF (Assistant professor) in computational biology	
Research fields EURAXESS :	Computer science Other Biological sciences Other	
Implantation du poste :	0751722P - UNIVERSITE PARIS 6 (P. ET M. CURIE)	
Localisation :	Campus des cordeliers	
Code postal de la localisation :	75006	
Etat du poste :	Vacant	
Adresse d'envoi du dossier :	X X X - X	
Contact administratif :	LE MEE MONIQUE	
N° de téléphone :	RESPONSABLE DU BUR. DES COMITES DE SELEC 01 44 27 62 76 0144 27 3598 / 2766	
N° de Fax :	01 44 27 33 75	
Email :	concours.ec@upmc.fr	
Date de prise de fonction :	01/09/2014	
Mots-clés :		
Profil enseignement :		
Composante ou UFR :	UFR Ingenierie	
Référence UFR :	919	
Profil recherche :		
Laboratoire 1 :	UMR7238 (201119726Y) - GENOMIQUE DES MICROORGANISMES	
Laboratoire 2 :		
Laboratoire 3 :		
Laboratoire 4 :		
Laboratoire 5 :		
Dossier Papier	NON	
Dossier numérique physique (CD, DVD, clé USB)	NON	
Dossier transmis par courrier électronique	NON	e-mail gestionnaire
Application spécifique	OUI	URL application http://concours.upmc.fr/ec

Le profil détaillé se trouve en page 2 et suivantes

IDENTIFICATION DE L'EMPLOI

Numéro de l'emploi
4259 (27MC1727)

Composante
UFR INGENIERIE

Nature de l'emploi
Maître de conférences (Article 26-I-1)

Implantation
Campus des Cordeliers
Section CNU
27 - Informatique

PROFIL

Biologie computationnelle, génomique statistique.

TITRE ET RÉSUMÉ DU POSTE EN ANGLAIS

MCF (Assistant professor) in computational biology

The team « Statistical Genomics and Biological Physics » (head M Weigt), Laboratoire de Génomique des Microorganismes, searches candidates in computer science, physics or mathematics working in statistical and comparative genomics, evolution, phylogeny, population genetics, or statistical inferen

EURAXESS RESEARCH FIELDS

Computer science
Other

Biological sciences
Other

ENSEIGNEMENT

Filières de formation concernées

Licence et Master de Paris 6 - mention informatique.

Objectifs pédagogiques et besoin d'encadrement

Le candidat recruté devra effectuer son service en Licence et en Master de Paris 6 - mention informatique. Il devra assurer au moins 50% de son service en licence. Il participera à l'enseignement et à l'animation des activités au sein de la spécialisation « Bioinformatique et Modélisation » (BIM) du Master d'Informatique ainsi qu'au programme international de Master « Bioinformatique, Biomathématiques et Modélisation » (BIMM).
?Informations sur BIM et BIMM sont trouvées aux adresses :

<http://www-master.ufr-info-p6.jussieu.fr/lmd/specialite/bim/>

http://www.upmc.fr/fr/international/programmes_internationaux/programmes_internationaux_de_master/bioinformatique_biomathematiques_et_mo

Il lui sera demandé de s'investir dans les actions d'orientation et d'insertion professionnelle, et notamment dans les UE d'orientation et d'insertion professionnelle dispensées en licence.

RECHERCHE

Le progrès rapide dans le séquençage et dans d'autres champs de la technologie expérimentale à haut débit a conduit à une vraie révolution génomique et a transformé profondément le domaine de la recherche en biologie ces 10-20 dernières années. Grâce à ces technologies, nous disposons aujourd'hui d'une quantité massive de nouvelles données qui continuent de s'accumuler : ces données couvrent aussi bien les plus de quatre mille génomes actuellement entièrement séquencés (le nombre doublant tous les 2-3 ans), des mesures d'expression génétique sur l'échelle de génomes entiers, jusqu'aux résultats expérimentaux sur les réseaux d'interactions protéiques. Par conséquent, il est fondamental de développer en parallèle de nouvelles approches computationnelles efficaces, pour permettre l'analyse de ces nouvelles données et ainsi en extraire une meilleure compréhension des processus biologiques sous-jacents.

Les systèmes biologiques sont constitués d'une multitude de composants différents qui interagissent entre eux (gènes, protéines, ARN...). Si la plupart des techniques expérimentales s'attachent au comportement simultané des composants du système, les réseaux complexes d'interactions impliquant ces composants ne peuvent pas être décrits facilement par ces techniques expérimentales. Ceci est en revanche possible à l'aide d'approches computationnelles d'inférence. Au niveau computationnel, le problème d'inférence de réseaux biologiques peut être vu comme un problème inverse : étant donné des observations sur le comportement des composants microscopiques d'un système, est-il possible d'en déduire les principes régissant les phénomènes macroscopiques observés ? En termes biologiques, on peut se demander en quoi la variation des acides aminés observée dans les séquences protéiques en relation évolutionnaire contient de l'information sur la structure et la fonction des protéines ? Par ailleurs, est-ce que la différence d'expression génomique entre différents tissus cellulaires ou obtenus dans des conditions d'expérience différentes peut fournir des informations sur les processus de régulation sous-jacents ? De façon plus générale, quelle information peut-on tirer de grands jeux de données multidimensionnelles ?

La recherche en cours dans l'équipe « Génomique statistique et Physique biologique » du Laboratoire de Génomique des Microorganismes (<http://www.lgm.upmc.fr/drupal/?q=node/50469>) se propose ainsi de mener de front deux lignes de recherche: l'une théorique et l'autre appliquée. Dans la première, des concepts tirés de domaines différents tels que la physique statistique, les méthodes d'apprentissage (machine learning) et les statistiques seront employés pour mettre au point des approches algorithmiques efficaces pour

l'analyse de données à large échelle et l'inférence de réseaux biologiques. Ces approches seront analysées avec des méthodes théoriques et testées numériquement à l'aide de données artificielles bien contrôlées. Dans la seconde ligne de recherche, ces techniques seront ajustées pour être appliquées à des données biologiques réelles, afin d'en tirer des informations biologiques utiles.

Parmi les exemples récents de recherche dans cette direction, on peut citer:

Extraction de réseaux de co-évolution sur la base d'alignements multiples de séquences à travers l'ainsi dit Direct-Coupling Analysis (Weigt et al. 2009, Morcos et al. 2011) ; emploi de ces réseaux pour la prédiction de la structure tridimensionnelle de protéines et de leurs complexes (Schug et al. 2009, Sulkowska et al. 2012, Dago et al. 2012).

Inférence de réseaux sparses de contrôle combinatoire sur la base de données d'expression génétique : Braunstein et al. 2012, Bailly-Bechet et al. 2010.

Classification (clustering) efficace et robuste de données biologiques grâce à la méthode de soft-constraint affinity propagation (Leone et al. 2007).

Le candidat est censé développer ses propres projets, en accord avec les lignes générales de recherche de l'équipe « Génomique statistique et Physique biologique ».

Page web : <http://www.lgm.upmc.fr/drupal/?q=node/50469>

Publications concernées :

J.I. Sulkowska, F. Morcos, M. Weigt, T. Hwa, J.N. Onuchic, "Genomics-Aided Structure Prediction", Proc. Natl. Acad. Sci. 109, 10340-10345 (2012).

A.E. Dago, A. Schug, A. Procaccini, J.A. Hoch, M. Weigt, H. Szurmant, "The Structural Basis of Histidine Kinase Autophosphorylation: Integrating Genomics, Molecular Dynamics and Mutagenesis", Proc. Natl. Acad. Sci. 109, E1733-E1742 (2012).

F. Morcos, A. Pagnani, B. Lunt, A. Bertolino, D. Marks, C. Sander, R. Zecchina, J.N. Onuchic, T. Hwa, M. Weigt, "Direct-coupling analysis of residue co-evolution captures native contacts across many protein families", Proc. Natl. Acad. Sci. 108, E1293-E1301 (2011).

M. Bailly-Bechet, A. Braunstein, A. Pagnani, M. Weigt, R. Zecchina, "Inference of sparse combinatorial-control networks from gene-expression data: a message passing approach", BMC Bioinformatics 11, 355 (2010).

A. Schug, M. Weigt, J.N. Onuchic, T. Hwa, H. Szurmant, "High resolution protein complexes from integrating genomic information with molecular simulation", Proc. Natl. Acad. Sci. 106, 22124 (2009).

M. Weigt, R.A. White, H. Szurmant, J.A. Hoch, T. Hwa, "Identification of direct residue contacts in protein-protein interaction by message passing", Proc. Natl. Acad. Sci. 106, 67 (2009).

A. Braunstein, A. Pagnani, M. Weigt, R. Zecchina, "Inference algorithms for gene networks: A statistical-mechanics analysis", J. Stat. Mech. P12001 (2008).

M. Leone, Sumedha, M. Weigt, "Clustering by soft-constraint affinity propagation: Applications to gene-expression data", Bioinformatics 23, 2708 (2007). J.I. Sulkowska, F. Morcos, M. Weigt, T. Hwa, J.N. Onuchic, "Genomics-Aided Structure Prediction", Proc. Natl. Acad. Sci. (2012).

LABORATOIRE D'ACCUEIL

UMR 7238 - Génomique des microorganismes

CONTACTS

Recherche

Martin WEIGT : martin.weigt@upmc.fr

Enseignement

Olivier Sigaud (directeur de la licence d'informatique) : Olivier.Sigaud@upmc.fr. Bruno Escoffier (directeur du master d'Informatique) : bruno.escoffier@upmc.fr ; Alessandra Carbone (responsable de la spécialité BIM) : Alessandra.Carbone@upmc.fr

CONSIGNES À RESPECTER OBLIGATOIREMENT POUR LA CONSTITUTION DE VOTRE DOSSIER DE CANDIDATURE

L'UPMC ayant opté pour un envoi dématérialisé des candidatures, il vous est demandé de suivre à la lettre les recommandations suivantes pour un traitement optimal de votre dossier.

L'enregistrement des candidatures se fait en deux étapes :

1^{ère} étape : du jeudi 27 février 2014 à 10 heures au mardi 1^{er} avril 2014 à 16 heures

ENREGISTREMENT de votre candidature sur l'application **GALAXIE** accessible à partir du lien ci-après :
<http://enseignementsup-recherche.gouv.fr/cid22713/galaxie-portail-des-candidats-qualification-recrutement.html>

2^{ème} étape : du jeudi 27 février 2014 à 10 heures au mardi 1^{er} avril 2014 à minuit

ENREGISTREMENT ET DÉPÔT DES FICHIERS composant votre dossier de candidature, à l'adresse suivante :
<http://concours.upmc.fr>

Le dossier de candidature devra obligatoirement contenir les pièces ci-après, exigées par la réglementation en vigueur (arrêtés du 7 octobre 2009), **au format PDF** :

1. déclaration de candidature datée et signée, téléchargeable sur GALAXIE ;
2. pièce d'identité recto/verso avec photo lisible ;
3. curriculum-vitæ (cf. article 10 au titre IV des arrêtés du 7 octobre 2009) ;
4. diplôme : HDR, doctorat d'État, ou équivalent ;
5. rapport de soutenance ;
6. un exemplaire au moins des travaux, ouvrages, articles et réalisations parmi ceux mentionnés dans le CV ;
7. en cas de candidature :
 - 7a) **au titre de la mutation** : attestation de l'établissement d'origine permettant d'établir la qualité de professeur des universités ou de maître de conférences, et l'exercice de fonctions en position d'activité depuis trois ans au moins à la date de clôture des candidatures ;
 - 7b) **au titre du détachement** : attestation récente, délivrée par l'employeur actuel, mentionnant l'appartenance à l'une des catégories visées à l'article 58-1 du décret n° 84-431 du 6 juin 1984 relatif aux statuts des enseignants-chercheurs et la qualité de titulaire dans le corps ou cadre d'emploi d'origine depuis trois ans au moins à la date de clôture des inscriptions ;
 - 7c) **au titre d'enseignant-chercheur exerçant une fonction d'un niveau équivalent à celui de l'emploi à pourvoir, dans un État autre que la France, et dispensé de l'inscription sur la liste de qualification** : attestation récente délivrée par l'employeur actuel mentionnant le corps d'appartenance, la durée et le niveau des fonctions exercées ;
 - 7d) **au titre du 46-3** : attestation de l'établissement d'origine permettant d'établir la qualité de professeur des universités ou de maître de conférences régie par la décret n° 84-431 modifié du 6 juin 1984 et la durée de service effectué conformément à l'article 46-3 du décret susvisé.

Les documents administratifs en langue étrangère doivent être traduits en français.

Vous trouverez toutes les informations relatives aux concours des EC, session synchronisée, sur le site de l'UPMC à l'adresse web suivante, rubrique ACTUALITÉS : <http://www.upmc.fr>

En cas de difficulté, vous pouvez contacter le service qui traitera votre dossier du point de vue administratif, à l'adresse concours.ec@upmc.fr.

AUCUN DOSSIER PAPIER NE SERA ACCEPTÉ