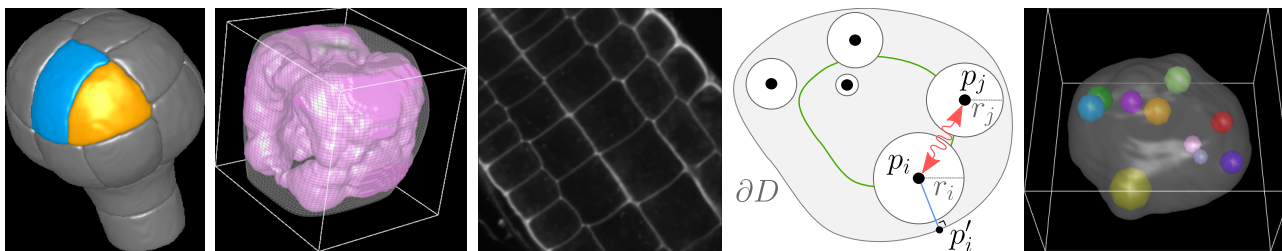


Ingénieur-développeur logiciel d'analyse d'images (H/F)

Mots-clés. Analyse d'images biologiques ; statistiques spatiales ; développement logiciel ; C++.



Poste. Vous développerez des méthodes et des algorithmes originaux d'analyse d'images de microscopie 3D pour quantifier et modéliser des organisations spatiales dans des systèmes biologiques. Vous vous appuyerez pour cela sur la méthodologie d'analyse statistique spatiale développée au sein de l'équipe [1,2]. Vous intégrerez vos algorithmes dans les [logiciels de l'équipe](#) (logiciel Free-D [4] ou nouveau logiciel BIP en cours de développement). Vous appliquerez vos méthodes à des données portant sur les réponses nucléaires à des stress mécaniques dans des racines de plantes (collaboration Marie-Edith Chabouté, CNRS Strasbourg).

Salaire brut mensuel entre 2 104,92€ et 2 526,87€ ; subvention mutuelle santé ; activités CE. Télé-travail possible. Contrat de 18 mois ; prise de fonction à partir de Septembre 2023 et au-delà.

Environnement. L'équipe [Modélisation et Imagerie Numérique](#) de l'[Institut Jean-Pierre Bourgin](#) (INRAE Versailles) conduit des recherches originales en traitement d'images, mathématiques appliquées et modélisation computationnelle pour mieux comprendre le fonctionnement et le développement des plantes [e.g., 5,6,7]. Elle offre un environnement de travail inter-disciplinaire à taille humaine, avec de nombreuses opportunités d'échanges avec des collègues biologistes. Vous bénéficierez du cadre exceptionnel et verdoyant du Parc du Château de Versailles dans lequel le centre INRAE de Versailles est situé, à moins de 45 minutes de Paris.

Profil recherché. Bac+5 (master ou ingénieur) en mathématiques appliquées, informatique, ou biologie computationnelle. Maîtrise d'un langage de programmation orienté-objet tel que C++ ou Java. Expérience ou formation en traitement et analyse d'images. Anglais scientifique ou technique écrit. Curiosité et goût du travail dans un environnement inter-disciplinaire.

Candidature. Envoyer CV, lettre de motivation et 2-3 références à philippe.andrey@inrae.fr. Profils juniors acceptés.

Références.

1. Andrey P et al (2010). Statistical analysis of 3D images detects regular spatial distributions of centromeres and chromocenters in animal and plant nuclei. *PLoS Computational Biology*, 6, e1000853.
2. Arpòn J, Sakai K, Gaudin V and Andrey P (2021). Spatial modeling of biological patterns shows multiscale organization of *Arabidopsis thaliana* heterochromatin. *Scientific Reports*, 11, 323.
3. Legland D, Arganda-Carreras I and Andrey P (2016). MorphoLibJ: integrated library and plugins for mathematical morphology with ImageJ. *Bioinformatics*, 32, 3532-3534.
4. Biot E, Crowell E, Burguet J, Höfte H, Vernhettes S and Andrey P (2016). Strategy and software for the statistical spatial analysis of 3D intracellular distributions. *Plant Journal*, 87, 230-242.
5. Moukhtar J, Trubuil A, Belcram K, Legland D, Khadir Z, Urbain A, Palauqui J-C and Andrey P (2019). Cell geometry determines symmetric and asymmetric division plane selection in *Arabidopsis* early embryos. *PLoS Computational Biology*, 15, e1006771.
6. E Laruelle, K Belcram, A Trubuil, JC Palauqui and P Andrey (2022). Large-scale analysis and computer modeling reveal hidden regularities behind variability of cell division patterns in *Arabidopsis thaliana* embryogenesis. *ELife*, 11, e79224.
7. Oughou M, Biot E, Arnaud N, Maugarny-Calès A, Laufs P, Andrey P and Burguet J (2023). Model-based reconstruction of whole organ growth dynamics reveals invariant patterns in leaf morphogenesis. *Quantitative Plant Biology*, 4, 1-11.