



Carrera del Personal de Apoyo Profesional para el área de bioinformática

Unidad de Gestión: **OFICINA DE COORDINACION ADMINISTRATIVA HOUSSAY**

Unidad Ejecutora / CIT: **IMPAM**

Título de proyecto:

Cargo a solicitar: **Profesional**

Comité evaluador: **IMPAM**

Fecha de apertura del concurso: **01-09-2022**

Fecha de cierre del concurso: **21-09-2022**

Descripción de las actividades a realizar - Tareas específicas:

- Organizar y administrar el nodo de bioinformática del IMPaM, Identificar alertas, asistir en el diagnóstico, ampliación y reparación de las deficiencias de hardware y software y su gestión. Contactar al servicio técnico de reparación cuando así se lo requiera.
- Verificar el correcto funcionamiento de los componentes (nodos, NAS, SAN, Frontends y componentes de comunicaciones) (Hardware, Software, File Systems). Instalar, mantener y administrar las colas (PBS-Torque/MAUI, SGI, Condor, etc.) de trabajos del Clúster.
- Instalar y mantener software específico para cada línea de investigación. Crear y mantener las cuentas de los usuarios del clúster, supervisar y dar soporte a los mismos.
- Generar bases de datos y plataformas para su acceso y análisis, colaborar y brindar apoyo a los miembros del Instituto para la confección de rutinas bioinformáticas creadas internamente para el procesamiento local de datos asociados a las distintas líneas de trabajo.
- Manejar la seguridad de acceso por medio como ACL, claves públicas y privadas, ssh e iptables, etc. Instalar y configurar, mantener y administrar los sistemas de comunicación interna de redes ETHERNET y de redes de baja latencia (por ej. IB).
- Instalar y configurar, mantener y administrar sistemas de Storage (RAID), de Back-Up y de monitoreo (GANGLIA , NAGIOS etc.). Administrar y controlar los sistemas de apagado automático del Clúster por baja de baterías de UPS y/o exceso de temperatura.
- Dominar y manejar bases de datos para la anotación de genes basada en homología de secuencias, sitios conservados y genomas de referencia
- Realizar búsquedas de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas y edición de secuencias con software específico. Gestionar la anotación de secuencias de genes y/o proteínas en bases de dato públicas. Seguimiento del proceso y actualizaciones.
- Efectuar estudios evolutivos y genéticos empleando softwares específicos.
- Realizar predicción informática de localizaciones subcelulares basados en similitud de secuencias. Manejar programas de estudios genómicos, metagenómicos y transcriptómicos y proteómicos, y asistir en el soporte informático de estudios relacionados a los mismos.
- Operar programas de prospección funcional por búsquedas por homología secuencia-secuencia, secuencia-profile, profile-profile.
- Manejar métodos de predicción funcional por similitud estructural y traza evolutiva
- Participar en la realización del modelado de proteínas y predicciones de interacciones proteína-proteína.
- Contribuir en el ensamblado, cuantificación y anotación de datos obtenidos por secuenciación masiva en distintas plataformas.
- Asistir a cursos de formación y perfeccionamiento.
- Mantener el orden en el espacio físico donde se desempeña
- Realizar las tareas atendiendo las normas de seguridad establecidas por la Unidad.
- Brindar capacitaciones en el área de su desempeño.

Requisitos:

- Ser argentino nativo, o naturalizado.
- El cargo a cubrir se encuadra en el régimen establecido por Ley 20.464 para el Personal de Apoyo a la Investigación Y Desarrollo de CONICET.
- Los interesados deben cumplir con los requisitos establecidos en la Ley Marco de Regulación Público Nacional, Ley 25164 Y su Dec. de Empleo Reglamentario N°1421/02.
- Graduado universitario con título de grado en Lic. en Bioinformática, Ingeniería en Sistemas, Análisis de Sistemas, Biología, Biotecnología, Bioquímica o carreras afines.
- Se valorará principalmente que sea especialista en clusters y servidores.
- Se valorará que esté cursando o haya completado carrera de posgrado y/o haber realizado cursos sobre bioinformática.
- Es excluyente el manejo de sistemas operativos Centos Linux y/o equivalente, y programación.
- Tener conocimientos de biología computacional.
- Manejo del idioma Inglés (oral-escritura bueno).
- Se valorará que escriba en inglés científico para publicaciones internacionales en revistas con referato.
- Leer e interpretar literatura de publicaciones internacionales de la especialidad en bioinformática y diversas fuentes de información.
- Se valorará de manera particular la experiencia previa comprobable en el ensamblado, mantenimiento y administración de servidores o afines.
- Se valorará poder mantener discusiones en foros de la especialidad (seqanswers, github, bioconductor).
- Se valorará experiencia en manipulación de datos de NGS, metagenómica, búsquedas por similitud de secuencias, alineamientos múltiples, modelos ocultos de Markov, estudios filogenéticos, búsqueda de dominios proteicos, modelado 3D de proteínas.
- Se valorarán postulantes con conocimientos de scripting en algún lenguaje de programación como Bash, Python, Perl, BioPerl.
- Se valorará el dominio del paquete R y poseer conocimientos de estadística uni y multivariada aplicada al análisis de datos biológicos y microbiológicos.
- Capacidad de trabajar en equipo e interactuar con distintos grupos de investigación en un marco multidisciplinario.
- Capacidad para interpretar los objetivos de los proyectos científicos y asesorar en las necesidades de análisis con herramientas de bioinformática.
- Capacidad de transmisión de conocimientos.
- Disponibilidad para realizar cursos de formación y perfeccionamiento en el área de su desempeño.

Detalle de Equipos a utilizar para el presente cargo:

Nodo de Bioinformática del IMPaM (SNCAD, ID 924), <https://impam.conicet.gov.ar/nodo-bioinformatico-impam/>, equipos informáticos periféricos, y herramientas accesorias para el mantenimiento y/o ampliación del nodo.

Observaciones:

Este concurso se realizará a través del Sistema Integral de gestión y Evaluación (SIGEVA) mediante la intranet del CONICET. Ver Instructivo para Ingresos CPA por SIGEVA en el apartado "descargas" (menú de la derecha de la página web)