

Die Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns (SNSB) sind eine außeruniversitäre Forschungs- und Bildungsinstitution mit fünf naturkundlichen Staatssammlungen der Fachrichtungen Zoologie, Botanik, Geologie und Paläontologie, Mineralogie, Anthropologie und Paläoanatomie, sowie acht Schaumuseen in München, Bamberg, Bayreuth, Eichstätt und Nördlingen und dem Botanischen Garten München, mit insgesamt ca. 280 Mitarbeitenden.

Stellenausschreibung

Wir suchen zum 1. September 2021 eine/-n

**Mitarbeiter/in (m/w/d) im Bereich der Zentralen Einrichtungen
– Genomics Core Facility der SNSB –
in der Funktion eines
«Genomics Computational Biologist»
in Vollzeit, zunächst befristet bis 31.12.2022**

Aufgaben:

Entwicklung und Etablierung einer zentralen Infrastruktur zur bioinformatischen Analyse und Archivierung genomischer Daten als Serviceeinrichtung für die Wissenschaftler*innen der SNSB, d.h.

- Serviceorientierte Entwicklung und Durchführung von Assembly- und Analyse-Pipelines zur Aufbereitung genomischer (und transkriptomischer) Rohdaten sowie zur phylogenetischen und populationsgenomischen Auswertung bereits aufbereiteter Daten
- Erarbeitung einer bedarfsgerechten IT-Infrastruktur (Hardware/Software/Cloud) zur SNSB-internen Verrechnung und Speicherung von Genom-Daten; dies in enger Abstimmung mit dem SNSB-IT-Teamleiter
- Implementierung und Entwicklung von Protokollen zur SNSB-internen Archivierung und externen Ablage (in öffentlichen Daten-Repositories) von Genomdaten
- Entwicklung eines personellen und technischen Konzepts für den bioinformatischen Bereich einer dauerhaften SNSB-Genomics-Core-Facility
- Durchführung hausinterner Schulungen für Anwender (Wissenschaftler*innen, Student*innen, technisches Personal)

Vorausgesetzte Qualifikationen:

- Mit Promotion abgeschlossenes Hochschulstudium im Bereich der Lebenswissenschaften (Dr. rer. nat. oder vergleichbar)
- Erfahrung mit der Entwicklung und Anwendung von Analyse-Pipelines zur Rohdatenaufbereitung, Assembly, Annotation und Analyse von mit aktuellen short-read und long-read Sequenzier-Techniken erstellten genomischen Daten

- Erfahrung mit dem Aufbau einer bedarfsorientierten IT-Infrastruktur (Hardware/Software/Cloud) für komplexe genomische Analysen, inkl. Kommunikation mit externen Anbietern)

Wünschenswerte Kompetenzen:

- Erfahrung mit der bioinformatischen Analyse von aus DNA-degradierten, d.h. musealen, forensischen und/oder paläogenetischen Proben gewonnenen genomischen Daten.
- Freude an einer verantwortungsvollen und zentralen Servicefunktion
- Freude an Planung und Organisation im Team
- Fähigkeit zu einfacher und klarer Kommunikation mit Anwendern/Nutzern auch in englischer Sprache

Wir bieten:

- eine zukunftsorientierte, verantwortungsvolle und abwechslungsreiche Aufgabe in einem abwechslungsreichen wissenschaftlichen Umfeld mit dynamischer Entwicklung
- einen interessanten und vielseitigen Arbeitsplatz im öffentlichen Dienst, sowie alle Vorteile einer Beschäftigung im Dienst des Freistaates Bayern,
- ein anregendes und abwechslungsreiches Arbeitsumfeld in einer international aufgestellten Forschungsinstitution mit globaler Vernetzung
- einen Arbeitsplatz in München, einer der attraktivsten Städte Deutschlands mit besonders hoher Lebensqualität
- die Vergütung erfolgt nach dem Tarifvertrag der Länder (TV-L E13)

Sind Sie interessiert?

Wir freuen uns auf Ihre aussagefähigen und vollständigen Bewerbungsunterlagen mit Lebenslauf und Zeugnissen bis spätestens **15.07.2021** unter personal@snsb.de.

Bei inhaltlichen Fragen wenden Sie sich bitte an Frau Prof. Dr. Gudrun Kadereit (kadereit@snsb.de) oder Prof. Dr. Gert Wörheide (woerheide@snsb.de)

Schwerbehinderte Bewerber bzw. Bewerberinnen werden bei ansonsten im Wesentlichen gleicher Eignung bevorzugt. Zur Verwirklichung der Gleichstellung von Frauen und Männern besteht ein besonderes Interesse an der Bewerbung von Frauen. Bewerbungen von Menschen mit Migrationshintergrund sind erwünscht.

Wir verweisen darauf, dass nach Abschluss des Verfahrens die Bewerbungsunterlagen vernichtet und nicht zurückgesandt werden.