



SincellTE Workshop

4ème Ecole thématique Single-Cell 2022

Single-Cell : Transcriptomics, Spatial and Multi-Omics (sincellTE)

9 - 14 janvier 2022, Station Biologique, Roscoff

Objectifs

Cette école porte sur l'étude des populations de cellules hétérogènes du point de vue génomique, transcriptomique et épigénomique. Les technologies capables de caractériser des cellules uniques évoluent rapidement et aboutissent à la génération de nouveaux types de données associés à de nouveaux enjeux méthodologiques. Afin de suivre ces évolutions technologiques, des méthodes bioinformatiques et biostatistiques dédiées sont développées permettant de proposer des méthodes d'analyse adaptées.

L'école vise à expliquer et diffuser ces méthodes au sein de la communauté des ingénieurs et chercheurs, bio-informaticiens et statisticiens directement impliqués dans des projets de génomique fonctionnelle en cellule unique. Ce cours offre une formation complète incluant le choix de la technologie la mieux adaptée à la question biologique posée, la conception de l'expérience, le contrôle qualité et les analyses bioinformatiques et statistiques associées. L'école sera basée sur une alternance de sessions théoriques et d'ateliers pratiques. Cette nouvelle édition comportera des sessions sur la transcriptomique spatiale, le phénotypage des cellules et l'intégration multi-omique.

Participants

Cette formation est destinée à une **trentaine** d'ingénieurs et cadres de recherche impliqués dans l'analyse régulière de données single-cell, ainsi que les doctorants et post-doctorants en biologie computationnelle et bioinformatique intéressés dans les méthodologies d'analyse en cellule unique à haute dimension.

Environnement de travail



L'ensemble de la formation reposera sur l'utilisation d'outils en ligne de commandes (terminal Linux) pour les analyses bioinformatiques, et du langage R pour les analyses statistiques. La formation est donnée en anglais.

Prérequis

Les participants doivent déjà pratiquer l'analyse de données de séquençage haut débit, avec une utilisation quotidienne du langage R, de l'environnement Rstudio et une bonne connaissance de la ligne de commande Unix. En amont de l'école, il sera demandé aux participants de se familiariser avec les premières étapes de l'analyse de données scRNA-seq ; le matériel pédagogique sera fourni. *Il n'est pas nécessaire d'avoir un projet propre d'analyse de données de single-cell.*

Modalités d'inscription

Date limite de pré-inscription : 15 septembre 2021 (sélection des participants : 20 octobre 2021). Le nombre de places étant limité (**30 participants**), le comité d'organisation sélectionnera les participants d'après les renseignements fournis lors de cette pré-inscription.

Renseignements et **inscriptions** :

<https://www.france-bioinformatique.fr/en/evenements/ecole-single-cell-2022>

Frais d'inscription pour les personnels académiques : 650€HT=780€TTC (coût couvert pour les personnels rémunérés par le CNRS si le CNRS supporte financièrement l'école, réponse attendue mi-décembre 2021); pour les industriels : 1.750€HT=2.100€TTC. L'hébergement et la restauration sont inclus.

Coordination scientifique : Marie-Agnès Dillies (Institut Pasteur Paris), Morgane Thomas-Chollier (IBENS CNRS UMR8197, ENS, INSERM U1024), Agnès Paquet (Syneos Health, Sophia-Antipolis), Nicolas Servant (Institut Curie, INSERM U900, Mines ParisTech), Marc Deloger (Gustave Roussy), Kevin Lebrigand (UCAGenomiX IPMC CNRS), Erwan Corre (ABIMS FR2424 CNRS-UPMC, Station Biologique de Roscoff)

Coordination technique : Erwan Corre

Gestion administrative : Département de Biologie Computationnelle, Institut Pasteur

