

SINGLE CELL WORK SHOP - Formation dispensé en anglais

Date & Horaire	26 au 27 septembre 2019 de 8H45 à 17H30
Lieu	Institut Imagine 24 Boulevard du Montparnasse, 75015 PARIS
Public visé	IE/IR, étudiants en thèse, postdoctorants, chercheurs. 12 personnes maximum par session.
Programme	<p>1. <i>Jour 1, matinée: Enseignements théoriques des différentes technologies et protocole de single-cell OMICs</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - Introduction aux technologies single-cell et background historique - Présentation des différentes technologies OMICs en single-cell (transcriptomiques, VDJ, accessibilité à la chromatine, ...) - Focus sur les technologies single-cell basées sur l'encapsulation des cellules dans des gouttelettes lipidiques pour un criblage d'un grand nombre de cellules. Technologie 10X genomics. - Procédures et bonnes pratiques pour mettre en place des expériences single-cell: type cellulaire, nombre de cellules, protocole de séquençage (avec profondeur de séquençage), coûts expérimentaux (génération de librairies single-cell et séquençage). - Contrôles de qualité et étapes clés dans la préparation et le séquençage des librairies single-cell <p>2. <i>Jour 1, après-midi: Démonstrations de certaines pratiques clés pour la génération de librairies single-cell</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - Resuspension cellulaire, comptage manuel et automatisé des cellules - Utilisation du système Chromium de 10X Genomics - Discussion détaillée étape par étape du protocole CITE-seq de préparation des librairies single-cell transcriptomiques 3' et des librairies ADT. <p>3. <i>Jour 2, matinée: bases théoriques des analyses computationnelles des données transcriptomiques single-cell</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - Particularités statistiques des données single cell : Haute dimensionnalité, surdispersion des données, sur-représentation de zéros, multimodalité, fort bruit technique. - Normalisation des librairies: taille des librairies, UMI (Unique Molecular Identifier), et « Spike-in controls » - Filtrage de cellules et sélection des gènes à haute variabilité - Réduction de la dimensionnalité : ACP, tSNE, UMAP - Visualisation des données - classification unsupervisée (clustering) et selection du nombre de groupes

	<ul style="list-style-type: none"> - Analyse de l'expression différentielle des gènes - Annotation et interprétation fonctionnelle : analyses de pathways - Analyses de trajectoires cellulaires - Intégration des données et corrections des effets "batch" - Exemples des environnements bioinformatiques « tout en un » pour l'analyse singlecell, avantages et inconvénients: Cell Ranger/Eoulsan, Seurat/Scampy, Spring/Monocle <p>...</p> <p>4. Jour 2, après-midi – Analyses de libraires single-cell en utilisant les packages Cell Ranger et Seurat, Cell-ID.</p> <p>Des cas d'études seront proposés pour illustrer les différentes étapes des analyses bioinformatiques single cell. Les étudiants ayant leurs propres données pourront les utiliser durant ces travaux pratiques.</p>
Formateur	<ul style="list-style-type: none"> • Mickaël Ménager – PhD - Lab Director Team Atip-Avenir, Inserm Inflammatory Responses and Transcriptomic Networks in Diseases • Antonio Rausell, PhD - Group leader - Clinical Bioinformatics - Inserm
Contact	<p style="text-align: center;">Inscriptions Sur : www.sirene.inserm.fr avant le 26 août 2019 Contact : Diane VILLA - Assistante Formation : diane.villa@inserm.fr 2, rue d'Alésia 75014 PARIS - tél. : 01 40 78 49 11 Service Formation : formation.paris5@inserm.fr</p>