
Programme de Formation

Transcriptomique spatiale : analyse de données et intégration scRNA-seq en Python



Organisation

Durée : 14 heures

Mode d'organisation : Présentiel

Contenu pédagogique

Public visé

- Chercheurs, ingénieurs et techniciens en biologie et bio-informatique.
- Professionnels souhaitant analyser des données de transcriptomique spatiale ou reproduire des méthodologies issues de publications scientifiques.

Objectifs pédagogiques

- Inventorier les approches de transcriptomique spatiale et reconnaître leurs spécificités (caractéristiques/forces/faiblesses)
- Acquérir les bases du traitement et de l'analyse de données de transcriptomique spatiale
- Se familiariser avec les outils de l'écosystème d'analyse de transcriptomique spatiale sur Python
- Construire un pipeline d'analyse de données de transcriptomique spatiale

Description

Cette formation est dédiée à l'analyse computationnelle des données de transcriptomique spatiale avec Python. Les participants apprendront à maîtriser les outils de l'écosystème scverse pour transformer des matrices d'expression en résultats biologiques robustes et reproductibles, au travers d'ateliers pratiques et de projets de groupe.

1er jour - Fondamentaux, transformation et préparation des données

- Matin (Code-Along/Frontal interactif) :
 - Tour d'horizon rapide : techniques image-based vs sequencing-based
 - Workflow général et présentation de l'écosystème scverse (SpatialData, AnnData)
 - Installation et environnement de travail : prise en main des notebooks
- Après-midi (laboratoire guidé) :
 - Chargement des données et contrôle qualité (QC)
 - Prétraitement et filtrage (cellules/gènes)



- Manipulation des données spatiales : calcul des métriques de base et premières visualisations

2ème jour - Analyse avancée et restitution (projets de groupe)

- Matin (laboratoire/mini-projet) :
 - Répartition en 2 groupes de travail sur 2 jeux de données publiés (ex. tissus sains vs pathologiques, technologies variées)
 - Exploration autonome guidée : clustering spatial et détection de gènes variables
 - Application de méthodes avancées : Intégration ou analyse de voisinage (selon les intérêts)
- Après-midi (finalisation et restitution) :
 - Finalisation de l'analyse et préparation des présentations
 - Session de restitution : chaque groupe présente son workflow et ses résultats aux autres (15-20 min par groupe)
 - Discussion collective, FAQ, ouverture sur les outils complémentaires et bilan de la formation



Prérequis

Connaissances de base du langage Python ; connaissances biologiques suffisantes pour comprendre le fonctionnement de la transcriptomique spatiale ; connaissances mathématiques et statistiques.



Modalités pédagogiques

- 3h de cours interactifs et 11h de TD/TP
- Travail sur ordinateur individuel avec mise en pratique immédiate sur données réelles
- Travail collaboratif en 2 groupes de 4 personnes lors du projet final sur données publiées (6h dédiées au projet et à la restitution)



Moyens et supports pédagogiques

Équipement : machine virtuelle dans le cloud sur IFB Biosphere, accès via l'ordinateur de la salle bioinformatique de l'IGFL. Utilisation d'un ordinateur portable acceptée mais non requise.

Ressources pédagogiques : les notebooks et les présentations de la formation seront mises à disposition sur un dépôt github/gitlab.



Modalités d'évaluation et de suivi

En fin de deuxième journée, présentation des résultats du travail en groupe. Restitution des acquis de la formation par les apprenants présentateurs et évaluations critiques par les autres apprenants.

Un suivi individualisé par des évaluations formatives est assuré. Une attestation de suivi est délivrée à la fin de la formation.



Informations sur l'admission

L'admission à cette formation ne fait l'objet d'aucun examen, test ou sélection préalable ; l'inscription est validée après réception du dossier complet et confirmation par l'organisme de formation.



Informations sur l'accessibilité

Notre organisme s'engage à garantir l'accessibilité de ses formations à distance et en présentiel aux personnes en situation de handicap. Un référent handicap est mobilisable afin d'analyser les besoins spécifiques et de mettre en place, lorsque cela est possible, les adaptations pédagogiques, techniques ou organisationnelles nécessaires.