



2024 - Fréjus

École thématique en bioinformatique Intégrative

Hélène Chiapello, Olivier Sand
& Lucie Khamvongsa-Charbonnier



INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE





A la fin de cette formation les participants :

- auront acquis un socle de connaissances générales en bioinformatique intégrative
- auront identifié et appliqué sur un exemple les méthodes les plus utilisées en bioinformatique intégrative (méthodes de réduction de dimension, approches Réseaux, web sémantique)
- auront mis en œuvre une analyse intégrative depuis la préparation des données jusqu'à l'analyse critique des résultats sur un/des jeux de données

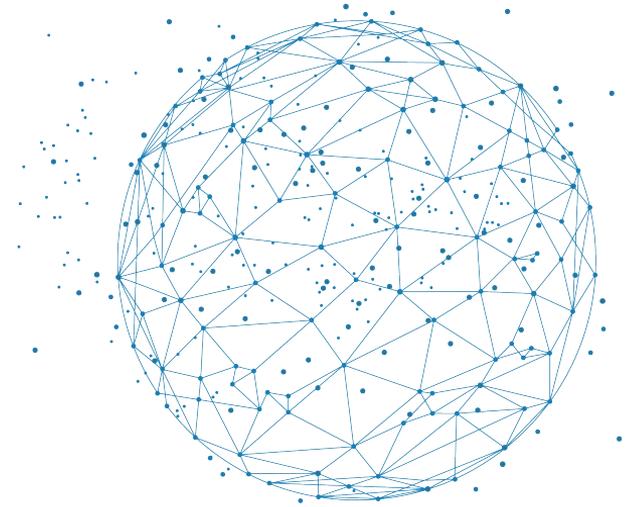


Librement inspiré de : <https://openlifesci.org/code-of-conduct>

- Soyons amicaux et patients. Nous sommes ici entre collègues, demain vous serez (peut-être) formateur
- Soyons accueillant, pas de discrimination d'aucune sorte ici
- Soyons prévenants, respectez le travail des autres
- Soyons respectueux, restons calme et courtois en cas de désaccord
- Essayons de comprendre pourquoi nous ne sommes pas d'accord
- Essayons de résoudre les points de désaccord et divergence de manière constructive
- Par ailleurs l'erreur est humaine... et reproductible (en général)

- **Toutes les questions sont les bienvenues !**

Présentation de l' équipe pédagogique ETBII



Lucie Khamvongsa-Charbonnier

■ ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-1194-0546>

■ Institut :

□ Institut Français de Bioinformatique

■ Équipe / GT:

□ Training (All-star IFB)

□ GT IFB Formation

□ GT IFB e-Formation

■ Ville :

□ Marseille

■ Compétences

□ Analyse single omic (ChIP, ATAC, RNA-seq)

□ Analyse multi-omic

□ Reproductibilité

□ Formation

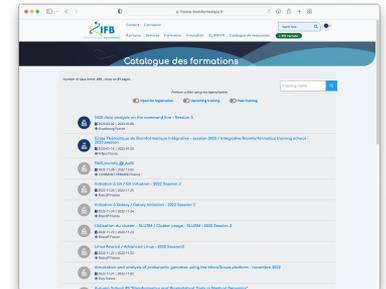
■ Interventions dans ETBII

□ Organisation

□ Techno (Cloud,Cluster)



Science Ouverte et
principes FAIR



Hélène Chiapello

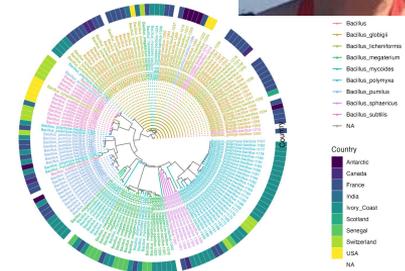


- **ORCID** : <https://orcid.org/0000-0001-5102-0632>
- **Page Web** : <https://cv.hal.science/helene-chiapello>
- **Institut** :
 - INRAE, unité MaIAGE
 - Institut Français de Bioinformatique
- **Équipes / GT** :
 - Equipe INRAE StatInfOmics
 - GT IFB Formation, e-formation
- **Ville** :
 - Jouy-en-Josas
- **Compétences**
 - Génomique et bioinformatique microbienne
 - Phylogénie et phylogénomique
 - Formation
 - Science ouverte, principes FAIR
- **Interventions dans ETBII**
 - Organisation
 - Principes FAIR appliqués au matériel pédagogique

INRAE

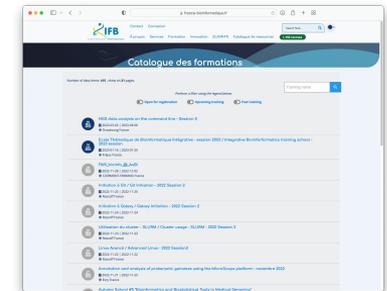


MaIAGE



IFB

INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE

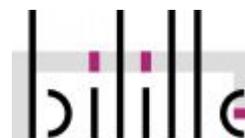


Science Ouverte et
principes FAIR



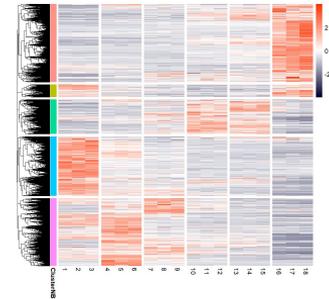
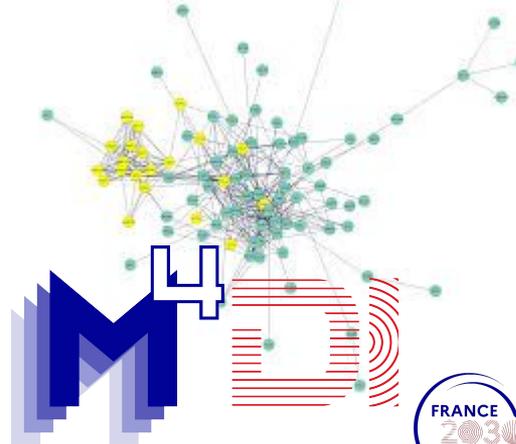
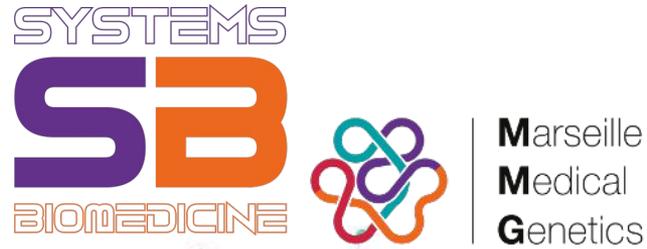


- **ORCID** : <https://orcid.org/0000-0003-1465-1640>
- **Institut** :
 - CNRS / INSB
 - Institut Français de Bioinformatique
- **Équipe** :
 - IFB-core, Bilille
 - Actions IFB: Formation, ELIXIR-FR, Coordination scientifique, prospective & innovation; GT IFB e-formation, API catalogue
 - ELIXIR Training Platform (WP2, 3 & 4), TrCG, FAIR training FG, e-Learning WG, Learning Path FG, TeSS Club, TMD (helpdesk)
- **Ville** :
 - Villeneuve d'Ascq (Lille)
- **Compétences**
 - Analyses NGS (variants, CHIP-seq)
 - Analyses régions régulatrices
 - Formation
- **Interventions dans ETBII**
 - Organisation, intro





- **ORCID** : <https://orcid.org/0000-0002-4090-2573>
- **Page Web** : <https://www.marseille-medical-genetics.org/a-baudot/>
- **Institut** :
 - Marseille Medical Genetics
- **Équipe** :
 - Systems Biomedicine
- **Ville** :
 - Marseille
- **Compétences**
 - Analyse OMICs
 - Intégration de données
 - Développement outils
- **Interventions dans ETBII**
 - Atelier réseaux



Galadriel Brière



- **ORCID** : <https://orcid.org/0000-0003-1808-3759>
- **Page Web** : <https://www.marseille-medical-genetics.org/a-baudot/>
- **Institut** :
 - Marseille Medical Genetics
- **Équipe** :
 - Systems Biomedicine
- **Ville** :
 - Marseille
- **Compétences**
 - Omics data analysis
 - Network inference and analysis
 - Knowledge graphs, embedding
- **Interventions dans ETBII**
 - Atelier réseaux

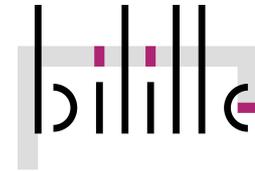


Marseille
Medical
Genetics

SYSTEMS
SB
BIOMEDICINE

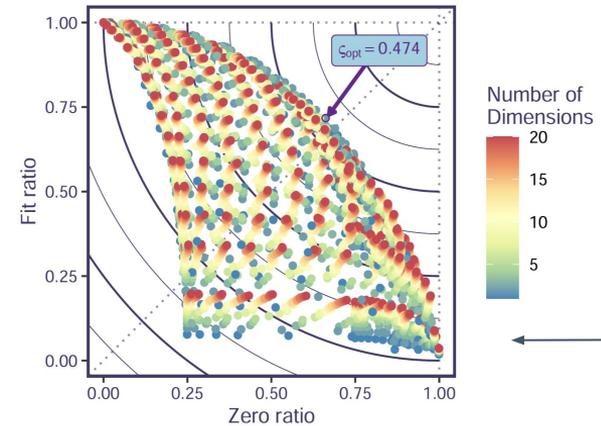


- **ORCID** : <https://orcid.org/0000-0003-0189-0220>
- **Page web** : <https://bilille.univ-lille.fr/>
- **Institut** :
 - UAR 2014 - US 41 Plateformes Lilloises en Biologie & Santé
- **Équipe** :
 - Bilille - Plateforme de bioinformatique et biostatistique
- **Ville** :
 - Lille
- **Compétences**
 - single-omic (transcriptomique, protéomique)
 - intégration de données omiques
- **Interventions dans ETBII**
 - Principes généraux intégration de données omics
 - Atelier “Analyses multivariées”



Vincent Guillemot

- ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-7421-0655>
- Page web : <https://research.pasteur.fr/fr/member/vincent-guillemot/>
- Institut :
 - Institut Pasteur
- Équipe :
 - Hub de Bioinformatique/Biostatistique
- Ville :
 - Paris, FR
- Compétences
 - R, statistiques
 - Intégration de données par des méthodes à composantes
- Interventions dans ETBII
 - Principes généraux intégration de données omics
 - Atelier “Analyses multivariées”





■ Page web :

<https://jacob.cea.fr/drif/francoisjacob/Pages/Departements/CNRGH/EQU/IPES/Maths-et-statistiques.aspx>

■ Institut :

- ❑ Centre National de Recherche en Génomique Humaine (CNRGH)
- ❑ Commissariat à l'Énergie Atomique et aux énergies alternatives (CEA)

■ Équipe :

- ❑ Maths-Stats

■ Ville :

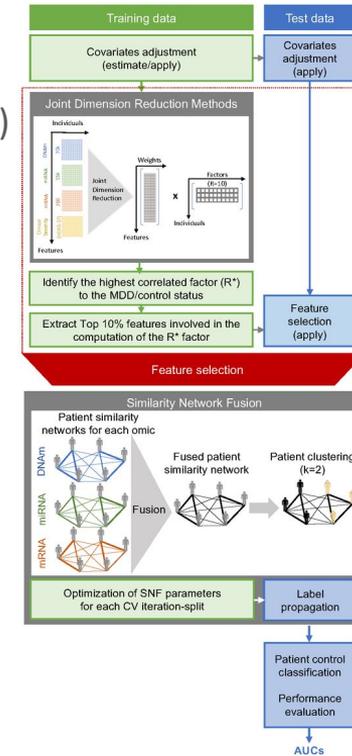
- ❑ Evry

■ Compétences

- ❑ R, statistiques
- ❑ Intégration de données par des méthodes à composantes

■ Interventions dans ETBII

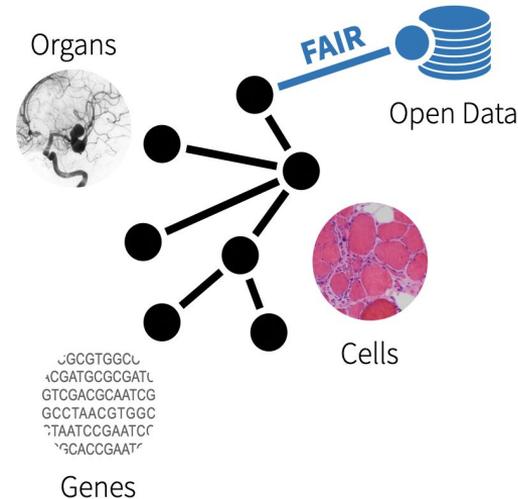
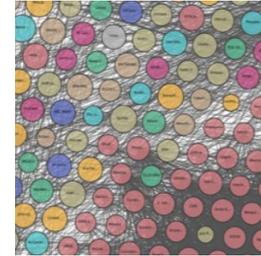
- ❑ Principes généraux intégration de données omics
- ❑ Atelier "Analyses multivariées"



- × 25 CV iteration-splits
 - 5-fold cross-validation
 - Repeated 5 times
- × 8 feature selection strategies
 - 6 JDR methods of the Momix benchmark
 - Differential features
 - No feature selection
- × 7 combinations of omics
 - Each omic alone
 - Each combination of 2 omics
 - All 3 omics
- × 3 cohorts
 - Female
 - Male
 - Pooled male and female

Alban Gaignard

- ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-3597-8557>
- Page Web : <http://albangaignard.github.io>
- Institut :
 - Institut du Thorax
 - LS2N (collaborateur)
- Équipe :
 - équipe génétique
 - Plateforme BiRD
 - IFB - GT interop - GT santé
 - Elixir - Bioschemas
- Ville :
 - Nantes
- Compétences
 - Semantic web / Knowledge graphs
 - Workflows / Provenance
- Interventions dans ETBII
 - Cours / atelier semantic web





- **ORCID** : <https://orcid.org/0000-0001-8959-7189>
- **Page Web** : <https://www-dyliss.irisa.fr/olivier-dameron/>

■ Institut :

- ❑ IRISA Rennes

■ Équipe :

- ❑ DYLISS

■ Ville :

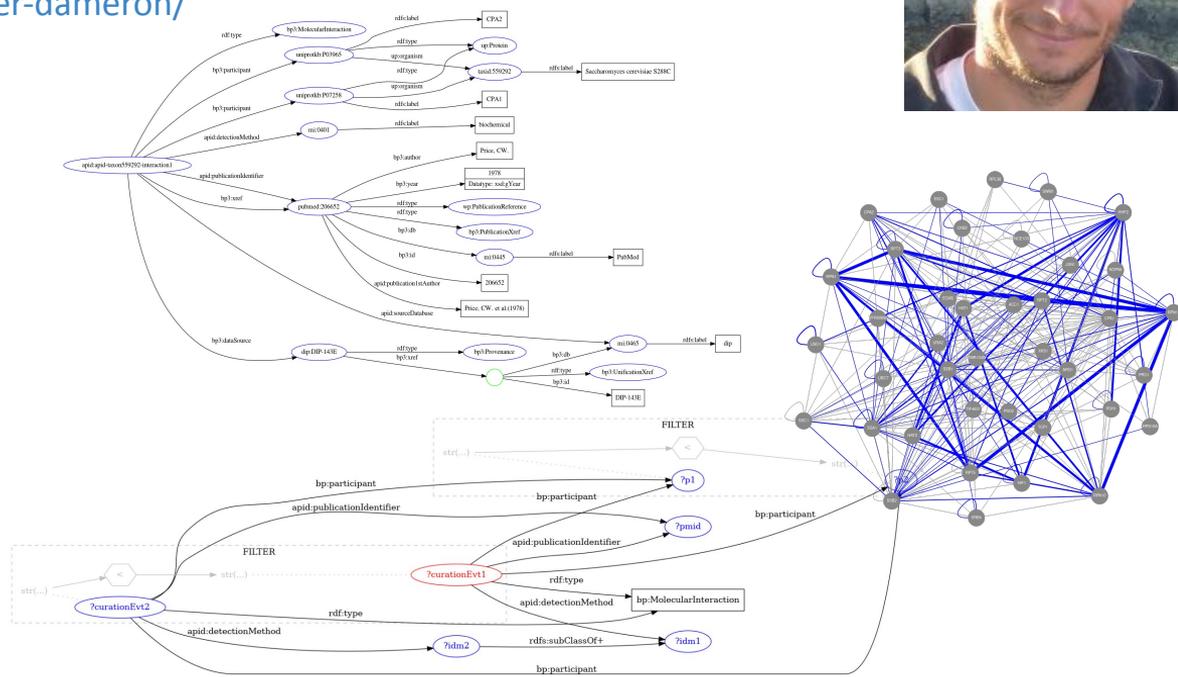
- ❑ Rennes

■ Compétences

- ❑ Life science data integration
- ❑ Knowledge-based reasoning
- ❑ Semantic Web

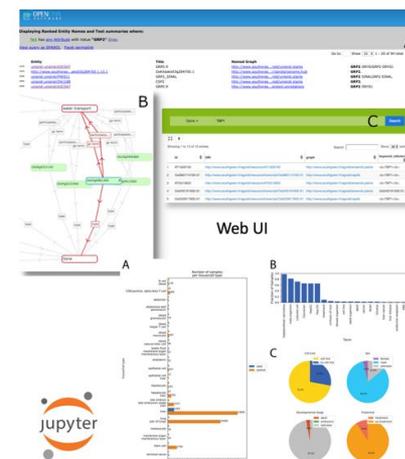
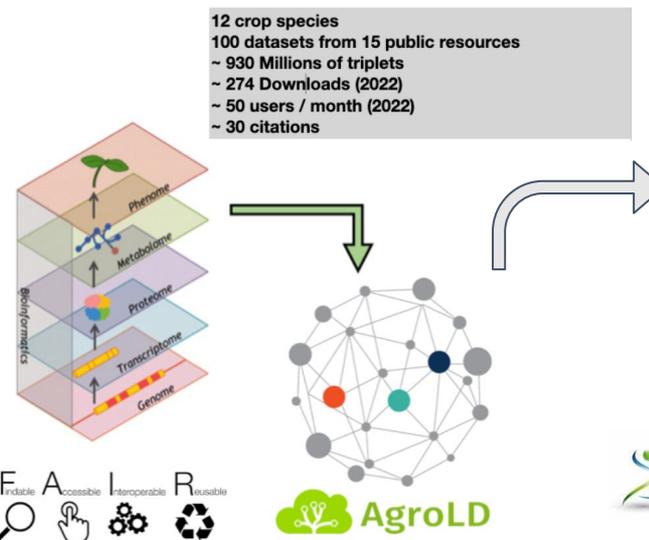
■ Interventions dans ETBII

- ❑ Cours / atelier semantic web

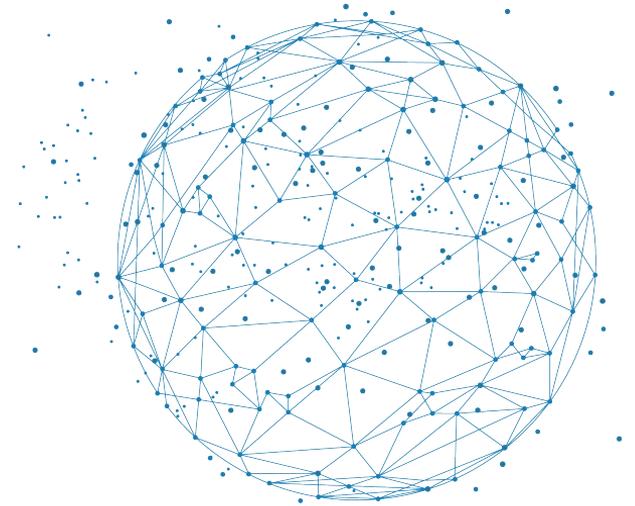


Pierre Larmande

- ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-2923-9790>
- Page web : <https://sites.google.com/site/larmandepierre>
- Institut :
 - IRD - UMR DIADE - Équipe CERES
 - LIRMM (Collaborateur)
- Équipe :
 - Equipe CERES
 - Equipe WEB3
 - SouthGreen Bioinformatic platform
 - i-Trop bioinformatics
- Ville :
 - Montpellier
- Compétences
 - Life sciences data integration
 - Semantic Web & Knowledge graphs
 - NLP
- Interventions dans ETBII
 - Atelier Semantic Web



Présentation des participants ETBII 2024



Manzanilla Vincent

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ IRD/CIRAD, UMR INTERTRYP

■ Organisme étudié :

- ❑ Maladies tropicales négligées: Trypanosomes, Leishmanies, Eco-OneHealth

■ Ville :

- ❑ Montpellier

■ Compétences

- ❑ Amplicon, WGS, RNAseq
- ❑ Métagénomique (bactériome, virome, eukariome)

■ Thèmes de recherche

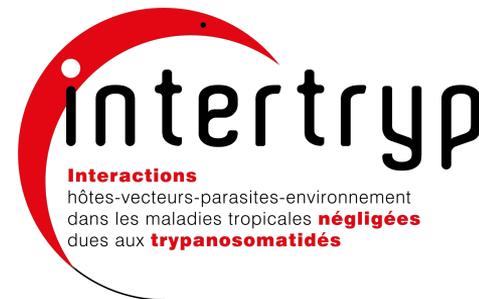
- ❑ Eco OneHealth approach, comprendre l'environnement des maladies parasitaires zoonotiques

■ Attentes par rapport à la formation :

Trouver des solutions pour l'analyse de données multi-omics et 'transkingdom' avec l'intégration de métadonnées hétérogènes. Analyse de réseaux d'interactions complexes.



Institut de Recherche
pour le Développement
FRANCE



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ I2BC (Institut de Biologie Intégrative de la Cellule)

■ Organisme étudié :

- ❑ Bactéries d'intérêt biomédicaux ou biotechnologiques

■ Ville :

- ❑ Gif-sur-Yvette

■ Compétences

- ❑ Capture de la conformation du chromosome (HiC), ChIP, RNA-seq
- ❑ Génomique comparée

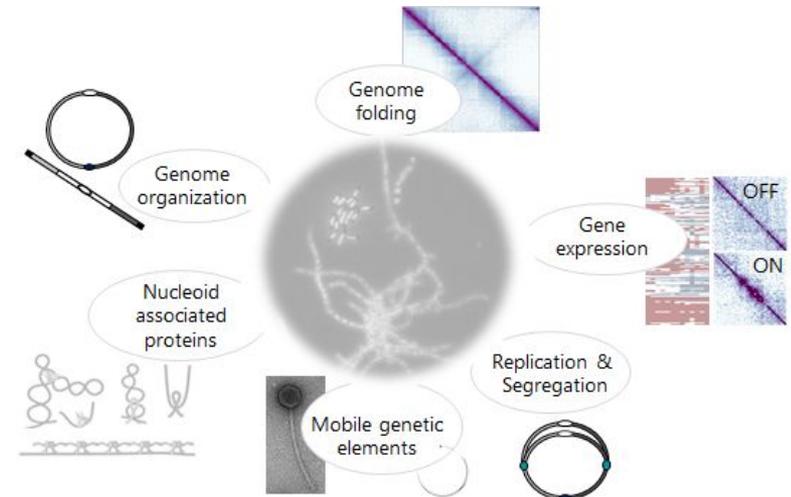
■ Thèmes de recherche

- ❑ Dynamique spatiale et fonctionnelle des génomes bactériens

■ Attentes par rapport à la formation :

Découvrir les approches permettant d'intégrer des données

omiques de nature différentes.



Chica Claudia

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut Pasteur - Hub Bioinformatique et Biostatistique - GORE expertise groupe

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain, souris, bactéries, virus, pathogènes “rares” (e.g. Trypanosoma)

■ Ville :

- ❑ Paris

■ Compétences

- ❑ Bulk RNA-seq, ATAC-seq, CHIP-seq, CUT&RUN, Bisulfite-seq, Fiber-seq
- ❑ Single cell unimodal (ATAC, RNA-seq) and multimodal (MultiOME, CITE-seq)

■ Thèmes de recherche

- ❑ Quantitative regulation
- ❑ Epigenome-mediated cell state modulation: immune response, development

■ Attentes par rapport à la formation :

Se familiariser avec des logiciels pour l'analyse conjointe des données OMIques qui traînent (depuis quelque temps) dans ma TODO list.

Identifier lesquels peuvent être “facilement” utilisés/adaptés au pseudo-bulk.



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Laboratoire d'Immuno_Allergie Alimentaire, INRAE, CEA

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain, Souris

■ Ville :

- ❑ Paris- Saclay

■ Compétences

- ❑ Data Analyst (Python, SQL, MySQL, Knime, Tableau, Power BI...)

■ Thèmes de recherche

- ❑ Etablir le lien de causalité entre exposition aux contaminants chimiques et le développement d'une allergie dans l'enfance

■ Attentes par rapport à la formation :

Découvrir **des différentes approches d'intégration** des données de nature différentes.



Une photo si
vous voulez

- **Institut / Laboratoire :**
 - ❑ INRAE/ GABI/ GeMS; WUR / Animal nutrition group
- **Organisme étudié :**
 - ❑ animaux d'élevage
- **Ville :**
 - ❑ Nantes/ Jouy en Josas / Wageningen (Pays-Bas)
- **Compétences**
 - ❑ Analyse RNA-seq, metabarcoding, metabolomic
 - ❑
- **Thèmes de recherche**
 - ❑ Effet d'un pro- et d'un postbiotique en poulet de chair (thèse)
- **Attentes par rapport à la formation :**

**Obtenir une vision globale des possibilités et rendus possible
des approches d'intégration de données**





■ Institut / Laboratoire :

- ❑ IRD - UMR MIVEGEC:

Maladies Infectieuses et Vecteurs: Ecologie, Génétique Evolution et Contrôle

■ Organisme étudié :

- ❑ Bactéries, Métagénomes

■ Ville :

- ❑ Montpellier

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (génomique, RNA-seq)
- ❑ Métagénomique

■ Thèmes de recherche

- ❑ Circulation de l'antibiorésistance à l'interface homme / animal /environnement
- ❑ Intégration de données génomiques, métagénomiques, et de résistance avec leurs métadonnées associées

■ Attentes par rapport à la formation :

Avoir une meilleure vision des différentes approches d'intégration de données multi-omiques et hétérogènes et pratiquer les méthodes pour pouvoir les utiliser dans mes projets



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut de Recherche en Horticulture et Semences (IRHS)

■ Organisme étudié :

- ❑ Bactéries associées aux plantes (Xylella, Xanthomonas, Pantoea)

■ Ville :

- ❑ Beaucouzé (Angers)

■ Compétences

- ❑ Génomique, génomique comparée
- ❑ Métagénomique amplicon / shotgun

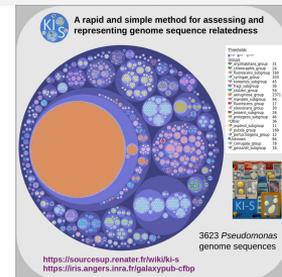


■ Thèmes de recherche

- ❑ Transmission des bactéries par les semences
- ❑ Taxonomie

■ Attentes par rapport à la formation :

Pouvoir intégrer des données multi-omiques et de phénotypage



DESCORPS DECLERE Stéphane

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut Pasteur, Hub de bioinformatique et biostatistiques

■ Organisme étudié :

- ❑ vertébrés, levures, bactéries, virus

■ Ville :

- ❑ Paris

■ Compétences

- ❑ Bulk RNA-seq, métagénomique
- ❑ Génomique comparative, évolution
- ❑ Base de données

■ Thèmes de recherche

- ❑ Répétitions en tandem & tandem repeats disorder
- ❑ Emergence de pathogènes, toxine bactérienne

■ Attentes par rapport à la formation :

De nouvelles approches pour croiser des jeux de données hétérogènes.



Pujos Etienne

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Toulouse Biotechnology Institute - équipe Symbiose

■ Organisme étudié :

- ❑ consortium bactérien

■ Ville :

- ❑ Toulouse

■ Compétences

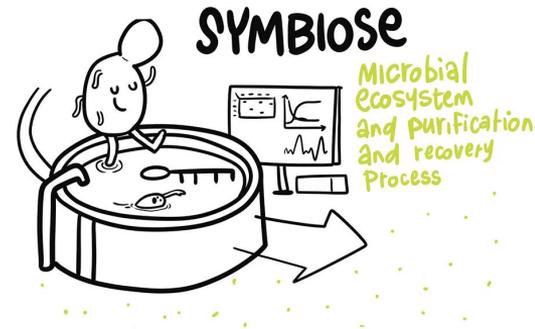
- ❑ Analyse de données metabarcoding

■ Thèmes de recherche

- ❑ Ingénierie de communautés microbienne
- ❑ Digestion de la lignocellulose

■ Attentes par rapport à la formation :

Avoir un premier aperçu des différents aspects de la bioinformatique intégrative et de leur potentiel



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Laboratoire Infection et Inflammation chronique (2I)
Université Paris-Saclay-UVSQ (UMR1173)

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain

■ Ville :

- ❑ Versailles - SQY

■ Compétences

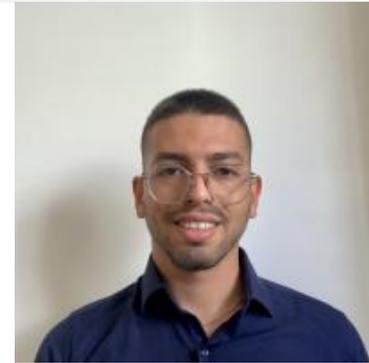
- ❑ Analyse de données single omics (génomique, transcriptomique, protéomique)
- ❑ Analyses post-génomiques (GWAS, system biology..)

■ Thèmes de recherche

- ❑ Maladies multifactorielle (Sepsis)
- ❑ Médecine de précision (Facteurs génétiques permettant d'identifier des groupes de patients pour mieux les traiter)

■ Attentes par rapport à la formation :

Apprendre à utiliser les outils d'intégration multi-omiques et être capable de les appliquer



2i
Infection et
Inflammation



Charles Mathieu

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ INRAE GABI / Sigenae

■ Organisme étudié :

- ❑ Animaux d'élevage (vache, poulet, truite ...)

■ Ville :

- ❑ Jouy-en-Josas / Toulouse

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (DNA-seq, RNA-seq, ATAC-seq,...)
- ❑ Annotation fonctionnelle

■ Thèmes de recherche

- ❑ Appui à l'analyse de données omiques
- ❑ Evolution et adaptation de génomes

■ Attentes par rapport à la formation :

Avoir un aperçu des méthodes d'intégration de données



INRAE



Breton Catherine

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Biodiversity International - CIRAD SouthGreen

■ Organisme étudié :

- ❑ Musa species and subspecies

■ Ville :

- ❑ Montpellier

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (ChIP, ATAC, RNA-seq)
- ❑ Whole Genome, RNAseq , GBS seq, RAD seq, DarTseq, Metagenomique,
- ❑ Others Markers, RFLP, SSR, RAPD, AFLP
- ❑ Morphometric, phenotypic traits

■ Thèmes de recherche

- ❑ Genomic des population, évolution
- ❑ Climatic adaptation

■ Attentes par rapport à la formation :

Etre capable d'intégrer différents type de données.



Legendre Rachel



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut Pasteur, Hub de bioinformatique et biostatistiques

■ Organisme étudié :

- ❑ Souris, humain, virus, bactéries, champignons...

■ Ville :

- ❑ Paris

■ Compétences

- ❑ Analyse bulk omic (RNA, CHIP, ATAC, CUT&RUN, FiberSeq, RiboSeq)
- ❑ Analyse single omic (RNAseq, ATACseq)

■ Thèmes de recherche

- ❑ Régulation de l'expression
- ❑ Interaction ligand-récepteur

■ Attentes par rapport à la formation :

Avoir une vision globale des approches d'intégration, et mieux les appréhender afin de les utiliser dans mes différents projets



**INSTITUT
PASTEUR**





■ Institut / Laboratoire :

- ❑ CNRS - Institut des Sciences de l'Évolution - Plateforme MBB

■ Organisme étudié :

- ❑ Animaux, Plantes, Micro-organismes

■ Ville :

- ❑ Montpellier

■ Compétences

- ❑ Analyse de données meta-(génomique, transcriptomique, barcoding)
- ❑ Analyse de données à l'échelle de l'individu (WGS, RADseq, RNAseq)

■ Thèmes de recherche

- ❑ Appuie à la recherche dans l'analyse de données NGS en écologie et évolution.

■ Attentes par rapport à la formation :

Comprendre et savoir appliquer les modèles et méthodes d'intégration de données -omiques et métadonnées.

Prendre connaissance d'outils/packages python pour ce type d'analyse serait un plus.



■ Institut / Laboratoire :

- IRISA

■ Organisme étudié :

- Humain

■ Ville :

- Rennes

■ Compétences

- RDF/SPARQL et Web sémantique
- Réseaux biologiques

■ Thèmes de recherche

- Génération de vues contextuelles sur des graphes de connaissances
- Format BioPAX et bases de données de pathways

■ Attentes par rapport à la formation :

Découvrir de nouvelles méthodes d'intégration de données biologiques pour potentiellement les appliquer pendant ma thèse





■ Institut / Laboratoire :

- IRISA

■ Organisme étudié :

- Hyposoter didymator (guêpe parasitoïde)

■ Ville :

- Rennes

■ Compétences

- SPARQL/RDF
- Analyses statistiques de données de transcriptomique

■ Thèmes de recherche

- Le web sémantique comme solution pour l'intégration et le requêtage de données multi-omiques
- > cas d'application aux interactions entre le génome d'une guêpe et d'un virus endogène

■ Attentes par rapport à la formation :

Voir différentes méthodes d'intégration de données omiques qui pourraient m'être utiles pour ma thèse



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Insitut Curie

■ Organisme étudié :

- ❑ Souris, Humain

■ Ville :

- ❑ Paris

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (ChIP, ATAC, RNA-seq)
- ❑ Barcoding

■ Thèmes de recherche

- ❑ Étude de l'hématopoïèse post-stress (chimiothérapie, infections...)

■ Attentes par rapport à la formation :

???????





■ Institut / Laboratoire :

- ❑ IJPB - INRAe - Centre de Versailles

■ Organismes étudiés :

- ❑ Plantes : **Arabidopsis**, Le pois, la mousse (1n), **Camelina** (hexaploide), Colza (allotetraploid), ...

■ Ville :

- ❑ Versailles

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic : bulk-RNAseq, proteomics, metabolomics
- ❑ Analyse de variations génomiques (WGS, pacBio, amplicon...)

■ Thèmes de recherche

- ❑ Appui aux équipes de recherche de l'unité
- ❑ Etude de la biologie des graines chez *Camelina sativa* (intégration des données, RNaseq, protéomique, métabolomique, et connaissances biologiques)

■ Attentes par rapport à la formation :

- ❑ Avoir une vision globale des approches d'intégration
- ❑ Choisir la bonne approche en fonction de la problématique bio
- ❑ Intégrer la connaissance bio *a priori*





■ Institut / Laboratoire :

- ❑ CNRS / Ecologie Microbienne Lyon

■ Organisme étudié :

- ❑ micro-organismes

■ Ville :

- ❑ Lyon

■ Compétences

- ❑ Whole genome, génomique comparative, phylogénomique
- ❑ analyse meta[barcoding, transcriptomique, bolomique, génomique]
- ❑ statistique

■ Thèmes de recherche

- ❑ Appui à la recherche : analyse de données

■ Attentes par rapport à la formation :

- ❑ Présentations des méthodes d'intégrations de différentes sources de données, de leurs possibilités et de leurs limites.



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut des Sciences de Plantes de Paris-Saclay (IPS2)

■ Organisme étudié :

- ❑ Cucumis Melo, Solanum lycopersicum

■ Ville :

- ❑ Gif-Sur-Yvette

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (ChIP, ATAC, RNA-seq, snRNA-Seq)
- ❑ Analyse de variations structurales

■ Thèmes de recherche

- ❑ Déterminisme du sexe chez le Melon
- ❑ Développement des trichomes

■ Attentes par rapport à la formation :

Connaître les méthodes existantes pour l'intégration des données. Savoir si je peux tirer quelque chose de 10 ans de recherche.



■ Institut / Laboratoire :

- IRMAR (Rennes)
- TIMC (Grenoble)

■ Organisme étudié :

- Humain

■ Ville :

- Rennes

■ Compétences

- Déconvolution cellulaire supervisée (RNA-seq, DNAm)
- Statistiques

■ Thèmes de recherche

- Inférence statistique multi-omique pour l'hétérogénéité cellulaire
- Statistiques en grandes dimensions

■ Attentes par rapport à la formation :

Mieux comprendre la déconvolution cellulaire non supervisée, la structure en réseau des gènes et trouver de nouveaux jeux de données pour tester ma méthode.





■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Centre de Recherche en Cancérologie de Marseille (CRCM)
- ❑ Action Structurante Met'Connect

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain et souris

■ Ville :

- ❑ Marseille

■ Compétences

- ❑ Analyse single-omic (RNA-seq, Protéomique, Métabolomique, Lipidomique)
- ❑ Métagénomique

■ Thèmes de recherche

- ❑ Analyses de données bio-informatiques
- ❑ Métabolisme tumoral

■ Attentes par rapport à la formation :

- ❑ Savoir intégrer différentes omics
- ❑ Comment considérer/analyser ces données



MET'CONNECT

CRCM

Centre de Recherche
en Cancérologie de Marseille

Guilmineau Camille

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ INRAE - LBE (Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement)

■ Organisme étudié :

- ❑ Photogranules (agrégats de micro-organismes)

■ Ville :

- ❑ Narbonne

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic : métabolomique (RMN)
- ❑ Analyses statistiques

■ Thèmes de recherche

- ❑ Modèles statistiques pour l'analyse et l'intégration de données omiques longitudinales

■ Attentes par rapport à la formation :

Mieux connaître les méthodes d'intégration de données, qui sera le sujet de la 2e partie de ma thèse.



INRAE



Guyomar Cervin

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ INRAE / UMR GenPhySE + plate-forme Sigenae

■ Organisme étudié :

- ❑ Animaux d'élevage

■ Ville :

- ❑ Toulouse

■ Compétences

- ❑ Analyse de données omiques (RNAseq, smallRNAseq, ATACseq...)
- ❑ Développement logiciel (pipelines...)

■ Thèmes de recherche

- ❑ Annotation fonctionnelle des génomes
- ❑ Régulation de l'expression

■ Attentes par rapport à la formation :

Tour d'horizon des méthodes d'intégration de données omiques pour les appliquer à mes questions de recherche



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut Français de Bioinformatique (CNRS)

■ Organisme étudié :

- ❑ *E. coli* K-12, humain (dans une vie antérieure)

■ Ville :

- ❑ Marseille

■ Compétences :

- ❑ Analyse single omic (ChIP-seq, RNA-seq)
- ❑ Intégration de données transcriptome + interactome

■ Thèmes de recherche :

- ❑ Analyse de la régulation transcriptionnelle chez *E. coli* K-12 (PhD 2022)
- ❑ Ontologie EDAM, web sémantique, FAIR science (current)

■ Attentes par rapport à la formation :

- ❑ Méthodes d'intégration de données
- ❑ Web sémantique



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut Pasteur, Hub de Bioinformatique et Biostatistiques

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain, souris, poulet

■ Ville :

- ❑ Paris

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (RNA-seq, short read et long-reads)
- ❑ Analyses single-cell (RNA-seq, CITE-seq...)

■ Thèmes de recherche

- ❑ Intégration de données multi-omiques, GSEA
- ❑ Ré-annotation de génome à partir de données long-reads

■ Attentes par rapport à la formation :

Mieux comprendre les différentes approches de l'intégration de données multi-omiques, et surtout mieux appréhender les biais qui sont liés à chacune de ces approches



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ INRAE / UMR1282 Infectiologie Santé Publique / Equipe Microbiote Monogastriques
Salmonella

■ Organisme étudié :

- ❑ Poulet, porc (microbiote intestinal)

■ Ville :

- ❑ Tours

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (RNA-seq)
- ❑ Metabarcoding, métagénomique shotgun

■ Thèmes de recherche

- ❑ Rôle du microbiote dans phénotypes d'excrétion de *Salmonella*

■ Attentes par rapport à la formation :

- ❑ Approches réseaux
- ❑ Intégration de données omiques



INRAE

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut des Sciences de Plantes de Paris-Saclay (IPS2)

Une photo si
vous voulez

■ Organisme étudié :

- ❑ Plantes exclusivement (Cucurbitacées, Solanacées principalement)

■ Ville :

- ❑ Gif-sur-yvette

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (ChIP, ATAC, RNA-seq, HiC)
- ❑ Assemblage et annotation de génomes

Logo
labo/équipe/institut
et/autre si vous voulez

■ Thèmes de recherche

- ❑ Plateau de service bioinformatique
- ❑ (ex : déterminisme du sexe, vigueur hybrid...)

■ Attentes par rapport à la formation :

Acquérir les méthodes et outils nécessaires pour aller plus loin dans l'exploitation des différents jeux de données omics.



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ INRAE / UMR 1313 GABI Équipe GUPPIE / UMR 0892 VIM Équipe IIP

■ Organisme étudié :

- ❑ Truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*)
- ❑ Saumon chinook (*Oncorhynchus tshawytscha*)

■ Ville :

- ❑ Jouy-en-Josas

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (DNA-seq, ATAC-seq, RNA-seq)
- ❑ Validation fonctionnelle / Édition de génome

■ Thèmes de recherche

- ❑ Résistance aux maladies infectieuses (SHV/Flavo)

■ Attentes par rapport à la formation :

Acquérir des compétences en intégration de données multiomics

UNIVERSITÉ PARIS-SACLAY

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut Pasteur, Hub de bioinformatique et biostatistiques

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain, souris, singe, virus, bactéries

■ Ville :

- ❑ Paris

■ Compétences

- ❑ Analyse single omic (RNA-seq bulk, protéomique, métabolomique), analyse multimodal (CITEseq)
- ❑ Functional enrichment analysis

■ Thèmes de recherche

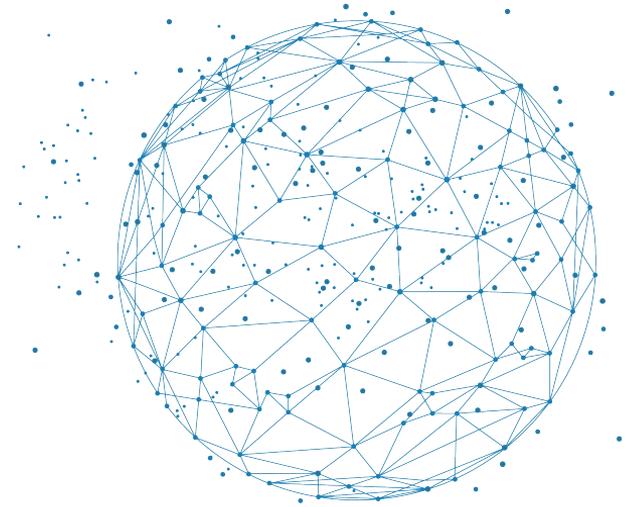
- ❑ Maladies (e.g. autoimmunes), virus(e.g. hémorragiques, covid)
- ❑ Vaccins

■ Attentes par rapport à la formation :

Broaden my understanding of integrative approaches suitable for *real* OMICs data; traps, tricks, the works



Planning et informations pratiques





dimanche 24/03	lundi 25/03	mardi 26/03	mercredi 27/03	jeudi 28/03	vendredi 29/03
	9h-10h30 (1h30) Intro et présentation des intervenants et de la logistique	9h-10h30 (1h30) TP analyses multivariées	9h-10h30 (1h30) TP réseaux	9h-10h30 (1h30) TP web sémantique	9h-10h30 (1h30) Restitution des sous-groupes en plénière & discussions
	10h30-11h Pause café	10h30-11h Pause café	10h30-11h Pause café	10h30-11h Pause café	10h30-11h Pause café
	11h-12h30 (1h30) Présentation des concepts généraux	11h-12h30 (1h30) TP analyses multivariées	11h-11h45 Questionnaire mi-parcours + échange avec participant	11h-12h30 (1h30) Travail en sous groupe en autonomie	11h-12h (1h) Restitution des sous-groupes en plénière & discussions
	12h30-14h (1h30) Déjeuner	12h30-14h (1h30) Déjeuner	12h30-14h (1h30) Déjeuner		
	14h-15h30 (1h30) La bioinformatique intégrative et l'IFB + présentation IFB cluster/cloud + présentation des jeux de données à choisir	14h-15h30 (1h30) Théorie réseaux	14h-15h30 (1h30)T Théorie web sémantique	12h-16h30 Promenade + pique nique	12h-12h30 (30 min) Evaluation de l'école et retours des participants - Fin de l'école + panier-repas
	15h30-16h Pause café	15h30-16h Pause café	15h30-16h Pause café		
	16h-17h30 (1h30) Théorie analyses multivariées	16h-17h30 (1h30) TP réseaux	16h-17h30 (1h30) TP web sémantique	17-18h30 (1h30) Travail en sous groupe en autonomie	
18h00-18h30 (30min) Présentation technique & tests					
Apéritif + Dîner	Dîner	Dîner	Dîner	Dîner de gala	



Les petits-déjeuners de 8h

Les déjeuners à partir de 12h30

Les dîners de 19h30 à 20h30

Jeudi soir dîner de gala

Vendredi:

1. Il faut libérer les chambres pour 10h
2. un local sera disponible pour stocker les bagages
3. les plateaux repas seront disponibles à partir de 12h dans la salle de restauration



INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE

