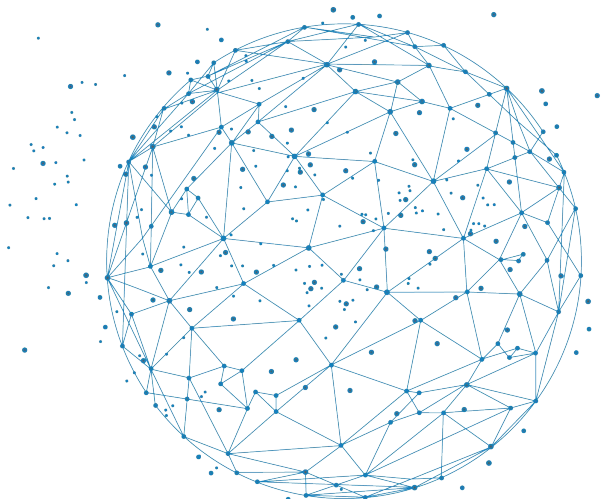




2026 - Fréjus

École thématique en bioinformatique Intégrative

Lucie Khamvongsa-Charbonnier &
Jacques van Helden





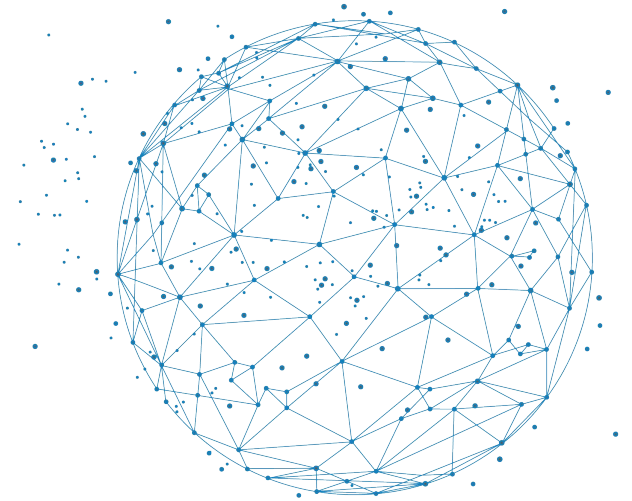
L'écran de la salle est petit

Si vous n'arrivez pas à lire la ligne rouge qui précède, connectez-vous ici
visio.numerique.gouv.fr/ifb-etbi-imo



- Moodle ETBII
 - <https://moodle.france-bioinformatique.fr/course/view.php?id=45>
- Messagerie instant Tchap
 - tchap.gouv.fr
- Visio
 - visio.numerique.gouv.fr/ifb-etbi-imo
- Contact
 - etbii-contact@groupe.france-bioinformatique.fr
- OnDemand IFB
 - <https://ondemand.cluster.france-bioinformatique.fr/>

Présentation de l'IFB

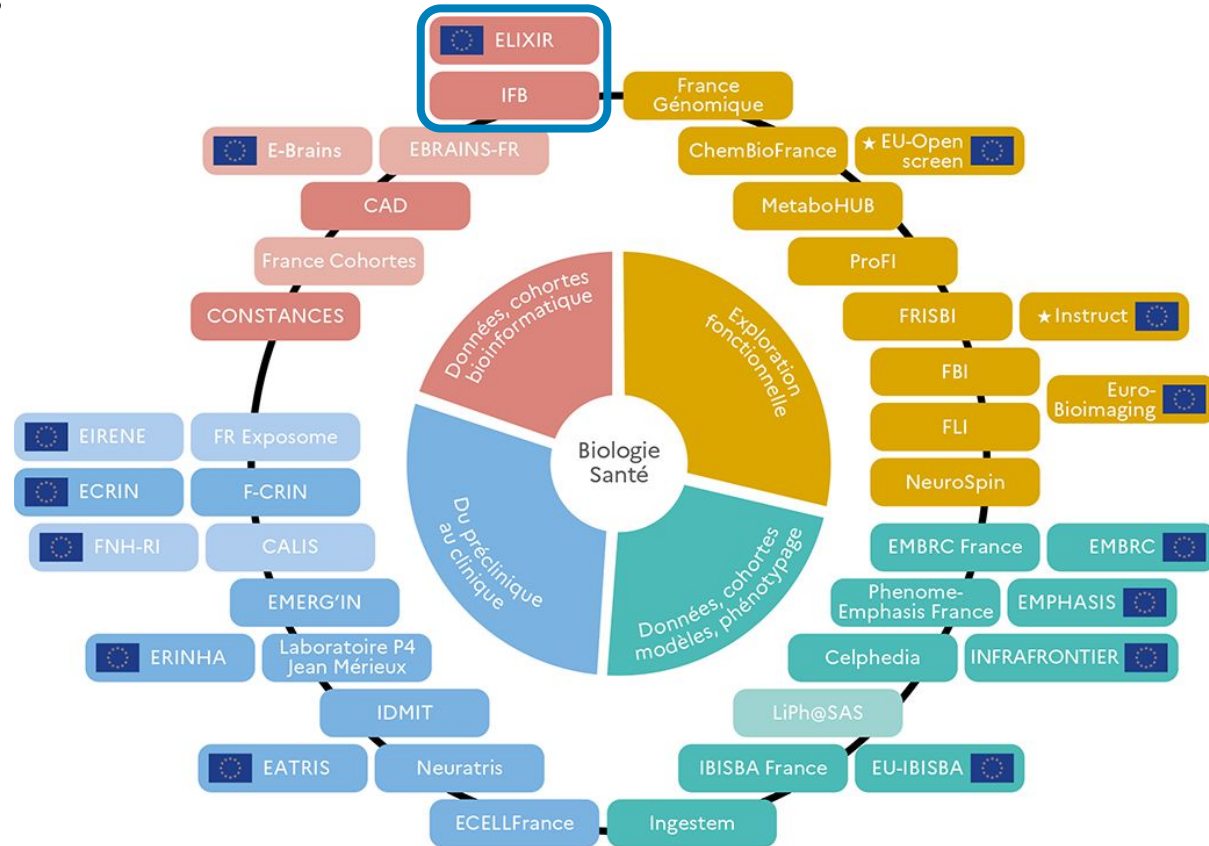


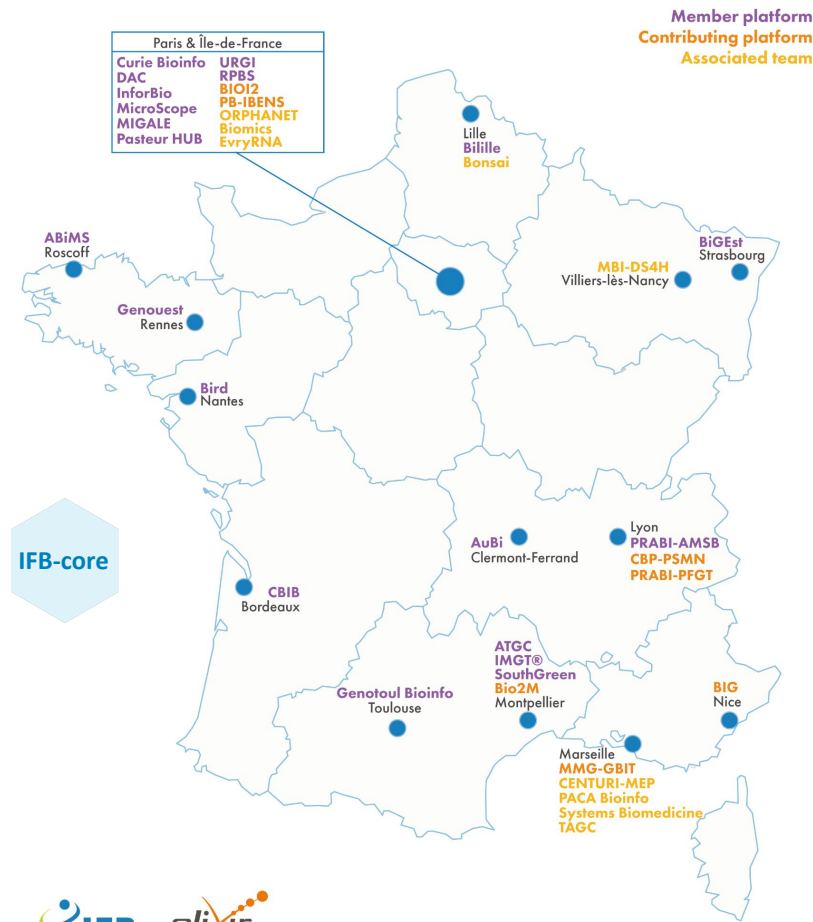
L'IFB/ELIXIR-FR, une Infrastructure Nationale en Biologie Santé (INBS)



Depuis 2012, le gouvernement français a investi dans le déploiement d'infrastructures nationales de recherche

- l'IFB/ELIXIR-FR est une **Infrastructure Nationale de Biologie-Santé (INBS)**
- 2022 - Attribution du rôle de **Centre de référence thématique biologie-santé (CRT)** dans l'écosystème Recherche Data Gouv





Une infrastructure distribuée sur toute la France métropolitaine

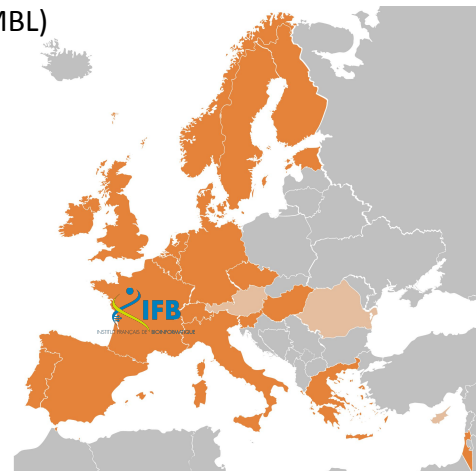
- 20 plateformes membres
- 7 plateformes contributrices
- 8 équipes associées
- 1 unité de coordination (IFB-core)

Une intégration dans l'Europe

- Nœud français d'ELIXIR Europe
- Point d'entrée pour les projets européens

ELIXIR, ESFRI de bioinformatique

- elixir-europe.org
- 24 noeuds nationaux
- 1 noeud international (EMBL)
- ELIXIR-Hub: coordination



Actions socles et transversales de l'IFB

M1. Infrastructure numérique

- National Network of Computing Resources (NNCR)
- Two computing modalities: **cluster + cloud**
- Data protection (GDPR)

15 Po storage
28 K CPUs

M2. Outils logiciels

- **Development** of specialized software
- **Packaging** (conda)
- **Virtualization** (appliances, containers)
- **Best practices** of software engineering
- **Collaborative development, open code**

Deployed:
744 software tools
+ 444 R packages

T3. Orientation et accompagnement

- A single entry point for all the IFB services and platforms
- Support from the conception to the publication
- Data management plans (DMP)
- Conception and implementation of **workflows**
- **Data science**

>400 experts
~180 FTE

9115 users
310 collaborative projects

   
Equipes IFB-core
Task forces mutualisées
Groupes de travail IFB



M3. Ressources de données

- Development and curation of databases/knowledge bases
- Quality standards
- Deployment of databases developed by French teams

M4. Formation

- **Thematic schools** (NGS, multi-omics, phylogeny, biostat, programming, workflows...)
- **Bring Your Own Data** (BYOD) format
- Webinars, MOOC
- Open science: **FAIR-data** and **FAIR-bioinfo** training
- Adaptation to the evolution of the needs

2022 KPIs
136 training sessions
2326 trainees
341 days of training

T2. Données des infrastructures nationales de biologie-santé (INBS)

- Integrative bioinformatics
- Data management (specifications, entity DMPs,...)
- Business models, pricing and invoicing strategies
- Institutional structuration (sharing problems and solutions)

T1. Science ouverte et interopérabilité

- Data management
- Interoperability, standards, ontologies...
- Data brokering (user support to deposit data in repositories)
- Machine-actionable Data Management Plans (maDMPs)
- Collaboration with data-producing national infrastructures

- Les communautés IFB visent à assurer l'adéquation des R&D et services avec les besoins des différents domaines de la biologie.
- **Synergie** entre les communautés nationales (IFB/ELIXIR-FR) et internationales (ELIXIR)
- **Stimuler l'engagement** dans des projets orientés vers ces domaines
- Défi : passer à l'échelle pour répondre à la demande croissante provenant des organismes de recherche français, et des programmes européens : health (+), microbes (+/-), plants (+/-)

C1. Health



PFMG 2025 TRE prototyping
(2022-2023)

PEPR Santé Numérique

NeuroVasc
(BIRD, Nantes)



ABRomics
ANTIBIORESISTANCE



Cloud4SAMS

Secured computing spaces for microbiome and health data

EMERGEN (2021-2024)

Galaxy-BioProd

C4. Microbiology MUDIS4LS
Mutualised Digital Spaces for FAIR Data in Life and Health Sciences

MUDIS4LS C3. Biodiversity
Mutualised Digital Spaces for FAIR Data in Life and Health Sciences

BYTE-Sea (PEPR AtlaSea)



IFB
FRANCOIS-BIOINFORMATIQUE
Pillar and
transversal actions
Services,
R&D and training



AgroDiv
(PlantBioinfo-PR, Versailles)

MUDIS4LS C2. Agriculture
Mutualised Digital Spaces for FAIR Data in Life and Health Sciences

- **ELIXIR Platforms** : développent la vision technique et coordonnent des activités concertées dans certains domaines techniques
- **ELIXIR Communities** : représentent une thématique scientifique ou technologique, pilotent le développement de standards, services et formations au sein d'ELIXIR et au-delà
- **Un réseau étendu**, et un mécanisme pour stimuler les collaborations sur le long terme avec d'autres ESFRIs ou initiative à grande échelle, **point d'entrée dans les projets financés par l'Europe**



Technology

Platforms

ELIXIR Platforms bring together experts from Nodes to develop ELIXIR's technical vision and coordinate activities in defined technical areas. There are five Platforms: Data, Tools, Interoperability, Compute and Training.



Tools Platform

Helps researchers find the best software tools to analyse their data.



Interoperability Platform

Develops and encourages the adoption of standards to describe life science data.



Data Platform

Aims to identify key data resources across Europe and support the linkages between data and literature.



Compute Platform

Develops services to make it easier to store, share and analyse large datasets.



Training Platform

Helps scientists and developers find the training they need, and also provides that training.



Science

Communities



3D-Bioinfo



Biodiversity

NEW



Food and nutrition



Galaxy



Intrinsically Disordered Proteins



Marine Metagenomics
Eric Pelletier



NEW



Metabolomics



Microbial Biotechnology



Plant Sciences



Cyril Pommier



Proteomics

NEW



Single-Cell Omics



Systems Biology

NEW

NEW



Toxicology



Karine Audouze



Research Data Management

NEW

Human Data Communities



Federated Human Data



Human Copy Number Variation



Antonio Rausell



Rare diseases



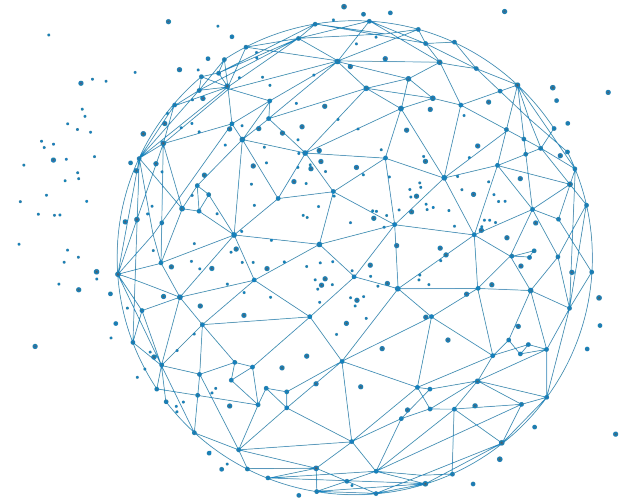
Cancer Data (focus group)
Macha Nikolski

NEW



L'action-socle

Formation de l'IFB





Design and deliver trainings in bioinformatics

- Address **new needs** of communities: biology, health, agronomy, environment AND bioinformaticians
- **Complementing the training offered by regional platforms**
- **Partnership with other IFB missions and R&D projects**

Federate a network of trainers at IFB

- Animation of a network of IFB trainers
- Involvement of IFB platforms in new trainings

Promote good practices in training

- FAIR training materials
- Training for trainers

Create shared and innovative training resources

- Design pedagogical content
- Develop online training
- Shared resources for IFB trainers

Ensure involvement in the ELIXIR training platform and its activities



Co-leads
H el ene Chiapello &
Olivier Sand (ELIXIR-FR training coordinator)



Lucie Khamvongsa-Charbonnier



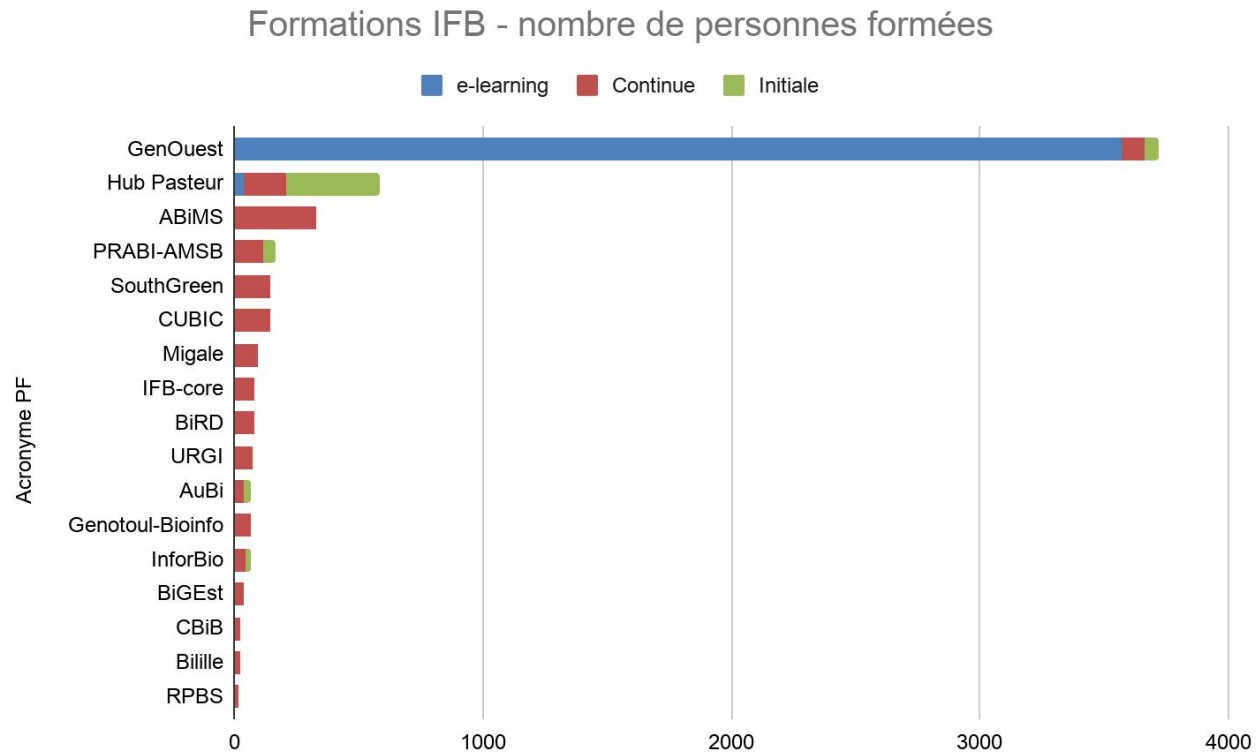
National activities

- **Trainings provided under different formats to best address the diversity of training needs**
 - **Schools** for researchers in collaboration with research institutes: EB3I (NGS), sc, ETBII
 - **University Diploma** in collaboration with Université Paris Diderot (2019-2021): **DUBii**
 - **Trainings** for capacity building on FAIR DM and Reproducible analysis: FAIR data and FAIR bioinfo
 - **E-trainings** (*in progress*)
- **Common training resources**
 - IFB's training catalog synchronized with TeSS
 - Management of the trainings and training materials: Moodle, IFB's GITlab

International activities

- Contribution to ELIXIR Training Platform and **FAIR Training Focus Group** transversal activities
 - Training Coordinators Group
 - Best practices, FAIRification of the training material: Manuel FAIR Training
 - Improvement of the discoverability and interoperability of training resources registered in TeSS
 - Train-the-Trainer
- “Integrative bioinformatics summer school” organized **in collaboration with ELIXIR-CH** (CAES d’Aussois, FR, sept 2023)

Trainings	2021	2022	2023	2024	2026
Total number of training events	176	161	132	92	133
Nb of trainees for training events	2240	2486	2096	1439	2153
e-learning: nb trainees	1376	2400	3321	2829	3574
Total trainees	3616	4886	5417	4268	5727
Satisfaction rate	93%	92%	96%	98	95





Innovative topics

- Artificial Intelligence (AI) for Life and Health Sciences
- Integrative Bioinformatics
- Single-cell, long-reads
- Sensitive data management



Applied Bioinformatics

- (Meta)genomics
- (Meta)transcriptomics
- Genome assembly and annotation



Core skills (foundations)

- Unix, Python, R
- Data management

Capacity Building

- > Promote partnerships between trainers
- > Shared/FAIR training materials
- > Train the Trainers

Training strategy

- Workshops/hackathons with research teams
- Project based learning



- Thematic schools
- On site training sessions
- Hybrid training sessions



- Massive learning
- E-learning

- Resources for trainers & trainees
 - **Catalog** of trainings
👉 <https://www.ifb-elixir.fr/formations/je-cherche-une-formation/>
 - **Toolbox** for trainers of IFB platforms and training material delivery
👉 Moodle@IFB : moodle.france-bioinformatique.fr/
👉 Forms for inscriptions and evaluations <https://framaforms.org/abc/fr/>
 - **Galaxy** Training Infrastructure as a Service (TlaaS) 👉
<https://usegalaxy.fr/>
 - **GitHub/Lab** for collaborative training design and development
- Innovative training resources and approaches
 - **Technological watch** on e-learning environments
 - **Partnership with e-learning platforms**: sandbox.bio (Unix e-Learning modules), Doranum
 - **Promotion of hands-on training** with real-world datasets and scripts



UseGalaxy.fr - Training Infrastructure as a Service



We are proud to provide Training Infrastructure as a Service (TlaaS) for the Galaxy training community.
You provide the training, we provide the infrastructure and cover all costs.



Continue development of training in recent topics in bioinformatics

- High need in AI and ML
- Data management: data brokering, sensitive data management

Promote innovative resources and actions

- Develop e-learning resources
- Organize hackathons
- Design learning paths
- Deliver Certification via Open Badges

Develop collaborations with IFB services, R&D projects

- To promote IFB new tools and services
- To share novel methods and workflows and enhance community-wide capabilities



Metadata And Data Brokering Online Tool

FAIR-checker



Open Badges

- Badge Criteria
- Badge Description
- Alignment
- Evidence
- Skills
- Recipient
- Issuer
- Issue Date
- Expiration Date
- Electronically Signed



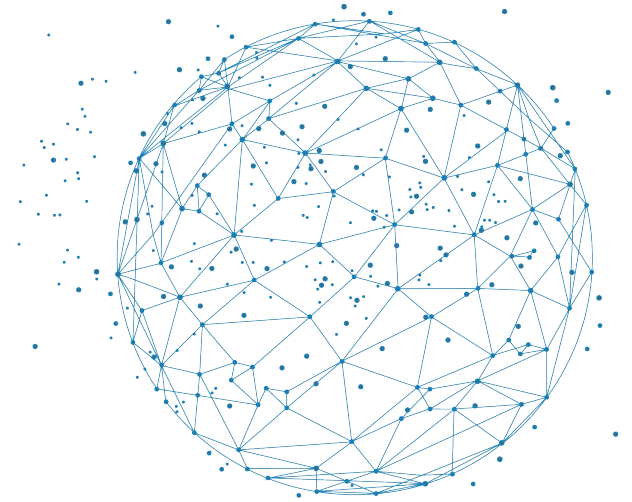
Secured computing spaces for microbiome and health data

<https://www.abromics.fr/>

co PI: C.Médigue et N. Pons



Ecole Thématique de Bioinformatique Intégrative (ETBI)





A la fin de cette formation, les participants auront :

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

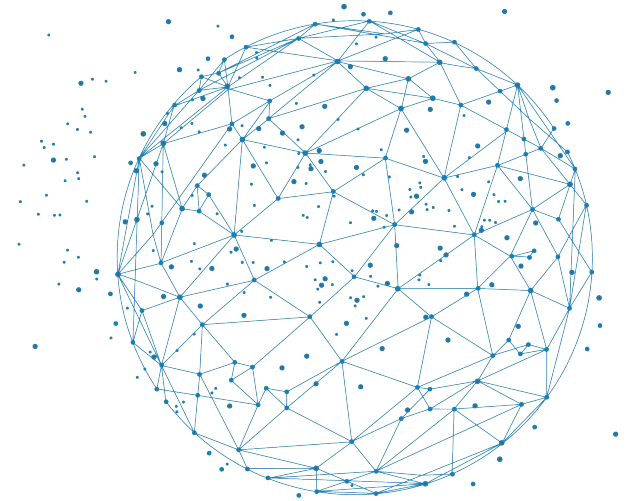


Librement inspiré de : <https://openlifesci.org/code-of-conduct>

- Soyons amicaux et patients. Nous sommes ici entre collègues, demain vous serez (peut-être) formateur
- Soyons accueillants, aucune sorte de discrimination n'a sa place 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



Science Ouverte et principes FAIR



Je cherche une formation

Les formations de l'IFB

Notre catalogue présente l'ensemble des formations de l'IFB, organisées par l'IFB core et les plateformes de l'IFB. Les formations européennes sont quant à elles disponibles sur le catalogue de formation ELDIR (EUSI). [Accéder aux formations européennes](#)

Search a training by keywords

Number of items: 32

Sort by: Start date | Filter by event type: Training course | Filter by realisation status: Future | Filter by registration status: All

	Manipulation de données avec R, introduction à tidyverse - 2020	30 March 2020 - 31 March 2020 Jury: en cours France Closed
	Annotation and analysis of prokaryotic genomes using the MicroScope platform	30 March 2020 - 02 April 2020 Early Closed
	RNA-SEQ ALIGNMENT, QUANTIFICATION AND TRANSCRIPT DISCOVERY WITH STATISTICS - 30 mars 2020	30 March 2020 - 02 April 2020 Catherine Chabanon-Fraser Closed

Jacques van Helden

- **ORCID** : [0000-0002-8799-8584](https://orcid.org/0000-0002-8799-8584)
- **Institut** : Institut Français de Bioinformatique
- **Équipe / GT**:
 - Direction
- **Ville** :
 - Marseille
- **Compétences**
 - Biostatistique
 - Développement d'outils bioinformatiques
 - Analyse des séquences régulatrices
 - Analyse des réseaux biomoléculaires
 - Science ouverte
 - Formation
- **Interventions dans ETBII**
 - Représentation de l'IFB
 - Organisation



- **ORCID :**
- **Institut :**
 - ❑ Institut Français de Bioinformatique
- **Équipe / GT:**
 - ❑ Infrastructure numérique
(National Network of Computing Resources)
 - ❑
- **Ville :**
 - ❑
- **Compétences**
 - ❑
 - ❑
 - ❑
- **Interventions dans ETBII**
 - ❑ Organisation
 - ❑ Techno (Cluster)



Galadriel Brière



- **ORCID** : <https://orcid.org/0000-0003-1808-3759>
- **Page Web** : <https://galadrielbriere.github.io/>
- **Institut** :
 - Institut de Biologie du Développement de Marseille (IBDM)
- **Équipe** :
 - Computational Biology (B. Habermann)
- **Ville** :
 - Marseille
- **Compétences**
 - Omics data analysis
 - Network inference and analysis
 - Knowledge graphs
 - Machine Learning
- **Interventions dans ETBII**
 - Atelier réseaux



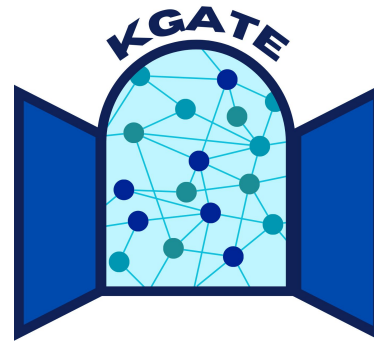
Bastien Chassagnol

- ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-8955-2391>
- Page Web : <https://github.com/bastienchassagnol/>
- Institut :
 - Marseille Medical Genetics
- Équipe :
 - Systems Biomedicine
- Ville :
 - Marseille
- Compétences
 - R (tidyverse, ggplot2, ...)
 - Statistics (GLMs, Hypothesis testing, Bayesian, ...)
 - Omics pipeline (with a focus on transcriptomics)
- Interventions dans ETBII
 - Atelier réseaux (inférence et interprétation des réseaux bayésiens, towards causality)



Benjamin Loire

- ORCID : <https://orcid.org/0009-0005-0362-1835>
- Page Web :
<https://www.marseille-medical-genetics.org/a-baudot/>
- Institut :
 - Marseille Medical Genetics
 - Servier IRIS
- Équipe :
 - Systems Biomedicine
 - Neurology Therapeutic Area
- Ville :
 - Marseille
- Compétences
 - Knowledge Graph, Embedding
 - Single Cell Analysis
 - Tooling
- Interventions dans ETBII
 - Atelier réseaux



Marseille
Medical
Genetics

SYSTEMS
SB
BIOMEDICINE

SERVIER  Fréjus



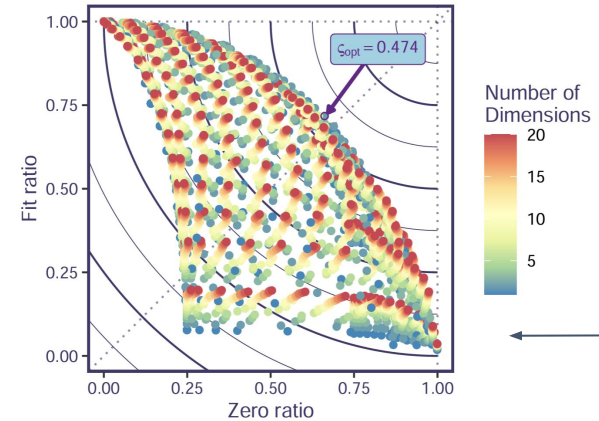
- **ORCID** : <https://orcid.org/0000-0003-0189-0220>
- **Page web** : <https://bilille.univ-lille.fr/>
- **Institut** :
 - ❑ UAR 2014 - US 41 Plateformes Lilloises en Biologie & Santé
- **Équipe** :
 - ❑ Bilille - Plateforme de bioinformatique et biostatistique
- **Ville** :
 - ❑ Lille
- **Compétences**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



Vincent Guillemot

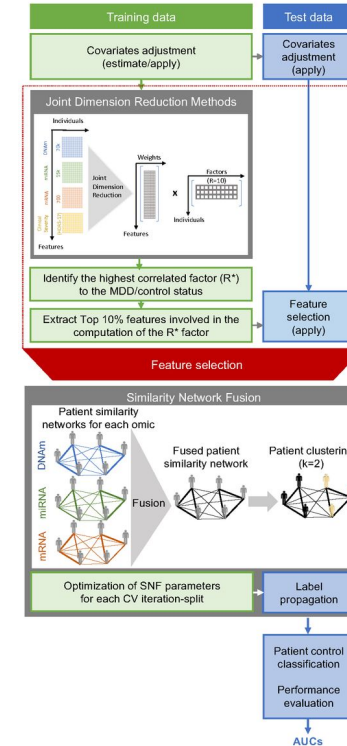


- ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-7421-0655>
- Page web : <https://research.pasteur.fr/fr/member/vincent-guillemot/>
- Institut :
 - Institut Pasteur
- Équipe :
 - Hub de Bioinformatique/Biostatistique
- Ville :
 - Paris, FR
- Compétences
 - R, statistiques
 - Intégration de données par des méthodes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





- **ORCID :** <https://orcid.org/0009-0000-9141-3406>
- **Page web :**
<https://jacob.cea.fr/drif/francoisjacob/Pages/Departements/CNRGH/EQUIPES/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



- × 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 :

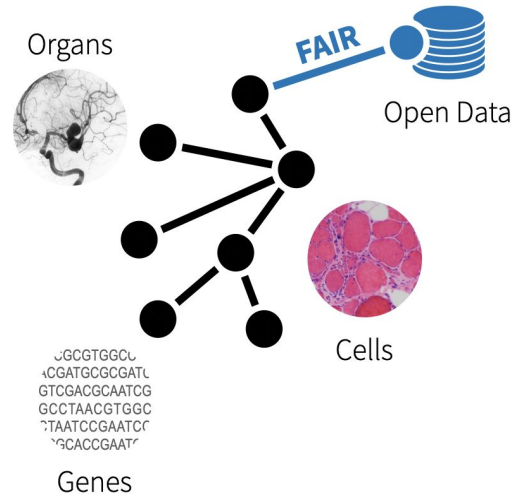
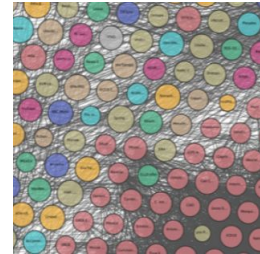
- ❑ Nantes

■ 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**

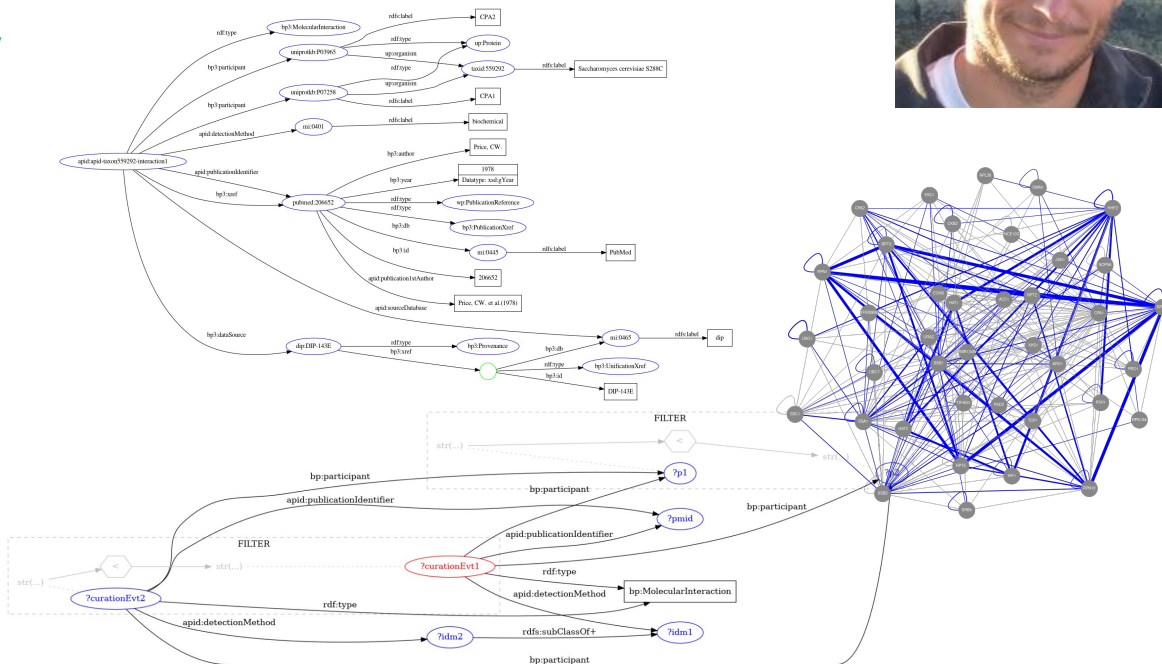
❑ Life science data integration

❑ Knowledge-based reasoning

❑ Semantic Web

■ **Interventions dans ETBII**

❑ Cours / atelier semantic web



Pierre Larmande



■ ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-2923-9790>

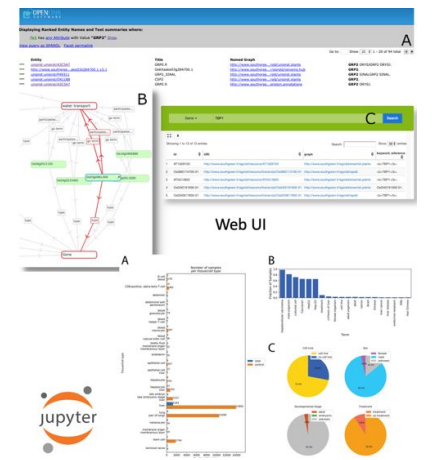
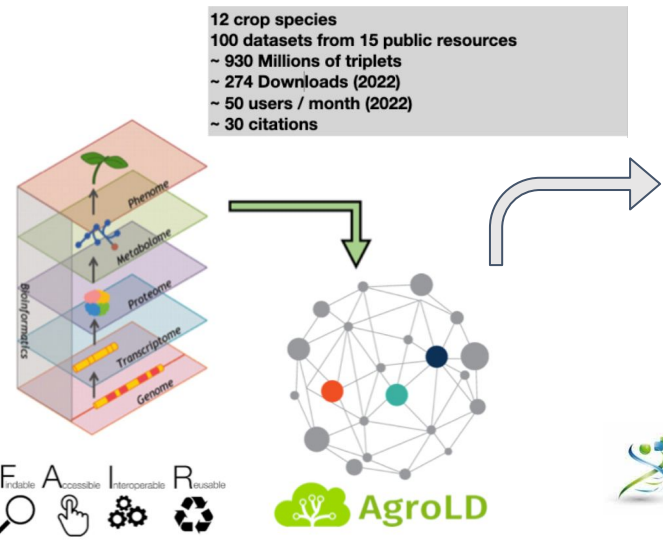
■ Page web : <https://sites.google.com/site/larmandepierre>

- Institut :
 - IRD - UMR DIADE - Équipe CERES
 - LIRMM (Collaborateur)

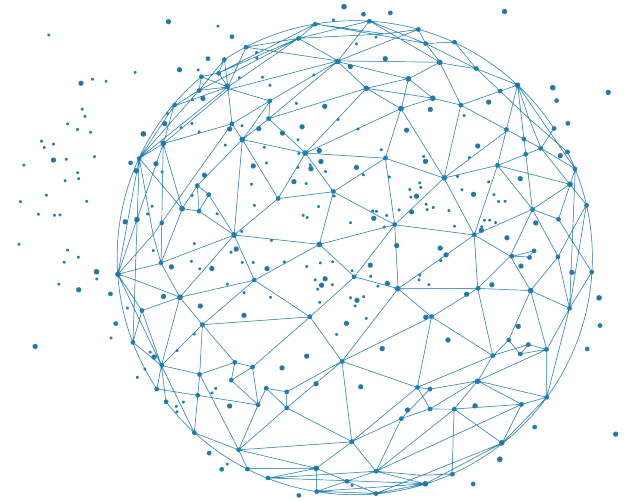
- Équipe :
 - Equipe CERES
 - Equipe ADVANSE
 - SouthGreen Bioinformatic platform
 - i-Trop bioinformatics

- Ville :
 - Montpellier

- Compétences
 - Life sciences data integration
 - Semantic Web & Knowledge graphs
 - NLP



Présentation des participants ETBII 2026





■ Institut / Laboratoire :

- Institut Bergonié - Unité de bioinformatique - DDSN

■ Organisme étudié :

- Humain

■ Ville :

- Bordeaux

■ Compétences :

- Analyse de données de séquençage (RNA-seq, variant calling somatique)
- Développement de pipelines Nextflow, gestion d'environnements Conda et cluster HPC
- Programmation R et Python pour analyses statistiques et visualisation (UMAP, boxplots, tests statistiques)

■ Thèmes de recherche/travail :

- Mise au point de workflows pour la détection et l'annotation de variants dans le cancer (patients Institut Bergonié)
- Intégration de données d'expression et de mutations pour mieux caractériser les tumeurs et aider à la décision clinique

■ Attentes par rapport à la formation :

- Analyse multi-variante : Intégrer méthylome + RNA-seq pour mieux prioriser les variants drivers
- Visualisation : UMAP et corrélations multi-omiques pour résultats cliniques plus précis

Barrot Claire-Cécile

Une photo si
vous voulez

■ Institut / Laboratoire :



■ Organisme étudié :



■ Ville :



■ Compétences :



■ Thèmes de recherche/travail :



■ Attentes par rapport à la formation :

Logo

labo/équipe/institut

et/autre si vous voulez

■ Institut / Laboratoire :

- Centre de Recherche Translationnelle en Transplantation et Immunologie

■ Organisme étudié :

- Humain

■ Ville :

- Nantes

■ Compétences : Bioinformaticienne

- Transcriptomiques (Sc/RNA-seq) et Génomique fonctionnelle
- Génomique (génotypage, gwas, ..) et WGS
- Protéomique
- Prochainement méthylation (array EPIC2)
- R, snakemake, conda, micromamba, , slurm, python

■ Thèmes de recherche/travail :

- Appliquer des approches multiomiques pour élucider les mécanismes sous-jacents de maladies neuroinflammatoires rares proches de la sclérose en plaques.

■ Attentes par rapport à la formation :

Dépasser les approches en silo en sélectionnant et implémentant des stratégies multiomiques véritablement intégratives.

Plus spécifiquement: dans le cadre du projet ANR *NeuroMOtion*, pouvoir intégrer des données de génotypage, de méthylation (EPIC2 array), ainsi que de transcriptomique (bulk RNA-seq et miRNA-seq).



Beligon Chiquitta

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Laboratoire Reproduction et Développement des Plantes, équipe Morphogénèse Florale

■ Organisme étudié :

- ❑ Rosier (*Rosa persica* & hybrides)

■ Ville :

- ❑ Lyon

■ Compétences :

- ❑ Génomique : générer et analyser les données (assemblage partiel & annotation, carto génétique)
- ❑ Transcriptomique (isoseq, bulk & single nucleus RNAseq) : générer et analyser les données

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Elucider le mécanisme génétique contrôlant le phénotype de la “tache rouge” spécifique à *Rosa persica*
- ❑ Elucider le mécanisme biophysique contrôlant le phénotype de la “tache brillante à l’UV” (spécifique à *Rosa persica* ?)

- **Attentes par rapport à la formation :** Apporter une approche intégrative à mon projet de thèse, en connectant les données génomiques, transcriptomiques, métabolomiques, biophysiques. Être capable de restituer les connaissances apportées par la formation à mon équipe.



Bernard Maria

■ Institut / Laboratoire & Ville :

- ❑ INRAE Jouy en Josas - UMR GABI (Génétique Animale et Biologie Intégrative)
 - équipe GIBBS (Génomique, Biodiversité, Bioinformatique, Statistique)
 - équipe SIGENAE

■ Organisme étudié :

- ❑ Les animaux d'élevage et leur microbiote

■ Compétences :

- ❑ Bioinformatique
- ❑ Analyse multi-omique et métagénomique en particulier

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ contexte très variés d'analyse de données mais en particulier liés à l'adaptation des animaux et de leur microbiote aux changements environnementaux

■ Attentes par rapport à la formation :

Avoir une vue d'ensemble des différentes méthodes d'intégrations possibles et pour quel but et potentiellement

aller plus loin dans l'analyse de données omiques lorsque les projets se basent sur des données multi-omiques.



... je ne suis pas statisticienne ...



■ Institut / Laboratoire :

- ☐ Centre de Recherche en Cancérologie et Immunologie Integrative de Nantes-Angers (CRCI2NA U1307 - CNRS 6075) - Équipe Integrative CANcer Genomics (ICAGEN)

■ Organisme étudié :

- ☐ Humain

■ Ville :

- ☐ Nantes

■ Compétences :

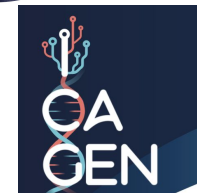
- ☐ Bioinformatique Génomique, transcriptomique (bulk et scRNA-seq)
- ☐ Cluster de calcul slurm, Environnements virtuels, Pipeline d'analyses

■ Thèmes de recherche/travail :

- ☐ Etudes moléculaires de l'effet de traitements divers par analyses multi-omiques (ChIP-seq, ATAC-seq, RNA-seq et HiChIP) de lignées cellulaires de Myélome Multiple
- ☐ Analyses multi-omiques de grandes cohortes de patients atteints de Myélome Multiple (RNA-seq, WGS et WGEM)

■ Attentes par rapport à la formation :

Connaître les bases, les clés et les outils pour les différentes approches d'intégration possibles; Utiliser une méthodologie claire et pouvoir partager ces compétences acquises avec les bioinfos de mon équipe/centre



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Plateforme bioinfo iPOP-UP - Univ. Paris Cité - UMR Epigénétique et Destin Cellulaire

■ Organisme étudié :

- ❑ Mammifères, bactéries ... ajd E. coli

■ Compétences :

- ❑ Bioinfo génomique, transcriptomique
- ❑ Cluster HPC, Pipelines, Environnements
- ❑ Accompagnement/Formation

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Accompagnement divers, du support technique à l'analyse de données RNAseq/Riboseq (bientôt méthylome aussi)
- ❑ Apport du Riboseq à l'analyse de données RNAseq - dynamiques transcription/traduction. Données apportées → E. coli avec/sans mutation, réaction à un antibio

■ Attentes par rapport à la formation :

Acquérir bases de la bioinfo intégrative multi-omiques pour savoir l'adapter aux≠projets accompagnés :

- quels outils utiliser → pour quelles données → pour répondre à quelle question → avec quelles limites
- comment interpréter les résultats



integrative Platform for 'Omics' Projects
at Université Paris cité

Jacquemet Elise



■ Institut / Laboratoire :

- Institut Pasteur, Hub de Bioinformatique et Biostatistique

■ Organisme étudié :

- Humain, souris, HPV, Trypanosoma ...

■ Ville :

- Paris

■ Compétences :

- Statistiques, planification expérimentale
- Transcriptomique, développement

■ Thèmes de recherche/travail :

- Caractérisation de la bactérie filamenteuse chez la souris (SFB) : données RNASeq bulk + protéomique

- **Attentes par rapport à la formation :** Élargir ma boîte à outil d'analyse pour des projets Omics qui mélangent de plus en plus différents type de données. Distinguer les cas d'applications et limites de ces approches.



INSTITUT
pasteur

LEOZ Marie

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ INSERM UMR1311 DYNAMICURE - Université Rouen Normandie

■ Organisme étudié :

- ❑ virus, bactéries, microbiote

■ Ville :

- ❑ Rouen

■ Compétences :

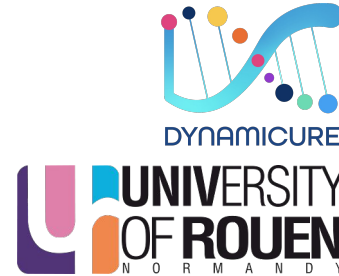
- ❑ Biologie à l'origine (virologie => BM => séquençage)
- ❑ Bioinfo peu à peu (phylogénie, génomique, méta-génomique, méta-transcriptomique)

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Infection et microbiote; data = projet Microbiosthme (analyse upper + lower microbiote respiratoire dans l'asthme sévère du nourrisson, par méta-transcriptomique)

■ Attentes par rapport à la formation : savoir comment m'y prendre pour ne pas faire n'importe quoi avec toutes ces données!

PS: la biostat ça fait peur



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ CR2TI: center for research in transplantation and translational immunology
→ Equipe 6 : Interactions hôte-pathogène, inflammation, immunité muqueuse

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain

■ Ville :

- ❑ Nantes

■ Compétences :

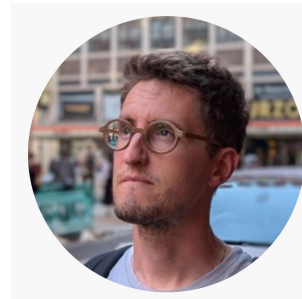
- ❑ recherche clinique / médecine / infectiologie
- ❑ immunologie
- ❑ statistiques / machine learning
- ❑ bioinformatique / transcriptome / microbiome

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Infection respiratoire / pneumonie / endotypes / identifications de patients répondeurs-non répondeurs

■ Attentes par rapport à la formation :

Panorama des méthodes d'intégration - acquérir/consolider un socle théorique sur la biologie intégrative - constituer un portfolio de méthodes applicables (grâce à la mise en pratique)



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ LaBRI - Laboratoire Bordelais de Recherche en informatique
- ❑ BRIC - Bordeaux Institute of Oncology

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain

■ Ville :

- ❑ Bordeaux

■ Compétences :

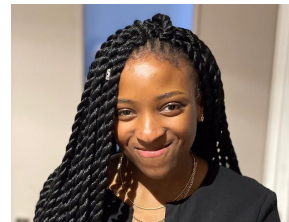
- ❑ Outils d'Analyse en bio-informatique
- ❑ Théorie des Graphes

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Identification de signatures moléculaires d'un cancer du foie survenant dans un contexte de déficit en alpha-1 antitrypsine (AAT), via l'intégration d'un graphe multiplex.

■ Attentes par rapport à la formation :

Je souhaiterais, à l'issue de la formation, approfondir ma compréhension de l'intégration des données multi-omiques et découvrir les méthodes bio-informatiques avancées actuellement utilisées, notamment MOFA et RGCCA. J'aimerais également acquérir des outils pratiques pour analyser des données représentées sous forme de graphes.



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Laboratoire Reproduction et Développement des Plantes, Morphogénèse Florale (UMR5667)
- ❑ Centre d'Etude des Substances Naturelles (LEM, UMR5557)

■ Organisme étudié :

- ❑ Rose de Damas (*Rosa x damascena*)

■ Ville :

- ❑ Lyon

■ Compétences :

- ❑ Analyse des données transcriptomique, métabolomique et génomique
- ❑ Biostatistiques

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Comprendre, à partir des données multi-omiques, les mécanismes à l'origine de la production spécifique des molécules volatiles dans la fleur de rose

■ Attentes par rapport à la formation :

Se former à l'utilisation des outils de la bioinformatique intégrative afin de pouvoir les appliquer à mes données multi-omiques pour explorer les voies de régulation encore peu ou pas décrites chez la rose (voire dans le règne végétal)

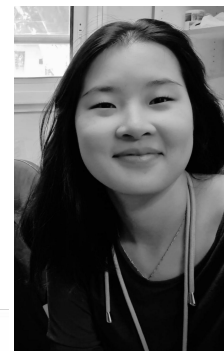


belle
de
maïa



cesn

Centre d'Etude des Substances Naturelles



Ouazahrou Rania



■ Institut / Laboratoire :

- Institut Pasteur
- Hub de bioinfo et biostats, Plateforme de séquençage Biomics

■ Organisme étudié :

- Bactéries / virus, humain / souris

■ Ville :

- Paris

■ Compétences :

- Analyses génomiques / transcriptomiques (Illumina, Nanopore)
- Etude méthylation (ADN/ARN, Nanopore)
- Développement pipelines Snakemake

■ Thèmes de recherche/travail :

Analyse de divers projets en fonction de la demande du collaborateur (Transcriptomique, assemblage, variant calling ...)

■ Attentes par rapport à la formation :

Mieux comprendre les méthodes existantes d'intégration de données, connaître les outils qui permettent ceci ainsi que les types de données utilisées pour ce type de méthodes.



Biomics



Perthame Emeline

■ Institut / Laboratoire :

- Hub de bioinformatique et biostatistique, pôle statistique, Institut Pasteur, Paris

■ Organisme étudié :

- singe, souris, humain

■ Ville :

- Paris

■ Compétences :

- statistique
- transcriptomique
- plan d'expérience

■ Thèmes de recherche/travail :

- 2 projets principaux : étude des fièvres hémorragiques (pathologie et vaccination) + étude du développement du coeur et de son asymétrie

■ Attentes par rapport à la formation :

Repartir avec un catalogue “clef en main” de quelques méthodes d’intégration de données apprivoisées pendant la formation + une vue globale des catégories de méthodes existantes



INSTITUT
pasteur

■ Institut / Laboratoire :

- Université de Strasbourg / ICube

■ Organisme étudié :

- Homme, souris

■ Ville :

- Strasbourg

■ Compétences :

- Traitement et Analyse de données omics principalement transcriptomique
- Génomique fonctionnelle

■ Thèmes de recherche/travail :

Analyse de divers projets en fonction de collaborations (cancer, maladies rares ...)

■ Attentes par rapport à la formation :

approfondir différentes méthodes d'intégration de données multi-omiques
comment les appliquer de manière concrète
avantages et limites de ces méthodes



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ CRNL - Centre de Recherche en Neurosciences de Lyon
- ❑ Equipe GENDEV - Génétique des anomalies du neurodéveloppement

■ Organismes étudiés :

- ❑ Humain, Poisson-zèbre, Souris

■ Ville :

- ❑ Lyon

■ Compétences :

- ❑ Analyses de données transcriptomiques (bulk RNA-seq short-read, long-read)
- ❑ Développement de pipelines Nextflow

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Etude des défauts de l'épissage mineur dans les *RNU4ATAC*-opathies

■ Attentes par rapport à la formation :

Acquérir les bases des analyses multi-omiques, comprendre quand et comment utiliser les différents algorithmes afin de pouvoir ensuite les appliquer aux données de l'équipe.



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ INRAE Jouy en Josas - UMR GABI (Génétique Animale et Biologie Intégrative)
 - équipe GIBBS (Génomique, Biodiversité, Bioinformatique, Statistique)
 - équipe SIGENAE

■ Organisme étudié :

- ❑ Animaux d'élevage

■ Ville :

- ❑ Jouy-en-Josas (Ile-de-France)

■ Compétences :

- ❑ Bioinformatique
- ❑ Analyse de données omiques

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ contexte très variés d'analyse de données mais en particulier liés à l'adaptation des animaux aux changements environnementaux

■ Attentes par rapport à la formation :

- dans un premier temps, avoir une idée du type d'outil(s) à utiliser en fonction des données produites, s'il y a des conditions d'utilisation.

Une photo si
vous voulez



Saint-Marcoux Denis



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ LBVpam - Université Jean Monnet

■ Organisme étudié :

- ❑ Divers plantes à parfum (rose, lavande, pélargonium, ...)

■ Ville :

- ❑ Saint-Étienne

■ Compétences :

- ❑ Transcriptomique, génomique
- ❑ R, perl
- ❑ Biologie moléculaire

■ Thèmes de recherche/travail :

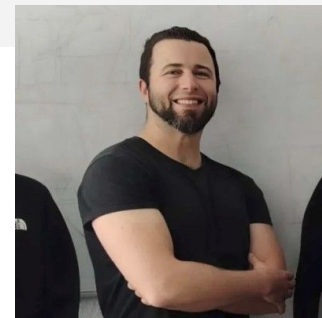
- ❑ Régulation génétique et voies de biosynthèse des composés organiques volatils
- ❑ Communication plante-insecte

■ Attentes par rapport à la formation :

Monter en compétence sur l'analyse de données multiomiques, d'un point de vue concepts et choix des outils à mettre en oeuvre



SAINTPIERRE Benjamin



■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Plateforme Bioinformat'IC, Institut Cochin

■ Organisme étudié :

- ❑ humain, souris

■ Ville :

- ❑ Paris

■ Compétences :

- ❑ Analyses transcriptomiques (Bulk, scRNA, Spatial)
- ❑ Accompagnement et soutien des équipes de recherches

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Accompagnement: formations, prestations d'analyses de données

■ Attentes par rapport à la formation :

Acquérir les bases de l'intégration multimodales pour en faire profiter le réseau et la communauté bioinfo de l'institut





■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Université de Montpellier - PhyMedExp

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain

■ Ville :

- ❑ Montpellier

■ Compétences :

- ❑ Analyse de données génomiques, transcriptomiques (bulk, scRNA), métagénomiques et métaprotéomiques
- ❑ Machine learning pour la découverte de biomarqueurs
- ❑ Oncologie et Microbiome

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Approches basées sur les k-mers et le machine learning en transcriptomique pour le cancer
- ❑ Microbiote chez des patients atteints de polyarthrite rhumatoïde

■ Attentes par rapport à la formation :

- ❑ Approches d'intégration de données multi-omiques
- ❑ Utilisation d'ontologies pour faciliter l'intégration des données omiques

Une photo si
vous voulez

■ Institut / Laboratoire :

- iGrED - Université Clermont-Auvergne

■ Organisme étudié :

- Drosophila melanogaster

■ Ville :

- Clermont-Ferrand

■ Compétences :

- Epigenomics, transcriptomics
-

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

■ Thèmes de recherche/travail :

- Transcription regulation, histone/RNA/DNA modifications

■ Attentes par rapport à la formation :

Une photo si
vous voulez

■ Institut / Laboratoire :



■ Organisme étudié :



■ Ville :



■ Compétences :



■ Thèmes de recherche/travail :



■ Attentes par rapport à la formation :

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

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ L'Institut de Recherche en Horticulture et Semences (IRHS) - INRAE - équipe Ecofun

■ Organisme étudié :

- ❑ Tavelure - *Venturia inaequalis*

■ Ville :

- ❑ Angers

■ Compétences :

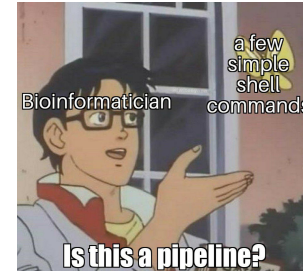
- ❑ Assemblage et annotation
- ❑ Recherche de gènes candidats
- ❑ Alphafold 3
- ❑ Élaboration de pipelines et automatisation de tâches

■ Thèmes de recherche/travail :

- ❑ Approches omiques pour retrouver les gènes impliqués dans la virulence / l'avirulence de *Venturia inaequalis*
- ❑ Programmation et mise en place de (nouvelles j'espère) techniques d'analyse de données omiques + phénotypiques

■ Attentes par rapport à la formation :

Culture générale des techniques existantes, rencontre avec les “pro”, astuces pour harmoniser données omiques + phénotypiques. Préparation pour concours IE. Rencontre conviviale (nous sommes à Fréjus, voyons).



Vromman Marieke



■ Institut / Laboratoire :

- Data Analysis Core, Institut du Cerveau

■ Organisme étudié :

- Human, mouse, ...

■ Ville :

- Paris

■ Compétences :

- R, Python, bash, Docker, nextflow, snakemake, Shiny
- bulk and single-cell seq analysis

■ Thèmes de recherche/travail :

- neurological diseases (ALS, MS, Alzheimer,...)
- bulk RNA seq, ATAC seq, lncRNAs, circRNAs

■ Attentes par rapport à la formation :

better understanding of how to integrate multiple data types in general, and more specifically for ATAC and bulk sequencing

■ Institut / Laboratoire :

- ❑ Institut Cochin

■ Organisme étudié :

- ❑ Humain / souris

■ Ville :

- ❑ Paris 14

■ Compétences :

- ❑ Analyse de données single cell transcriptomiques
- ❑ Développement d'outils / gestion de projet de développement

■ Thèmes de recherche/travail :

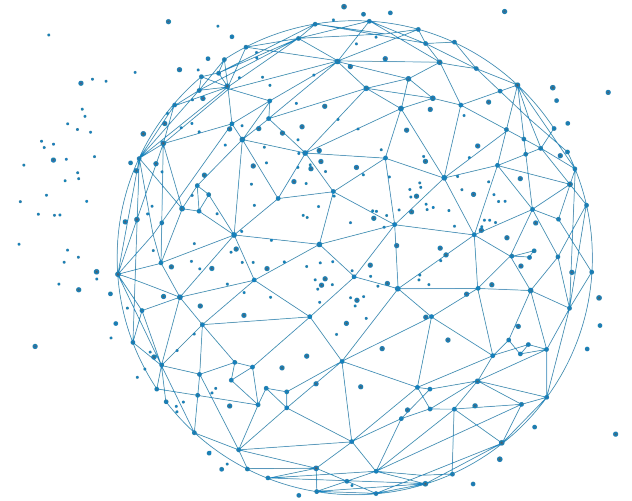
- ❑ Données génomique / transcriptomique

■ Attentes par rapport à la formation :

Etre en mesure d'effectuer de l'analyse multimodale en transcriptomique



Planning et informations pratiques





dimanche 29/03	lundi 30/03	mardi 31/03	mercredi 01/04	jeudi 02/04	vendredi 03/04
	9h-10h30 (1h30) Intro et présentation des intervenants et de la logistique + IFB et bioinfo intégrative	9h-10h30 (1h30) Analyses multivariées	9h-10h30 (1h30) Web sémantique et GK	9h-10h30 (1h30) Travail en sous groupe en autonomie	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) Réseaux	11h-12h30 (1h30) Web sémantique	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	12h30-14h Déjeuner	12h-12h30 (30 min) Evaluation de l'école et retours des participants - Fin de l'école + panier-repas
	14h-15h30 (1h30) Analyses multivariées	14h-15h30 (1h30) Réseaux	14h-16h (2h) Web sémantique	14h-16h (2h) Travail en sous groupe en autonomie	
	15h30-16h Pause café	15h30-16h Pause café	16h-16h30 Pause café	16h-16h30 Pause café	
	16h-18h (2h) Analyses multivariées	16h-18h (2h) Réseaux	16h30-18h (1h30) Echange et préparation des sous-groupes	14h-16h (2h) Travail en sous groupe en autonomie	
18h00-18h30 (30min) Présentation technique & tests					
Dîner	Dîner	Dîner	Dîner	Dîner	

- Petits-déjeuners : à partir de 8h
- Déjeuners : à partir de 12h30
 - buffet (entrées + plat + fromages + desserts)
- Dîners : à 19h30
 - Plats synchronisés
- Bar
 - Avant le dîner
 - Après le dîner tant qu'il y a du monde et qu'il n'est pas trop tard

Vendredi

1. Il faut **libérer les chambres pour 10h**
2. un local sera disponible pour stocker les bagages
3. les paniers seront disponibles à partir de 11h dans la salle de restauration
 - Si départ plus tôt (participants et formateurs) le signaler avant mercredi 14h

- Pour les départs :
 - **horaires et infos** sur les lignes disponible à l'accueil
 - **arrêt de bus** devant la Villa Clythia
 - vers **gare de Saint Raphaël**
 - vers **gare de Fréjus**





INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE



Inserm

