



## Methods for single-cell omics data analysis

By the group multi-instituts SinCellTE

Cette session portera sur le traitement bioinformatique et les analyses biostatistiques d'ensembles de données obtenus au niveau d'une seule cellule. L'accent est mis sur la génomique, la transcriptomique (scRNA-seq, CITEseq) et l'épigénomique (scATAC-seq, scHi-C, scChIP-seq) avec une ouverture pour la cytométrie en flux. L'objectif est de mettre en évidence les méthodologies utilisées, ainsi que les limites actuelles et les défis posés par ces ensembles de données. La session vise également à présenter de nouvelles méthodes de bioinformatique et de biostatistique, méthodologies développées dans les laboratoires français. La séance soulignera également la diversité des activités des questions biologiques abordées par ces omiques uniques des expériences sur cellules uniques.

Program – Wednesday 3<sup>rd</sup> July

15.00 - 15.20	Marie DEPREZ - <i>Building an atlas of the human airways at single-cell level: From cell droplets to oceans of data.</i>
15.20-15.40	François BERTAUX - <i>BayNorm: Bayesian gene expression recovery, imputation and normalisation for scRNA-seq data</i>
15.40-16.00	Laurent MODOLO - <i>Divergent Clonal CD8+ T Cell Differentiation Establishes a Repertoire of Distinct Memory T Cell Clones Following Human Viral Infections</i>
16.00-16.20	Luca ALBERGANTE - <i>Single-cell trajectory reconstruction via STREAM</i>
16.20-16.40	Samuel GRANDJEAUD - <i>"Do you need cytometry?"</i>
16.40-17.00	Coffee break
17.00-17.20	Eric PELLETIER - <i>Single cell applications to marine eukaryote planktonic cells (or when <math>1 + 1 &lt; 1</math>)</i>
17.20-17.40	Samuel COLLOMBET - <i>Chromosome structure in single cells using sc-HiC</i>
17.40-18.00	Antonio RAUSELL - <i>"Is it just weird or is it a bona-fide rare single cell?: discovering rare cell signatures reproducible across datasets"</i>