



5BIS01 (6 ECTS)

Analyse de données transcriptomiques à l'échelle unicellulaire

1^{er} semestre 2025

Initiez-vous à l'analyse des données unicellulaires pour décrypter les processus d'expression génétique

Objectifs pédagogiques

Cette unité propose une initiation approfondie aux méthodes d'analyse de données transcriptomiques à résolution unicellulaire, afin de mieux comprendre les mécanismes biologiques aux niveaux moléculaire et cellulaire. Le séquençage d'ARN à l'échelle unicellulaire (scRNA-seq) a profondément transformé la biologie et la médecine en permettant l'exploration de l'hétérogénéité cellulaire dans les tissus complexes. Il s'agit aujourd'hui d'une technique clé pour identifier de nouveaux types cellulaires, suivre des trajectoires de différenciation et décrypter les dynamiques des systèmes biologiques dans des contextes variés, du développement embryonnaire aux pathologies inflammatoires et tumorales.

L'enseignement repose sur une pédagogie active, combinant des cours, des travaux pratiques encadrés et un projet collectif appliqué à des jeux de données issus de publications scientifiques. Chaque groupe est accompagné étape par étape dans l'analyse de ses données, avec un suivi rapproché de l'équipe enseignante. Les étudiants ont également accès à des ressources complémentaires, notamment les vidéos du MOOC scRNA-seq du Cancéropôle Île-de-France, pour renforcer leur compréhension théorique et méthodologique.

Programme pédagogique

L'unité est organisée autour de séances de projet et d'ateliers pratiques, répartis tout au long du semestre. Les étudiants manipulent des jeux de données réels, utilisent des outils d'analyse de référence, et travaillent en groupe pour mener des analyses complètes. Le programme couvre les points suivants :

- Présentation des technologies scRNA-seq et de leurs applications.
- Comparaison entre approches bulk et unicellulaires.
- Principes de barcoding, d'UMIs et de complexité transcriptomique.
- Utilisation de CellRanger pour le traitement primaire des données.
- Exploration interactive des résultats via le logiciel Loupe Browser.
- Importation des données dans Seurat et structuration du pipeline analytique.
- Filtrage, contrôle qualité (QC), détection des doublets et normalisation.
- Réduction de dimension (PCA, UMAP, t-SNE) et exploration visuelle.
- Clustering non supervisé des cellules (Louvain).
- Annotation des types cellulaires (automatique ou guidée).
- Analyse différentielle d'expression entre groupes ou conditions.
- Enrichissement fonctionnel et identification des voies de signalisation.
- Intégration de jeux de données multiples et correction des effets de batch.
- Introduction à l'analyse de trajectoires cellulaires et au pseudotime.
- Mise en perspective du design expérimental et de ses conséquences analytiques.
- Notions de reproductibilité, traçabilité et bonnes pratiques de documentation.
- Lecture critique de figures et résultats issus de publications.
- Restituer de manière structurée les résultats sous forme de rapport et de présentation orale.

Organisation

Cette unité d'enseignement de 6 ECTS se déroule au premier semestre de l'année universitaire. Elle alterne une phase intensive d'introduction en début de semestre et un travail de projet progressif conduit en groupe tout au long du semestre.

Les modalités de contrôle des connaissances reposent sur les éléments suivants:

- Une évaluation écrite individuelle sur les concepts abordés clés (20 % de la note finale).
- Une vidéo synthétique présentant les résultats du projet (30 % de la note finale).
- Une restitution des résultats du projet, sous forme d'une soutenance (50 % de la note finale).

Les projets, réalisés par groupes d'étudiants, s'appuient sur l'analyse de données transcriptomiques unicellulaires issues de situations biologiques réelles, en lien avec des problématiques scientifiques contemporaines.