

scRNA-seq Workshop. An Introduction to single cell RNA-seq data analysis

25-28 novembre 2025

organizzato da

ISTITUTO SUPERIORE DI SANITÀ

Servizio tecnico scientifico grandi strumentazioni e core facilities (FAST)

INFRASTRUTTURA ITALIANA DI BIOINFORMATICA (ELIXIR-IT)

nell'ambito del Progetto

Ecosistemi dell'Innovazione - Rome Technopole

(CUP I83C22001000005) - Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza; *Missione 4 Istruzione e Ricerca - Componente 2 - Investimento 1.5 ("PNRR")* finanziato dall'Unione Europea - Next Generation EU



N° ID: 104C25 P

Rilevanza

Nell'ambito del Progetto "Ecosistemi dell'Innovazione – Rome Technopole", lo Spoke 3 ha come obiettivo la realizzazione di corsi di alta formazione rivolti al personale di enti di ricerca, università e istituzioni sanitarie, con particolare attenzione a giovani ricercatori, post-doc, dottorandi e professionisti del settore. Il corso proposto dallo Spoke affronta tematiche di elevato valore scientifico e strategico, fondamentali per la formazione e l'aggiornamento del personale della ricerca e del Servizio Sanitario Nazionale, contribuendo al rafforzamento delle competenze nell'ambito dell'analisi e gestione dei dati biomedici.

L'iniziativa si colloca inoltre in piena coerenza con gli obiettivi di ELIXIR-IT, l'Infrastruttura Italiana di Bioinformatica e nodo nazionale di ELIXIR, la rete europea dedicata ai dati delle scienze della vita, promuovendo formazione avanzata, innovazione e sinergie tra ricerca e servizi sanitari.

Scopo e obiettivi

Il corso "scRNA-seq Workshop. An Introduction to single-cell RNA-seq Data Analysis" ha l'obiettivo di fornire ai partecipanti una panoramica teorico-pratica sull'analisi di dati di espressione genica a singola cellula (scRNA-seq), con particolare attenzione alla riproducibilità e all'utilizzo di strumenti open-source. Il programma si articola in sessioni teoriche e pratiche.

Obiettivi specifici

Al termine del corso, i partecipanti saranno in grado di:

- 1. Comprendere i principi fondamentali della progettazione di esperimenti di scRNA-seq, inclusi aspetti tecnici e strategici.
- 2. Valutare la qualità dei dati scRNA-seq e applicare tecniche di controllo qualità.
- 3. Eseguire analisi di riduzione della dimensionalità e clustering per identificare sottopopolazioni cellulari.
- 4. Annotare i cluster ottenuti e interpretare i risultati in chiave biologica.





5. Utilizzare strumenti open-source, in particolare il pacchetto rCASC, per condurre un'analisi riproducibile di dati scRNA-seq.

Metodo didattico o di lavoro

Il corso adotta una modalità didattica mista, che combina lezioni frontali con esercitazioni pratiche su dati reali. L'approccio è fortemente orientato all'applicazione: ogni modulo teorico è seguito da sessioni pratiche guidate. Le attività saranno svolte in presenza, in aula informatica attrezzata, con il supporto costante dei docenti e tutor. È previsto l'utilizzo di una macchina virtuale preconfigurata per garantire uniformità e riproducibilità delle analisi.

Il lavoro sarà svolto in modalità individuale o a piccoli gruppi, con momenti di discussione collettiva finalizzati alla condivisione di approcci e risultati.

PROGRAMMA

Martedì 25 novembre

- 14.30 Welcome and introduction to the workshop
 - R. Calogero, L. Alessandrì, L. Le Pera
- 15.00 Experimental overview of single-cell RNA-seq
 - V. Libri
- 15.45 Setting up the working environment
 - R. Calogero, L. Alessandrì
- 16.30 Wrap-up and end of day

Mercoledì 26 novembre

- 09.30 Experimental design, Reproducibility, Dense and sparse matrices
 - R. Calogero
- 11.00 Coffee break
- 11.30 Data structure 10xgenomics, visium, curio bioscience
 - L. Alessandrì
- 12.30 Lunch break
- 13.30 QC, Data imputation/normalization
 - R. Calogero
- 15.00 Coffee break
- 15.30 Exercises
 - L. Alessandrì
- 16.30 Wrap-up and end of day

Giovedì 27 novembre

- 09.30 Dimensionality reduction, Clustering, Exercises
 - R. Calogero
- 11.00 *Coffee break*
- 11.30 Exercises
 - L. Alessandrì
- 12.30 Lunch break
- 13.30 Cluster's specific genes extraction
 - R. Calogero
- 15.00 Coffee break
- 15.30 Exercises
 - L. Alessandrì
- 16.30 Wrap-up and end of day





Venerdì 28 novembre

09.30 Cell type annotation R. Calogero 11.00 Coffee break 11.30 Exercises L. Alessandrì 12.30 Lunch break 13.30 Data integration R. Calogero 15.00 Coffee break 15.30 Exercises L. Alessandrì 16.30 Wrap-up and end of day

DOCENTI

Luca Alessandrì – Università degli Studi di Torino, ELIXIR-IT

Raffaele Calogero – Università degli Studi di Torino, ELIXIR-IT

Valentina Libri – ISS - Servizio tecnico scientifico grandi strumentazioni e core facilities

Responsabili Scientifici dell'evento

Raffaele Calogero

Università degli Studi di Torino, ELIXIR-IT raffaele.calogero@unito.it

Loredana Le Pera

Servizio tecnico scientifico grandi strumentazioni e core facilities, ISTITUTO SUPERIORE DI SANITÀ loredana.lepera@iss.it

Segreteria Scientifica

Raffaele Calogero

Università degli Studi di Torino, ELIXIR-IT raffaele.calogero@unito.it

Luca Alessandrì

Università degli Studi di Torino, ELIXIR-IT l.alessandri@unito.it

Segreteria Organizzativa

Gianmarco Pascarella

CNR, ELIXIR-IT gianmarcopascarella@cnr.it

Irene Artuso

ISS





irene.artuso@iss.it

INFORMAZIONI GENERALI

Sede di svolgimento

Sapienza Università di Roma, Dip. di Chimica e Tecnologia del Farmaco, P.le Aldo Moro, 5 - 00195 Roma

Destinatari dell'evento e numero massimo di partecipanti

Il corso è destinato al personale di università, enti ed istituzioni sanitarie e di ricerca (dottorandi, giovani ricercatori, ricercatori post-doc), interessato ad approfondire l'analisi di dati omici generati da esperimenti di single-cell RNA-seq.

Saranno ammessi un massimo di 15 partecipanti.

Modalità di iscrizione e partecipazione

Per iscriversi, compilare ed inviare **entro il 20 novembre** il modulo disponibile al seguente link<u>: DOMANDA</u> <u>DI ISCRIZIONE</u>. L'effettiva presenza all'evento verrà rilevata mediante registrazione dell'ingresso e dell'uscita sull'apposito registro presenze.

La partecipazione all'evento è gratuita. Le spese di viaggio e soggiorno sono a carico del partecipante.

Modalità di selezione dei partecipanti

Le domande di partecipazione saranno valutate man mano che perverranno. L'ammissione al corso avverrà fino a esaurimento dei posti disponibili, sulla base dell'ordine di arrivo delle richieste e della valutazione del background e della motivazione indicate nella domanda di iscrizione. Qualora le domande superassero il numero massimo di partecipanti, verrà costituita una lista di riserva. Saranno considerate ammesse solo le persone che riceveranno conferma via e-mail.

Modalità di verifica dell'apprendimento

Al termine del corso è prevista una prova di verifica dell'apprendimento, <u>obbligatoria per tutti i partecipanti</u>, che consisterà in un questionario a risposta multipla.

Inoltre, verrà somministrato un questionario di gradimento dell'evento.

Attestati

Al termine della manifestazione, ai partecipanti che ne faranno richiesta sarà rilasciato un certificato di presenza. L'attestato di partecipazione, comprensivo delle ore di formazione, verrà inviato ai partecipanti che avranno frequentato il corso per almeno l'80% della sua durata e conseguito con un successo minimo del 75% la prova di verifica dell'apprendimento.

Per ogni informazione si prega di contattare la Segreteria Organizzativa ai numeri sopra indicati.

[Firma elettronica del Legale Rappresentante]

