



Deutsche Version (siehe unten)

Version française (ci-dessous)

Lay Summary

Project title	A Single Cell Transcriptomics Platform
Main applicant	Bart Deplancke
Consortium	Collaboration with the Systems Immunopharmacology team in the laboratory of Prof. Coukos (headed by Dr Marie-Agnes Doucey)
Short Summary	The goal of this proposal is to establish a state-of-the-art –omics platform that is specifically focused on enabling single cell transcriptomic experiments and analyses.
Background	The recent development of single cell-targeting, high-throughput sequencing methods is revolutionizing our ability to tackle biological heterogeneity. One of these approaches is single cell RNA-seq (scRNA-seq), which has the capacity to assess the mRNA repertoire of hundreds to thousands of individual cells at a time. In the short period since its development, scRNA-seq has been truly transformative by uniquely enabling the identification and molecular characterization of healthy and pathological cells and the definition of cell type-specific signatures.
Goal	We envision that this primary Single Cell Transcriptomics Platform will consist of three layers: (1) establishment of already available and in-house validated scRNA-seq approaches such as Smart-seq2, Drop-seq, and 10X Genomics; (2) implementation of a state-of-the-art spatial transcriptomics workflow, as the resolution of cells not only in time but also in space has significant fundamental and clinical potential; and (3) provision of bioinformatic data analysis services and workflows centered around our principal software tool, ASAP (Gardeux et al., Bioinformatics, 2017).
Significance	The significance of establishing this platform is that, by enabling single cell transcriptomics for a wide biological community, we will be able to significantly increase our understanding of fundamental biological processes such as development as well as completely alter our approach toward drug design as well as patient-specific therapy.

**Deutsch**

Projekttitle	Eine Einzelzell-Transkriptomik-Plattform
Hauptgesuchssteller	Bart Deplancke
Consortium	Kollaboration mit dem Systems Immunopharmacology Team des Labors von Prof. Coukos (Leitung: Dr. Marie-Agnes Doucey)
Kurzzusammenfassung	Ziel des vorliegenden Antrags ist es, eine hochmoderne -omics-Plattform für transkriptomische Einzelzellexperimente und -analysen zu ermöglichen.
Hintergrund	Die jüngste Entwicklung von auf einzelne Zellen ausgerichtete Hochdurchsatz-Sequenzierungsmethoden revolutioniert derzeit all unsere Möglichkeiten im Umgang mit biologischer Heterogenität. Einer dieser Ansätze ist der Einzelzell-RNA-Sequenzierung (scRNA-seq), dank welcher das mRNA-Repertoire von hundert bis tausend Einzelzellen auf einmal bewertet werden kann. In der kurzen Zeit seit ihrer Entwicklung war scRNA-sq sehr prägend für die Forschung, da sie sowohl die Identifizierung und molekulare Charakterisierung gesunder und pathologischer Zellen als auch die Definition zelltypspezifischer Merkmale ermöglichte.
Ziel	Wir gehen davon aus, dass die erste Einzelzell-Transkriptomik-Plattform aus drei Schichten bestehen wird: (1) die Implementierung bereits verfügbarer und validierter interner scRNA-Seq-Methoden wie Smart-seq2, Drop-seq und 10X Genomics; (2) die Implementierung eines hochmodernen Arbeitsablaufs in der räumlichen Transkriptomik, da die Zellauflösung nicht nur in der Zeit, sondern auch im Raum ein entscheidendes grundlegendes und klinisches Potenzial hat; (3) die Bereitstellung von bioinformatischen Datenanalyse- und Workflow-Dienstleistungen rund um unser Hauptsoftwaretool ASAP (Gardeux et al., Bioinformatics, 2017).
Bedeutung	Die Erschaffung einer solchen Plattform ist insofern von Relevanz, als dass durch die Ermöglichung der Einzelzell-Transkriptomik für eine breite biologische Gemeinschaft einerseits das Verständnis über grundlegende biologische Prozesse, etwa hinsichtlich der Entwicklung, deutlich verbessert werden und andererseits unsere bisherige Herangehensweise bei der Arzneimittelherstellung wie auch hinsichtlich patientenspezifischer Therapien vollständig modifizieren kann.

**Français**

Titre du projet	Une plate-forme de transcriptomique à cellule unique
Requérant principal	Bart Deplancke
Consortium	Collaboration avec l'équipe Systems Immunopharmacology du laboratoire du Prof. Coukos (dirigée par Dr Marie-Agnès Doucey)
Résumé	L'objectif de cette proposition est de mettre en place une plate-forme omics de pointe spécialement conçue pour permettre des expériences et des analyses transcriptomiques à cellule unique.
Contexte	Le développement récent de méthodes de séquençage haut débit ciblant une cellule unique révolutionne notre capacité à lutter contre l'hétérogénéité biologique. L'une de ces approches est l'ARN-seq à cellule unique (scRNA-seq), qui a la capacité d'évaluer le répertoire d'ARN de centaines à des milliers de cellules individuelles à la fois. À court terme, depuis son développement, le scRNA-seq a été véritablement transformateur en permettant de manière unique l'identification et la caractérisation moléculaire de cellules saines et pathologiques et la définition de signatures spécifiques à un type cellulaire.
But	Nous prévoyons que cette plate-forme de transcriptomique à cellule unique principale se composera de trois couches: (1) la mise en place d'approches ARN à cellule unique validées, déjà disponibles en interne, telles que Smart-seq2, Drop-seq et 10X Genomics; (2) la mise en œuvre d'un flux de travail transcriptomique spatial de pointe, dans la mesure où la résolution des cellules, non seulement dans le temps mais aussi dans l'espace, présente un potentiel clinique qui est fondamentalement important; et (3) fourniture de services d'analyse de données bioinformatiques et de flux de travail centrés autour de notre principal outil logiciel, l'ASAP (Gardeux et al., Bioinformatics, 2017).
Importance	L'importance de l'établissement de cette plate-forme est que, en permettant la transcriptomique à cellule unique pour une large communauté biologique, nous pourrions considérablement améliorer notre compréhension des processus biologiques fondamentaux tels que le développement et modifier le design des médicaments et les approches de thérapie spécifique.