

**JOBIM 2024 - Mini-symposium**  
Jeudi 27 juin 2024, 16h30-18h30

## *Démêler les paysages cellulaires : Progrès de la transcriptomique spatiale*

### **# Organismes**

Marie COUTELIER, Stephen WHITMARSH, Violetta ZUJOVIC  
*Paris Brain Institute, Data Analysis Core, Paris*

### **# Résumé**

Dans le catalogue toujours plus large des approches omiques, la transcriptomique spatiale a récemment émergé comme un outil révolutionnaire. Le séquençage des ARNm sur cellules uniques permet de décrire précisément la granularité des profils d'expression génique spécifiques aux types ou états cellulaires. Le contexte spatial reste cependant crucial pour répondre à certaines questions biologiques spécifiques, telles que les processus de développement, l'invasion tumorale, ou l'étude de structures biologiques ou de types cellulaires rares identifiables uniquement par l'histologie ou la fluorescence. L'intégration du profilage transcriptomique presque à l'échelle de la cellule avec la caractérisation histologique des tissus permet une exploration plus nuancée de l'hétérogénéité cellulaire et des paysages moléculaires en présence.

Cependant, l'analyse bioinformatique des données de transcriptomique spatiale présente des challenges uniques, qui reposent également fortement sur de nouveaux développements en gestion des données, statistiques et analyse d'images. Doivent notamment être pris en compte l'adaptabilité des méthodes à des volumes de données croissants, la normalisation des données, ou la correction des effets de batch (par exemple, entre les lames). Un traitement d'image robuste est également nécessaire pour traiter les artefacts d'image, et pour optimiser la segmentation et le phénotypage cellulaires via des méthodes de deep learning basées sur de grands ensembles de données et des modèles d'intelligence artificielle.

L'objectif de ce symposium est d'échanger autour de diverses expériences dans la gestion de tous les aspects des données de transcriptomique spatiale et de leur intégration, via la présentation de méthodes d'analyses et pipelines utilisés dans deux plateformes d'analyse de données. Plusieurs exemples de leur pertinence dans des questions biologiques seront également présentés autour de sujets scientifiques spécifiques.



## # Programme

### 16h30-17h

Présentations de méthodes utilisées sur des plateformes d'analyse de données

**Yad Ghavi-Helm, Sergio Sarnataro**

Spatial-Cell-ID, ENS, Lyon

**Marie Coutelier, Stephen Whitmarsh**

Data Analysis Core, Paris Brain Institute, Paris

### 17h-18h

Présentations de projets scientifiques

**Isaias Hernandez**

Centre de Recherche des Cordeliers, Paris

---

*La synthèse intratumorale de GABA est associée à l'immunosuppression et à la non-réponse aux inhibiteurs de point de contrôle immunitaire dans les carcinomes rénaux présentant des structures lymphoïdes tertiaires*

**Emeline Cherchame**

Data Analysis Core, Paris Brain Institute, Paris

---

*Étude de l'impact de l'activation du récepteur de l'hormone de croissance sur la progression du glioblastome : une analyse transcriptomique spatiale Visium des modèles de xénogreffe de cellules de GBM dans le cerveau de souris*

**Kevin Lebrigand**

Bioinformatics Hub, Institut Pharmacologie Moléculaire et Cellulaire, Sophia-Antipolis

---

*Transcriptomique spatiale des isoformes*

**Baptiste Alberti**

Institut de Génomique Fonctionnelle (IGFL), Ecole Normale Supérieure, Lyon

---

*Reconstruction de l'expression génique spatiotemporelle et de l'activité des enhanceurs dans les embryons de drosophile grâce au scRNA-Seq and au transport optimal*

### 18h-18h30

Discussions