

Décoder le microenvironnement tumoral : un pipeline R pour la médecine de précision

Ivan Anguilet
CRCI2NA

ivan.anguilet@etu.univ-nantes.fr

Benoît Tessoulin
CHU Nantes

Benoit.Tessoulin@univ-nantes.fr

Résumé (max 300 mots)

Caractériser les populations cellulaires de l'écosystème des tumeurs est un processus central pour identifier les résistances et exploiter les faiblesses des cellules tumorales face aux traitements, et donc améliorer la survie des patients. Aujourd'hui, de nombreuses données transcriptomiques sont générées mais leur exploitation et interprétation représentent un défi computationnel, humain et économique majeur.

La méthode mise en place dans ce projet vise à rendre possible l'exploitation de l'ensemble de ces données en employant une approche alternative aux standards biologiques actuels. En utilisant la puissance du package Seurat, spécialisé dans l'analyse de populations, et en l'intégrant au sein d'un pipeline de déconvolution sous CIBERSORTx, mon projet vise à automatiser la cartographie cellulaire du lymphome B, une hémopathie maligne toujours incurable à l'heure actuelle. Cette caractérisation permettrait de transformer des données transcriptomiques complexes ou faiblement exploitées en biomarqueurs prédictifs de la réponse au traitement chez les patients, et ce, à moindre coût.

L'objectif est donc double et s'inscrit dans une logique translationnelle :

- Automatiser l'identification de dynamiques de résistance au traitement de façon robuste
- Créer un outil clinique utilisable en conditions réelles pour adapter le traitement au patient, à son identité et ses besoins, plutôt qu'à sa pathologie.

Mots-clefs (3 à 5) : Santé - Biologie - Déconvolution - Séquençage - Cancer

Bibliographie

- Khozyainova AA, Valyaeva AA, Arbatsky MS. *et al.* Complex Analysis of Single-Cell RNA Sequencing Data. *Biochemistry (Mosc)*. 2023 Feb;88(2):231-252. doi: <https://doi.org/10.1134/S0006297923020074>
- Clémentine Sarkozy, Benoit Tessoulin, David Chiron; Unraveling MCL biology to understand resistance and identify vulnerabilities. *Blood* 2025; 145 (7): 696–707. doi: <https://doi.org/10.1182/blood.2023022351>
- Newman AM, Liu CL, Green MR, Gentles AJ, Feng W, Xu Y, Hoang CD, Diehn M, Alizadeh AA. Robust enumeration of cell subsets from tissue expression profiles. *Nat Methods*. 2015

May;12(5):453-7.

doi: <https://doi.org/10.1038/nmeth.3337>

- Newman, A., Liu, C., Green, M. *et al.* Robust enumeration of cell subsets from tissue expression profiles. *Nat Methods* **12**, 453–457 (2015).
doi : <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0114-2>
- Jin H, Liu Z. A benchmark for RNA-seq deconvolution analysis under dynamic testing environments. *Genome Biol.* 2021 Apr 12;22(1):102.
doi: <https://doi.org/10.1186/s13059-021-02290-6>