



**Laboratoire de Mathématiques et Informatique pour la Complexité et les
Systèmes
MICS**

Présente

L'AVIS DE SOUTENANCE

De Monsieur Quentin Blampey

Équipe INSERM U981 (Prédicteurs moléculaires et nouvelles cibles en oncologie)
et laboratoire MICS, CentraleSupélec, Université Paris Saclay, soutiendra
publiquement ses travaux de thèse de doctorat intitulés :

**“Deep learning and computational methods on single-cell and spatial data for
precision medicine in oncology.”**

Sous la Direction de Monsieur Fabrice André et Monsieur Paul-Henry Cournède

Le 18 Décembre 2024 à 15h30

À CentraleSupélec, dans l'**Amphi V** (Bâtiment Eiffel).

Membres du jury :

Oliver Stegle, Rapporteur & Examineur, DKFZ - EMBL Heidelberg

Anaïs Baudot, Rapportrice & Examinatrice, CNRS - INSERM - Aix Marseille Université

Kevin Lebrigand, Examineur, IPMC - CNRS - Sophia-Antipolis

Hannah Spitzer, Examinatrice, Helmholtz Center Munich

Gilles Faÿ, Examineur, Université Paris-Saclay

Résumé :

La médecine de précision en oncologie a pour but de personnaliser les traitements en fonction des profils génétiques et moléculaires uniques des tumeurs des patients, et ce afin d'améliorer l'efficacité thérapeutique ou de minimiser les effets secondaires. À mesure que les avancées technologiques produisent des données de plus en plus précises sur le microenvironnement tumoral, la complexité de ces données augmente également. Notamment, les données spatiales — un type récent et prometteur de données omiques — fournissent des informations moléculaires à la résolution de la cellule tout en conservant le contexte spatial des cellules au sein des tissus. Pour exploiter pleinement cette richesse et cette complexité, l'apprentissage profond émerge comme une approche capable de dépasser les limitations des approches traditionnelles. Ce manuscrit détaille le développement de nouvelles méthodes de deep learning et computationnelles ayant pour but d'améliorer l'analyse des systèmes complexes des données single-cell et spatial. Trois outils sont décrits: (i) Scyan, pour l'annotation de types cellulaires en cytométrie, (ii) Sopa, une pipeline générale de preprocessing de données spatiales, et (iii) Novae, un modèle de fondation pour données spatiales. Ces méthodes sont appliqués à plusieurs projets de médecine de précision, approfondissant notre compréhension de la biologie du cancer et facilitant la découverte de nouveaux biomarqueurs et l'identification de cibles potentiellement actionnables pour la médecine de précision.

Abstract:

Precision medicine in oncology customizes treatments based on the unique genetic and molecular profiles of patients' tumors, which is crucial for enhancing therapeutic efficacy and minimizing adverse effects. As technological advancements yield increasingly precise data about the tumor microenvironment, the complexity of this data also grows. Notably, spatial data — a recent and promising type of omics data — provides molecular information at the single-cell level while maintaining the spatial context of cells within tissues. To fully exploit this rich and complex data, deep learning is emerging as a powerful approach that overcomes multiple limitations of traditional approaches. This manuscript details the development of new deep learning and computational methods to enhance our analysis of intricate systems like single-cell and spatial data. Three tools are introduced: (i) Scyan, for cell type annotation in cytometry, (ii) Sopa, a general pipeline for spatial omics, and (iii) Novae, a foundation model for spatial omics. These methods are applied to multiple precision medicine projects, exemplifying how they deepen our understanding of cancer biology, facilitating the discovery of new biomarkers and identifying potentially actionable targets for precision medicine.