

Application BASTRI

Fiches Equipes

SAIRPICO (SR09400R)

Imagerie Spatio-Temporelle, Intelligence Artificielle et Calcul Numérique pour la Biologie Cellulaire et Chemobiologie
SERPICO (SR0582UR) □ SAIRPICO

Statut: Décision signée

Responsable : Charles Kervrann

Mots-clés de "A - Thèmes de recherche en Sciences du numérique - 2024" : A3.1.1. Modélisation, représentation , A3.3. Analyse de données et de connaissances , A3.3.3. Analyse de données massives , A3.4. Apprentissage et statistiques , A3.4.1. Apprentissage supervisé , A3.4.5. Méthodes bayésiennes , A3.4.6. Réseaux de neurones , A3.4.7. Méthodes à noyaux , A3.4.8. Apprentissage profond , A5.3. Analyse et traitement d'images , A5.3.2. Modélisation parcimonieuse et représentation d'images , A5.3.3. Reconnaissance de formes , A5.3.4. Recalage , A5.4.1. Reconnaissance d'objets , A5.4.4. Reconstructions 3D et spatio-temporelles , A5.4.5. Suivi d'objets et analyse de mouvements , A5.4.6. Localisation d'objets , A5.9.1. Echantillonnage, acquisition , A5.9.2. Estimation, modélisation , A5.9.3. Reconstruction et amélioration , A5.9.5. Méthodes parcimonieuses , A5.9.6. Méthodes d'optimisation , A6.1.2. Modélisation stochastique , A6.1.3. Modélisation discrète (multi-agent, individus centrés) , A6.1.4. Modélisation multiéchelle , A6.1.5. Modélisation multiphysique , A6.2.3. Méthodes probabilistes , A6.2.4. Méthodes statistiques , A6.2.6. Optimisation , A6.3. Interaction entre calcul et données , A6.3.1. Problèmes inverses , A6.3.2. Assimilation de données , A6.3.3. Traitement de données , A6.3.4. Réduction de modèles , A6.3.5. Quantification des incertitudes , A9.2. Apprentissage , A9.3. Analyse de signaux (vision, parole, etc.)

Mots-clés de "B - Autres sciences et domaines d'application - 2024" : B1.1.1. Biologie structurale , B1.1.7. Biologie computationnelle , B1.1.8. Biologie mathématique , B2.2.3. Cancer , B2.6. Imagerie biologique et médicale

Domaine : Santé, biologie et planète numériques
Thème : Biologie numérique

Période : 01/04/2023 -> 31/03/2027

Dates d'évaluation :

Etablissement(s) de rattachement : INSERM, INSTITUT CURIE
Laboratoire(s) partenaire(s) : CBC (UMR3666-U1143)

CRI : Centre Inria de l'Université de Rennes
Localisation : Centre Inria de l'Université de Rennes
Code structure Inria : 031139-0
CRI : Centre Inria de l'Université de Rennes
Localisation : Institut Curie - Paris
Code structure Inria : 031139-0

Numéro RNSR : 202324398Z
N° de structure Inria: SR09400R

Présentation

L'objectif de l'équipe est de développer des méthodes computationnelles et des algorithmes d'intelligence artificielle pour résoudre les problèmes de reconstruction d'images, ainsi que pour quantifier la mobilité et les interactions moléculaires à très haute résolution spatiale, à l'échelle de la cellule unique. Nous concevons de nouvelles approches d'imagerie qui non seulement fourniront de nouvelles informations sur les mécanismes l'endocytose, mais auront le potentiel d'être appliquées dans d'autres études pour lesquelles l'organisation spatiale et moléculaire des lipides/protéines définit à la fois la structure et la fonction de ces assemblages dans des systèmes reconstitués et dans des cellules vivantes, avec des applications en nanomédecine.

Axes de recherche

Contexte scientifique et objectifs

Tous les systèmes de microscopie à fluorescence enregistrent des signaux fluorescents émis par des molécules marquées. Les informations sur la fluorescence comprennent nécessairement l'intensité (densité de la

Contact

- **Responsable :** Charles Kervrann
- **Tél :** 02..9.9..84..2.2..21
- **Secrétariat Tél :** 02..9.9..84..7.1..86

En savoir plus

- Site de l'équipe
- Site sur inria.fr
- Derniers Rapports d'Activité : 2023 , 2024

Documents sur la structure

- Intranet
- Privés

Décisions

- 16069 (22/03/2023) : création

Localisation

- **Adresse postale :** Centre Inria de l'Université de Rennes 263, avenue du Général Leclerc Campus universitaire de Beaulieu 35042 Rennes Cedex France
- **Coordonnées GPS :** 48.116, - 1.64

biomolécule), la longueur d'onde (spectre d'absorption et d'émission), le temps (durée de vie de la fluorescence) et la polarisation (qui découle de l'orientation du dipôle). La technologie de la prochaine génération de microscopie permettra de mieux révéler la structure et la fonction des biomolécules dans les cellules et de déchiffrer des mécanismes biologiques complexes. Parmi les progrès récents, citons la microscopie polarisée qui a le potentiel de sonder l'orientation des fluorophores liés aux protéines ou aux lipides d'intérêt et de fournir ainsi des informations spatiales sur l'organisation subcellulaire à l'échelle nanométrique. Comme les données d'image correspondantes sont des signaux 3D+temps à valeurs multiples, l'analyse des images de microscopie à fluorescence reste un défi en matière de traitement des signaux et des images et d'apprentissage automatique, avant que cette technologie puisse être adoptée plus largement dans les études biologiques. Pour exploiter pleinement le potentiel de la microscopie de pointe dans les études biologiques, notre objectif global est de développer la prochaine génération de techniques de traitement de l'information à valeurs multiples. Cet objectif sera atteint en intégrant des concepts théoriques dans le traitement du signal et de l'image, des développements innovants dans l'ingénierie optique et de la chimie, en respectant les contraintes expérimentales de l'imagerie cellulaire. La nouvelle génération d'algorithmes basés sur l'apprentissage statistique et automatique servira à caractériser la dynamique des biomolécules et à déchiffrer les voies de transport moléculaire ou le mouvement et la déformation des cellules, qui est d'un intérêt considérable en biologie cellulaire fondamentale et en médecine de précision.

Axes de recherche

Quatre axes de recherche complémentaires seront étudiés avec des scientifiques qui développent des méthodes chimiques pour quantifier les interactions entre les protéines membranaires.

Axe 1- Modélisation et reconstruction d'images à vecteurs-valués

Développement de stratégies computationnelles et de cadres mathématiques pour la reconstruction d'images à vecteurs-valués. Des représentations parcimonieuses des images de polarisation seront établies à partir de l'analyse des corrélations spatio-temporelles et de la redondance inhérente des données dans des images à vecteurs-valués. Nous étudierons les méthodes statistiques non paramétriques et les techniques d'agrégation, les méthodes bayésiennes variationnelles, y compris les modèles déformables, ainsi que les stratégies d'apprentissage automatique pour résoudre les problèmes inverses sous-jacents.

Axe 2- Méthodes pour la quantification à haute résolution spatiale de la mobilité moléculaire et les interactions.

Caractérisation de la mobilité moléculaire à l'échelle nanométrique à partir d'images à vecteurs-valués. Nous envisageons d'exploiter le contenu des images de microscopie afin d'élaborer des algorithmes de suivi de molécules uniques (par exemple, ligands endocytiques) et de biomolécules (par exemple, machinerie cytosolique, capteurs métaboliques), de dériver des estimateurs robustes de la mobilité moléculaire et de quantifier les interactions spatialement variables entre les espèces moléculaires et le cytosquelette. Les algorithmes résultants seront utilisés pour produire des cartes spatiales à haute résolution de la mobilité moléculaire à partir de modèles de mouvement stochastiques et de représentations parcimonieuses.

Axe 3- Modélisation spatio-temporelle des formes 3D et des déformations.

Développement de modèles de forme et de descripteurs pour capturer le mouvement et les déformations 3D de complexes macromoléculaires (tomographie cryo-électronique (cryo-ET), analyse de particules uniques (SPA)) d'une part, et d'autre part, des composants intracellulaires et des cellules tumorales, à l'échelle d'une cellule unique et du tissu. Nous envisageons de représenter les formes 3D par des surfaces paramétriques contrôlées par des points clés et de segmenter et suivre les structures en microscopie 3D. La principale originalité sera d'exploiter les annotations et/ou les connaissances *a priori* de haut niveau pour dériver des caractéristiques permettant de classifier les conformations moléculaires en cryo-ET, et les phénotypes induits par des médicaments (cellule unique), ou des conditions d'hypoxie contrôlées (à l'échelle du tissu) en microscopie à fluorescence 3D+temps.

Axe 4- Etudes de cas en biologie cellulaire et en cancer.

Développement de protocoles expérimentaux pour faire la preuve que les méthodes et algorithmes liés aux trois axes méthodologiques précédents permettent d'effectuer la reconstruction d'images pour plusieurs instruments 3D (TIRFM, microscopie à réseau de lumière, microscopie multifocale, cryo-ET), et de quantifier avec précision la forme et le mouvement des composants cellulaires et des biomolécules qui interagissent avec les membranes et le cytosquelette. Les images et les caractéristiques obtenues permettront de mieux déchiffrer la dynamique intracellulaire des événements de trafic et de signalisation dans les cellules vivantes, en particulier la mécanique membranaire à la surface des cellules, l'endocytose, ainsi que la transduction des signaux vers le noyau. Les méthodes seront développées pour faciliter l'investigation en chémo-biologie, et seront étendues pour effectuer des analyses à l'échelle du tissu

Relations industrielles et internationales

- Institut Curie - UMR 168 CNRS & U1143 Inserm UMR 3666
- Institut Pasteur
- Institut Jacques Monod

- Institut Gustave Roussy
- IGDR Rennes
- IGBMC Strasbourg
- INRAE - Institut MICALIS Unit Jouy-en-Josas
- Max-Planck Institute, Biochemistry departement, Martinsried (Germany)
- Kyoto University Graduate School of Medicine
- ASNR Fontenay-aux-Roses
- ENSAI Bruz
- AIRBUS Defense and Space