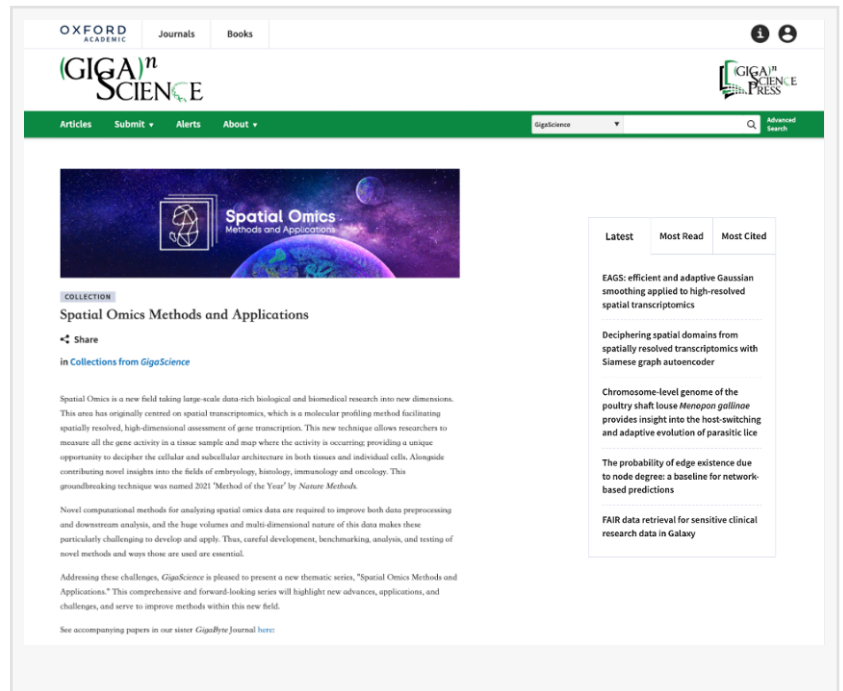


BGI-Research Présente des Outils Algorithmiques de Pointe pour Faire Avancer la Recherche en Transcriptomique Spatiale

SHENZHEN, CHINA, March 7, 2024 /EINPresswire.com/ -- Le 20 février, BGI-Research a présenté une nouvelle série d'outils algorithmiques conçus pour améliorer l'analyse des données transcriptomiques spatiales (ST), fournissant des résultats analytiques plus élaborés et plus fiables pour les chercheurs qui explorent le monde complexe de la transcriptomique spatiale. Le premier lot de six outils, qui représente une amélioration significative du traitement des données ST complexes, a été introduit dans GigaScience et GigaByte.



La TS est une méthode d'analyse innovante à haut rendement qui associe le séquençage de l'ARN à des informations spatiales provenant des tissus, ce qui permet de localiser les transcriptomes et leur emplacement au sein des tissus ou des cellules. Alors que la transcriptomique unicellulaire peut fournir un profil transcriptionnel global, elle n'a pas la capacité d'identifier la distribution spatiale entre les types de cellules au sein des tissus.

L'avènement de la TS a comblé cette lacune, en révélant des modèles de distribution spatiale, des interactions entre sous-groupes cellulaires et le positionnement des types de cellules au sein de diverses structures tissulaires. Ces éléments sont fondamentaux pour la compréhension des fonctions et des interactions cellulaires, ainsi que pour la mise en évidence des processus de développement, des changements pathologiques et des mécanismes de progression des maladies.

Le processus de séquençage de la TS comprend des étapes de préparation des échantillons, de capture d'ARN, de séquençage d'ARN, d'acquisition d'images, d'enregistrement des données et d'analyse des données. Les chercheurs rencontrent très souvent des difficultés dans la

manipulation et le prétraitement des données, l'intégration et la normalisation des ensembles de données, ainsi que le regroupement et l'annotation fonctionnelle des données. Les outils algorithmiques traditionnels se concentrent principalement sur les niveaux d'expression des gènes tout en négligeant les informations spatiales, la complexité ou les interactions cellule-cellule.

La nouvelle série d'outils algorithmiques développés par BGI-Research utilise des techniques statistiques et des algorithmes avancés pour traiter et pré-traiter efficacement les données de la ST, en s'attaquant aux problèmes que les méthodes conventionnelles ne pouvaient pas résoudre. Ils peuvent créer, à un niveau unicellulaire, des atlas spatiaux d'expression génique qui fournissent aux chercheurs des informations plus précises et plus détaillées sur les types de cellules et leur positionnement dans l'espace. Les outils éliminent également avec précision le bruit et les effets de lot de ces atlas, améliorant ainsi la qualité et la fiabilité des données. En outre, les outils offrent des méthodes d'analyse innovantes pour explorer les interactions entre les types de cellules et les modèles d'expression génique.

L'équipe de développement de BGI-Research a validé la large applicabilité de ces outils à travers de multiples plateformes de séquençage de la TS. Les outils ont montré des performances exemplaires sur les données générées par la plateforme Stereo-seq du groupe BGI, qui se caractérise par un large champ de vision et une très grande précision, capable de détecter plus de 25 000 gènes simultanément. Ils sont également compatibles avec d'autres plateformes couramment utilisées.

Les outils ont été rendus open-source sur GitHub pour un téléchargement et une utilisation gratuits, reflétant l'engagement de BGI à soutenir la communauté de recherche élargie. La popularité et le soutien de ces outils sont indéniables, avec l'algorithme Stereo-Seq Analysis Workflow (SAW) qui a été "étoilé" (marqué d'un signet) près de 100 fois sur GitHub, et les outils Efficient and Adaptive Gaussian Smoothing (EAGS) et BatchEval Pipeline qui ont été téléchargés près de 2 500 fois au total.

Le Dr Wang Qianwen, du Département de Bioinformatique de l'École des Sciences Médicales



Fondamentales de l'Université Médicale du Sud, s'est félicité de la mise à disposition de ces outils. "Nous appliquons actuellement le SAW à notre projet d'analyse des données de séquençage spatio-temporel du transcriptome dans le domaine de la science du cerveau. L'outil SAW est convivial en termes de déploiement et de courbe d'apprentissage, soutenu par des instructions claires, et il offre des performances rapides. De plus, le logiciel offre des temps de réponse rapides pour les mises à jour et le débogage".

Le Docteur Xu Xun, Directeur de BGI-Research, affirme : "La publication de ces outils algorithmiques marque une étape décisive dans la transcriptomique spatiale, promettant d'amener la recherche et l'application de ce domaine innovant à de nouveaux sommets". "Grâce à ces avancées, BGI-Research réaffirme sa position à l'avant-garde de la recherche en sciences de la vie, en fournissant les outils nécessaires aux chercheurs du monde entier pour mieux comprendre les complexités des systèmes biologiques."

Pour la prochaine étape, l'équipe de BGI-Research entend améliorer la fonctionnalité, l'efficacité et la précision des outils existants. Elle étudie également l'application de nouvelles technologies et méthodes afin d'améliorer les performances des outils et d'élargir leur champ d'application. L'équipe est impatiente de mettre en place et d'étendre des efforts de collaboration afin d'utiliser ces algorithmes pour relever les défis rencontrés dans la recherche biologique.

Pour plus d'informations, veuillez consulter les articles publiés dans GigaScience et GigaByte :

GigaScience : <https://academic.oup.com/gigascience/pages/spatial-omics-methods-and-applications>

GigaByte : https://doi.org/10.46471/GIGABYTE_SERIES_0005

Les outils peuvent être consultés ici sur GitHub :

EAGS : <https://github.com/STOmics/EAGS>

SGAE : <https://github.com/STOmics/SGAE>

SAW : <https://github.com/STOmics/SAW>

STCellbin : <https://github.com/STOmics/STCellbin>

BatchEval : <https://github.com/STOmics/BatchEval>

VNS : <https://github.com/STOmics/VNS>

Richard Li

BGI Group

[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[Twitter](#)

[LinkedIn](#)

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/694056587>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors

try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire, Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2024 Newsmatics Inc. All Right Reserved.