



actualité
scientifique

La technique de la « single cell »

La « *single cell* » est une technique d'analyse de l'information génomique. En se plaçant à l'échelle de la cellule unique, il est possible d'étudier l'hétérogénéité des tissus et certains mécanismes associés. Elle est source d'une massification des données susceptible, *via* l'IA, de révolutionner la biologie cellulaire.

Un exemple : un échantillon d'une tumeur (cancer du sein) est d'abord prélevé sur une patiente ; l'échantillon est alors préparé dans un service de pathologie puis analysé cellule par cellule par « *single cell* ». L'échantillon est alors séquencé et la bio-informatique permet de nettoyer le jeu de données produit par le séquenceur. L'étude se poursuit en appliquant des méthodes statistiques... Le but : comprendre pourquoi une tumeur émerge et résiste au traitement. En quelques mois, l'échantillon vivant s'est transformé en données.

Le *single cell* est une innovation qui utilise un procédé « micro-fluidique » : les cellules passent une à une dans des micro-canaux pour être encapsulées dans une microgouttelette d'huile contenant des réactifs. Au moment de l'encapsulation, le matériel génétique de la cellule est marqué par un code-barres génétique qui permet d'identifier la cellule. Grâce à cette technologie, les chercheurs opèrent à l'échelle d'une cellule « unique », et essaient de comprendre l'hétérogénéité cellulaire au sein d'une même tumeur.

La première publication scientifique utilisant la méthode du *single cell* date de 2009 (étude d'ARN). A partir de 2017, la plupart des laboratoires étudiant le cancer se sont équipés et ont adopté le *single cell*.

La combinaison du *single cell* et de la transcriptomique (« *single cell RNA-seq* ») permet de différencier les sous-types de cellules du système immunitaire et précise comment une cellule tumorale peut modifier son environnement.

Cette technique peut être également combinée à d'autres protocoles expérimentaux : étude l'épigénétique (« *single cell CHIP seq* »), génomique fonctionnelle (travail sur l'embryon de la drosophile avec pour objectif d'utiliser la drosophile comme modèle d'étude des interactions entre les régions régulatrices du génome (*enhancers*) et les gènes (des mutations dans la séquence des *enhancers* peuvent affecter l'expression des gènes qu'ils régulent).

Le *single cell RNA-seq* peut aussi être associé à la transcriptomique spatiale, qui combine le profilage à haut débit de l'expression des gènes avec l'information de la localisation spatiale des cellules dans leurs tissus ou organes d'origine, ce qui permet d'analyser des centaines voire des milliers de gènes en parallèle !).

Les techniques de *single cell* approfondissent aussi la compréhension du rôle des protéines dans les cellules, leur modification et leur dégradation.

Pour en savoir plus...

- *Single Cell* Génomique (Institut Curie), présentation des différentes technologies appliquées à la génomique : [Single Cell Génomique | Institut Curie](#)
- présentation générale de la *Single Cell* en génomique : [Cellule unique - France Génomique \(france-genomique.org\)](http://france-genomique.org)