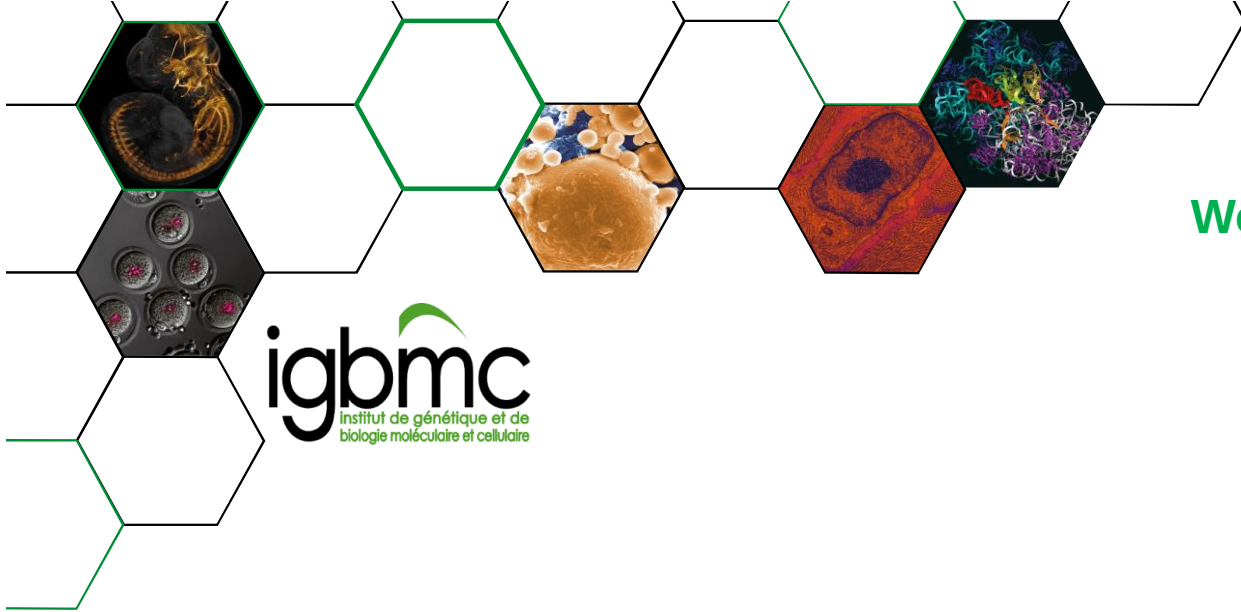




Inserm

Université
de Strasbourg

Workshop Transcriptomique et Protéomique spatiale

igbmc
institut de génétique et de
biologie moléculaire et cellulaire

CANCÉROPÔLE Est
Régions Bourgogne-Franche-Comté / Grand Est

*Les Hôpitaux
Universitaires
de STRASBOURG*

Analyse multi-omique spatiale sur la plateforme GenomEast

Christelle Thibault-Carpentier , Gilles Laverny

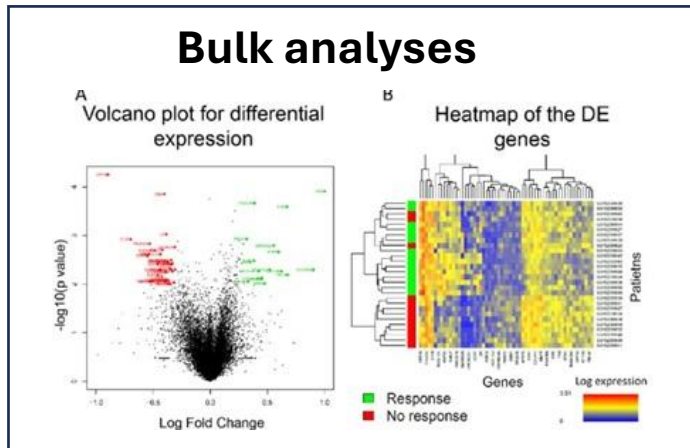
28 avril 2026



Integrative Biology-Nuclear Dynamics
igbmc
INRT
Regenerative & Translational Medicine

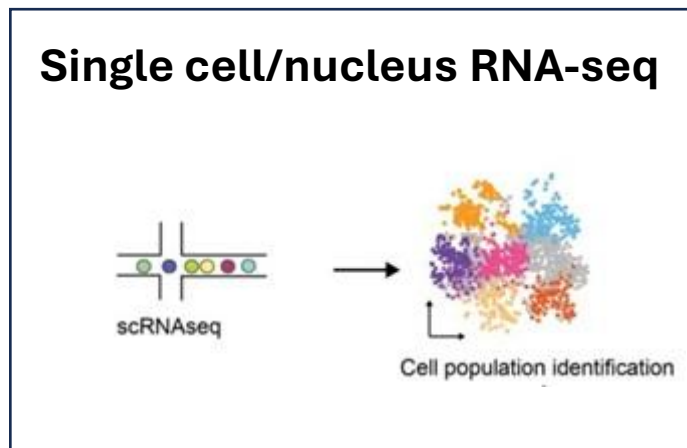


Expertises disponibles at GenomEast

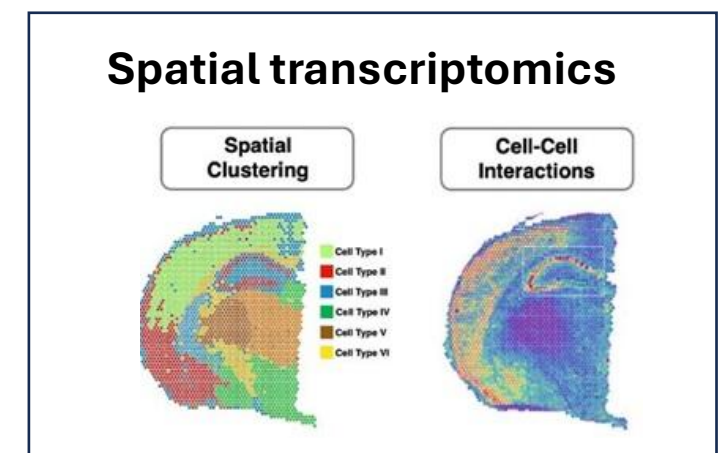


Illumina NextSeq 2000

Element Biosciences AVITI



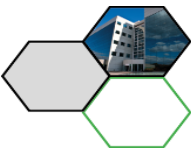
10X Genomics Chromium X



Nanostring GeoMX DSP

10X Genomics Visium cytassist

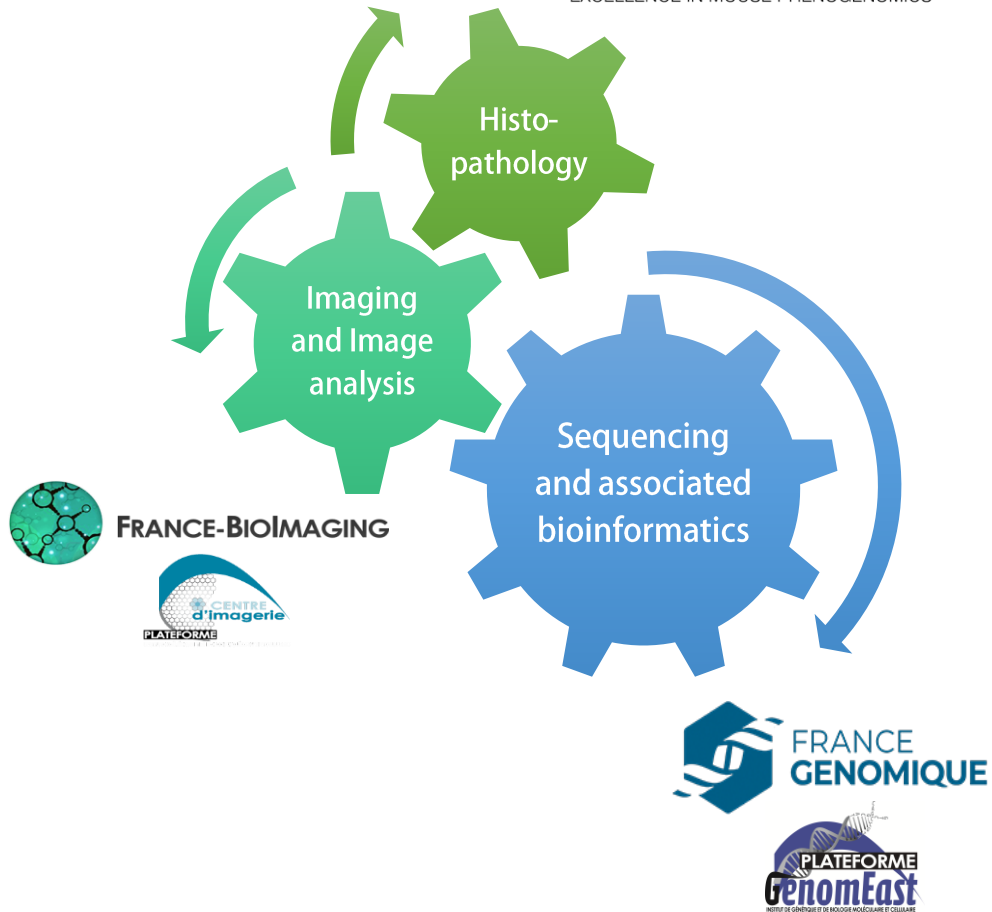
10X Genomics Xenium analyzer



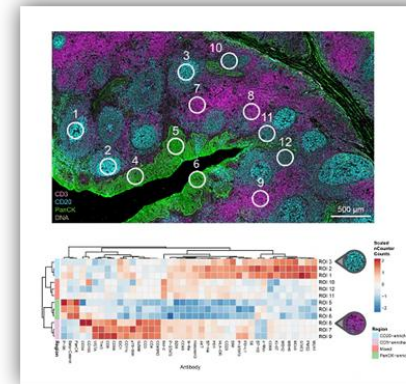
La transcriptomique spatiale à l'IGBMC

Services intégrés regroupant les expertises
et les ressources de trois plateformes nationales

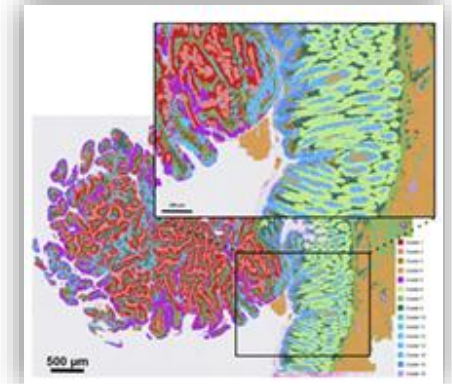
phenomin **ICS**
EXCELLENCE IN MOUSE PHENOGENOMICS



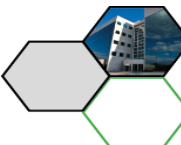
GeoMx Digital Spatial Profiling
NanoString/Bruker



Visium HD spatial profiling
10X Genomics

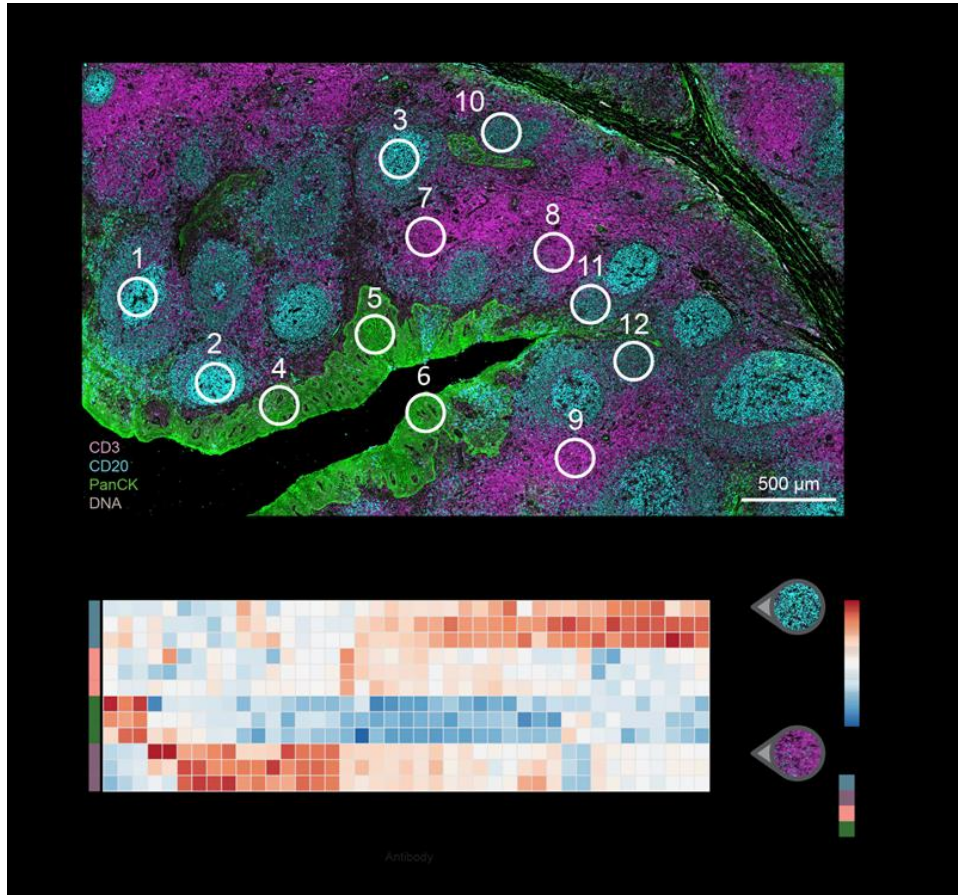


Xenium In Situ platform
10X Genomics

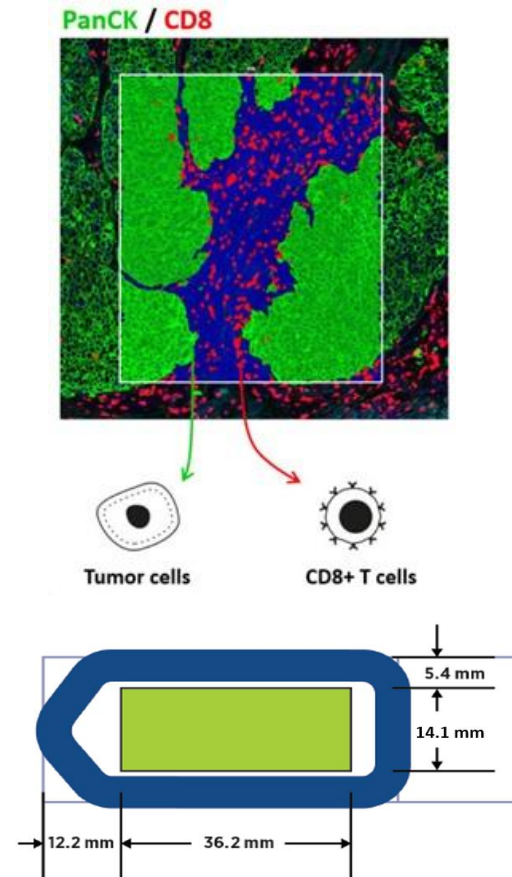


Technologie GeoMx DSP – Nanostring

Identification de régions d'intérêt (ROI) à l'aide de marqueurs morphologiques par immunofluorescence



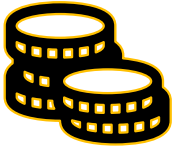
Segmentation cellulaire dans chaque ROI



1 à 2 lames par run
1 à 3 marqueurs morphologiques/ROI + Syto13
DNA dye
Jusqu'à 191 ROI/AOI par lame

Min ROI : $\varnothing \geq 200\mu\text{m}$, ≥ 100 noyaux
Max ROI : $660 \times 785 \mu\text{m}$

Transcriptome entier humain/souris ou panel de gènes prédéfinis (ex Cancer Transcriptome Atlas) +/- 570 protéines



~4 à 5000€/lame

Porteur du projet (Optionnel : [Histologie](#))

- Coupes de tissu FFPE non colorées de 5 µm d'épaisseur, montées sur des lames SuperFrost™ Plus ou Apex BOND Plus
- Sélection des anticorps pour les marqueurs morphologiques (ab primaire fluo ; Cy3, Cy5, Texas red)
- Optimisation du protocole d'immunomarquage selon un protocole compatible avec le GeoMx + Aliquots anticorps

Service fourni

[Histologie](#)

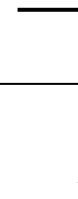
- Lame Test pour valider le protocole d'immunomarquage et la sélection des ROIs, segmentation cellulaire etc ([input utilisateur](#) pour définir les ROI/AOI)
- Immunomarquage et hybridation des sondes sur les lames d'intérêt

[GenomEast](#)

- Scan des lames sur le GeoMx et sélection des ROI/AOI [avec l'utilisateur](#)
- Collection des sondes hybridées par ROIS/AOIs
- Génération et séquençage des librairies

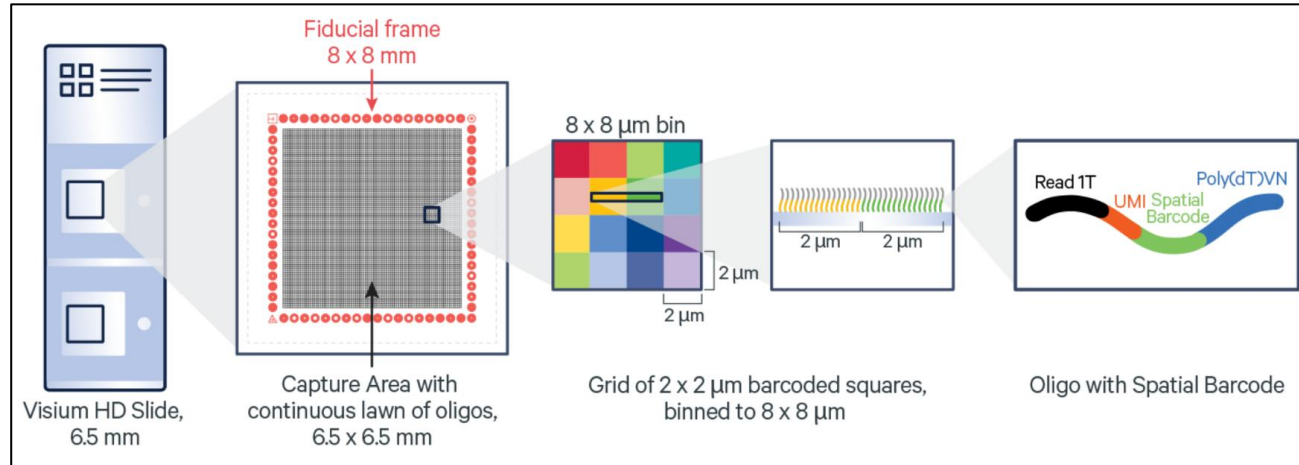
Données de sortie

- Fichiers bruts de séquences au format FASTQ
- Scan des sections en format JPG et OME-Tiff avec ROIs
- Fichier .dcc (digital count conversion) contenant les comptage UMI par ROI/AOI

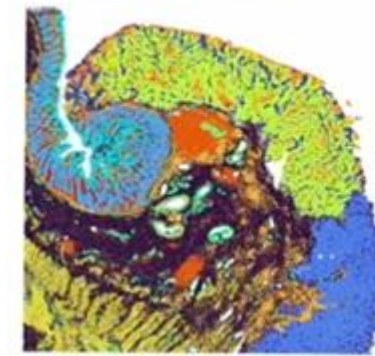


R packages développés par Nanostring et open source (GeoMxWorkflows, GeomxTools, and NanoStringNCTools ...)

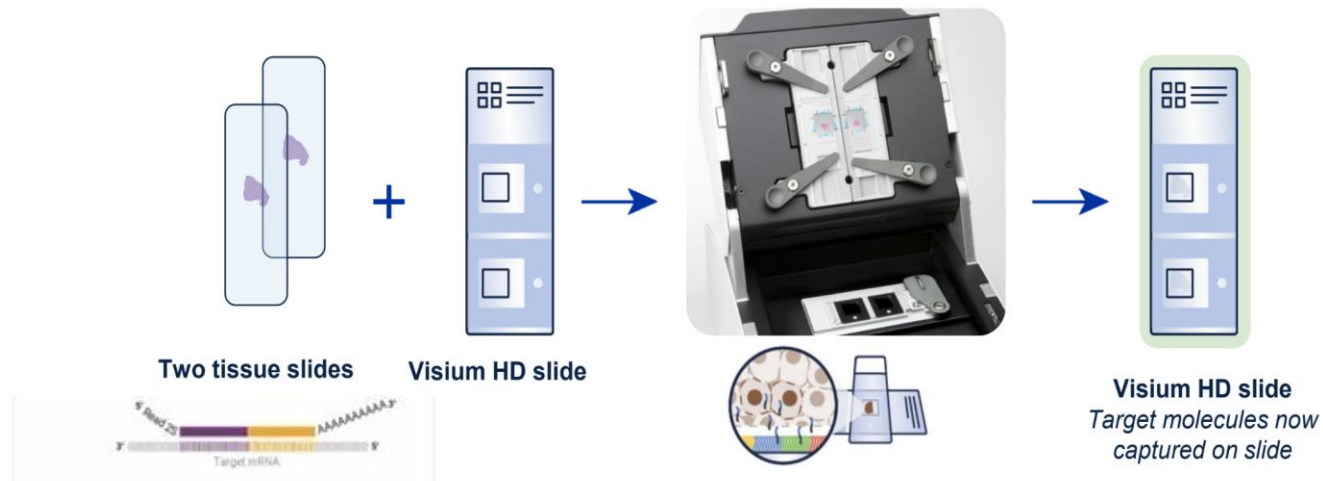
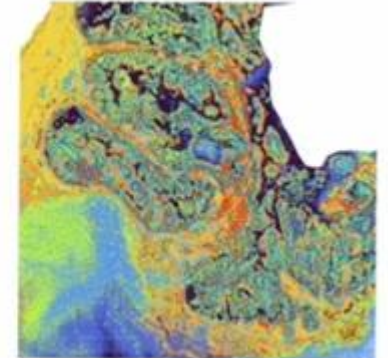
Technologie Visium -10X Genomics



Colon cancer



Ovarian cancer



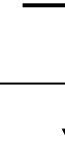
1 lame par section à analyser
2 lames « échantillon » par lame Visium
Transcriptome entier Humain/Souris
Résolution 2x2 μm $\rightarrow$ bin 8x8 μm

Porteur du projet

- Coupes de tissu non colorées FFPE (5 µm) ou FF (10 µm), montées sur des lames SuperFrost™ Plus (Optionnel: [Histologie](#))
- ARN total extrait à partir de sections provenant du même bloc de tissu

Données de sortie

- Fichiers brut bruts de séquences au format FASTQ
- Fichiers images des sections
- Fichiers de sortie de Space Ranger



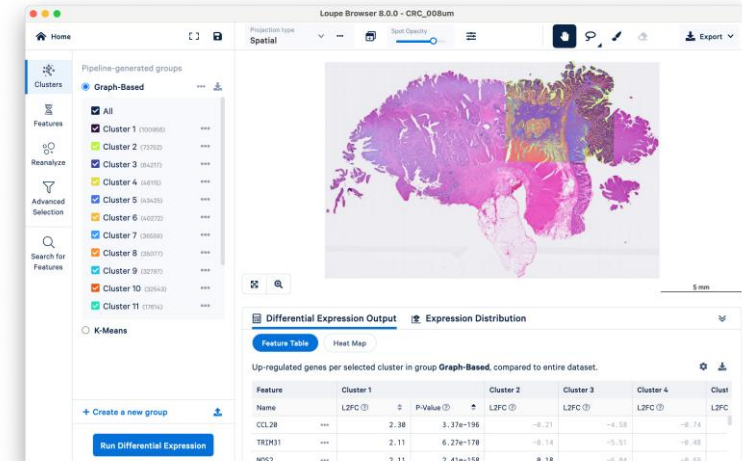
Service fourni

Histologie

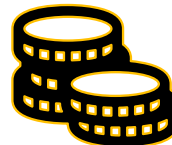
- Coloration H&E et scan des lames

GenomEast

- Contrôle qualité des ARN totaux: DV200>50%
- Visium workflow de l'hybridation des sondes au séquençage ([Input utilisateur](#) pour définir la zone de capture)

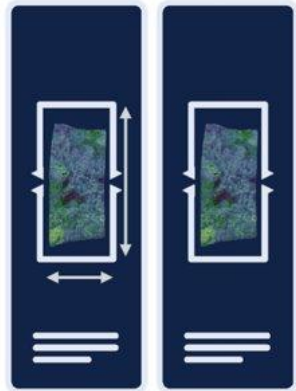
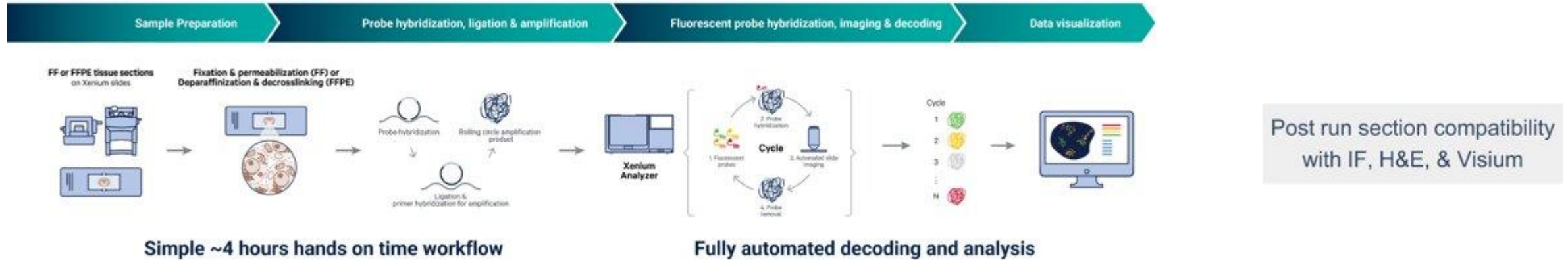


10X Genomics Loupe Browser



~10 à 12000€/lame Visium (2 sections)

Technologie Xenium in situ -10X Genomics



Zone de capture: 10 x 22 mm

2 lames xenium par run

Panel de sondes pré-définis:

- Panels de 250–380 genes pour tissus et voies biologiques humain et souris
- Panel Prime 5K humain et souris tous tissus et voies biologiques

Ajout de sondes personnalisées jusqu'à 100 gènes

Xenium Protein subpanels (uniquement FFPE, <500-gene human panels) pour typage cellulaire du microenvironnement tumorale et immunitaire (7 subpanels, 27 proteins)

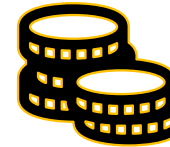
Porteur du projet

- Sélection du panel de sondes
- Design des sondes custom sur le site web 10X (scRNAseq reference dataset)
- Commande des kits et panels 10X Genomics avec livraison sur GenomEast (marielaure.schneider@10xgenomics.com)
- Coupes de tissu non colorées FFPE (5 µm) ou FF (10 µm), montées sur des lames **Xenium** (Optionnel: [Histologie](#))
- ARN total extrait à partir de sections provenant du même bloc de tissu
- Coloration H&E et/ou DAPI sur sections adjacentes

Service fourni

GenomEast

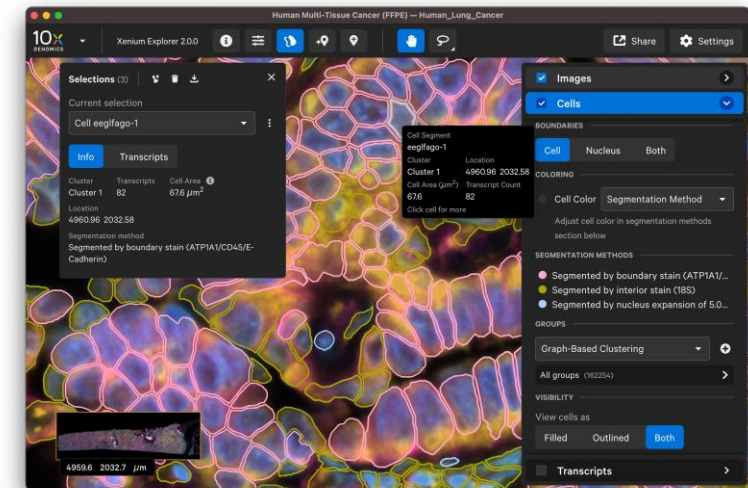
- Contrôle qualité des ARN totaux : DV200 > 50%
- Xenium workflow de l'hybridation des sondes à l'analyse d'images



~12 à 15000€/Run (2 lames)

Output data

- Fichiers de sorties du Xenium Analyzer : QC files, decoded transcript counts et morphology images



10X Genomics Xenium Explorer

Remerciements et Contact

Nos collaborateurs

- Plateforme d'histopathologie de l'ICS, IGBMC Strasbourg
 - **Patrice Goetz**
 - **Olivia Wendling**
 - **Hugues Jacobs**
- Plateforme d'imagerie cellulaire de l'IGBMC Strasbourg
 - **Sébastien Herbert**
 - **Johannes Wilbertz**

Contact



<http://genomeast.igbmc.fr>

e-mail: thibault@igbmc.fr

Nos financements

