



## Deep learning et cell painting pour la pré-sélection de composés et l'analyse de cribles HCS

Auguste Genovesio, ENS, Paris

Dans cette présentation, nous détaillerons d'abord deux méthodes permettant la présélection de composés en amont d'un criblage phénotypique que nous avons élaborées grâce à l'essai de cell painting et à l'apprentissage multimodal. Ensuite, nous présenterons un pipeline d'analyse de données HCS générique et totalement automatisé, qui ne nécessite pas la mise au point d'une étape d'analyse d'image, permettant l'identification de hits pour un essai quelconque avec ou sans contrôle positif. Enfin, nous exposerons un travail plus exploratoire où nous utilisons des modèles génératifs profonds pour rendre visibles et interprétables des changements de phénotypiques subtiles cachés par la variabilité naturelle des cellules.

### Suggestions de lecture :

Cell painting transfer increases screening hit rate.

Cohen et al. Biological Imaging, 2023, doi : [10.1017/S2633903X23000077](https://doi.org/10.1017/S2633903X23000077)

Weakly supervised cross-modal learning in high-content screening.

Watkinson et al, IEEE ISBI, 2024, doi : [10.48550/arXiv.2311.04678](https://doi.org/10.48550/arXiv.2311.04678)

Transfer learning for versatile and training free high content screening analyses.

Corbe et al, Scientific Reports, 2023, doi : [10.1038/s41598-023-49554-8](https://doi.org/10.1038/s41598-023-49554-8)

Revealing invisible cell phenotypes with conditional generative modeling.

Lamiable et al, Nature communications, 2023, doi : [10.1038/s41467-023-42124-6](https://doi.org/10.1038/s41467-023-42124-6)