

Introduction

- § Contexte sur la cancérologie:
 - L'institut Bergonié
 - Le diagnostic nécessite d'identifier la tumeur
 - comment classer les tumeurs:
 - critères morphologiques/anatomiques
 - signatures et scores moléculaires
 - GI
- § La technologie array-CGH:
 - permet de calculer des scores moléculaires
 - Son fonctionnement
 - Existe en parallèle du Whole Genome / Whole Exome
- § à l'Institut Bergonié, ces technologies sont utilisées:
 - Agilent (utilisée pour calculer le GI)
 - CytoScan (simplement le citer)
 - OncoScan
 - OncoScan > Agilent (résolution)
 - on veut donc étendre le calcul du GI à oncoScan
- § Transfert de connaissances
 - échange Biologie-Bioinformatique
 - J'ai suivi la manip
 - Les biologistes ont un aperçu plus en profondeur des outils
 - vulgarisation -> slides
 - En quoi OncoScan est mieux qu'Agilent: cf projet GIRONDE.
 - donc comparaison nécessaire sur les mêmes échantillons (parler surtout des + d'oncoscan par rapport à Agilent, détailler le mode opératoire+ tard)
 - Préciser qu'on va comparer des outils: identifier un outil qui permet de calculer le GI et de mettre en place cette comparaison
 - Aussi: question de l'analyse en routine même si il y aura toujours un regard
- § Question: Peut-on établir la correspondance du calcul de l'index génomique et la détermination du seuil de classification des tumeurs de la technologie Agilent à la technologie Affymetrix pour pouvoir en faire bénéficier les patients analysés au sein du laboratoire dans le cadre diagnostic ou thérapeutique?

Etat de l'art

- § Calcul du GI par Agilent CF les liens du projet GIRONDE
- § ChAS:
 - En quoi est-ce utile
 - En quoi est-ce limité
- § OncoScan™ Console 1.3 (Logiciel propriétaire d'affymetrix):
 - En quoi est-ce utile
 - En quoi est-ce limité
- § On n'utilise pas ces deux outils, on en cherche un autre qui sera plus adapté
 - ce que l'outil devra faire:
 - calculer le GI
 - donc prendre en input les données OncoScan
 - être utilisable en routine automatisable même si il y aura toujours un regard
 - être open source, c'est plus reproductible
- § oncoscanR: pipeline
- § rCGH: pipeline
- § CGHcall: pipeline
- § ASCAT: pipeline

Matériel et Méthodes

Matériel

- Données utilisées
 - préciser que je travaille sur des données brutes/traitées, quels fichiers.
 - ADN tumoral, FFPE, tumeurs GIST (biopsie), patients... quelques phrases pour tout ça
- Logiciels utilisés
 - ChAS version X
 - Rstudio version X
 - R version X
 - packages R:
 - oncoscanR version X -> article...
 - CGHcall version X -> article...
 - ASCAT version X
 - rCGH version X

Méthodes

- "Nativement, chaque outil a des + et des -" -> je détaille dans Résultats
- Comment compare-t-on les outils?
 - § GI
 - comment il est calculé: à partir des segments d'altération
 - ce qui a dû être adapté pour que les 4 outils fassent ce calcul
 - Y a-t-il une proportionnalité similaire entre Agilent et OncoScan? -> graphe de corrélation
(ici, on annonce que cette question est posée dans la partie résultats)
 - § performance
 - vitesse
 - précision
 - courbes ROC

Resultats & Discussion

- Les plus et moins de chaque outil
- Sachant cela, on fait une comparaison des outils:
 - GI
 - Y a-t-il une proportionnalité similaire entre Agilent et OncoScan? -> graphe de corrélation (*ici, on répond à cette question*)
 - Y a-t-il des outils qui n'en expriment pas?
 - performance
 - vitesse: quel est l'outil le plus rapide
 - précision: quel est l'outil le plus précis? (On prend aussi en compte la spécificité, et d'autres paramètres...)
 - courbes ROC
 - Sur cette comparaison, quel est le meilleur compromis vitesse/précision?
- Au vu de ce compromis, du GI obtenu et des points + et - de chaque outil vus dans l'état de l'art, quel est l'outil retenu?
- Conclusion sur la question