

Rapport TD Bioinformatique appliquée aux données en cancérologie

Durant votre analyse de variants structuraux sur une cohorte atteinte de léiomyosarcomes (cancer de tissus mous, muscles lisses) vous avez déterminé 2 groupes de LMS basés sur leur profil d'altération du chromosome 17 p. Vous avez ensuite évalué si ces groupes avaient des caractéristiques cliniques spécifiques (sur la tumeur, le sexe des patients et leur survie). Enfin, à partir de données de RNA-seq, vous avez comparé l'expression des gènes entre ces 2 groupes et associé des voies particulièrement sur- ou sous-exprimées dans l'un et l'autre groupe. Toutes ces informations sont reliées au phénotype des tumeurs (différenciation, localisation, agressivité, voies de signalisation altérées).

1. Décrivez chacun des 2 groupes en fonction des résultats de vos analyses. Il peut s'agir d'un tableau.
2. Essayer d'établir des liens entre les informations. C'est un exemple (!) : amplification chromosomique -> sur-expression de gènes -> voies de signalisation altérées -> agressivité ? Les **liens** que vous établirez, les **hypothèses** qui peuvent en découler devront être **argumentés** de façon claire et concise soit par des évidences provenant des résultats (test statistique, graphique, images etc.), soit par des recherches externes (littérature scientifique, blogs, forums, wikipedia (attention, regarder les sources des informations trouvées) etc.). Le succès des recherches sur internet réside dans les mots clés que vous choisissez, il faut être précis, aussi, la langue de la science et l'anglais, vous aurez plus de résultats si vous cherchez en anglais.
3. Le rapport doit faire entre 1 et 2 pages (sans compter les figures/images). Dans le cas d'informations reportées à partir de sources externes, veillez à les citer dans le rapport. Les descriptions de groupes devraient sensiblement être les mêmes pour tout le monde (peut-être moins pour les résultats d'analyse fonctionnelle des gènes), en revanche pour la deuxième partie, il n'y a pas de mauvaise hypothèse tant qu'elles sont argumentées. Vous trouverez peut-être des liens auxquels je n'ai pas pensé. Ces données sont des données réelles, les groupes que vous analysés existent, mais la compréhension de cette maladie est encore faible. Il s'agit ici d'un exercice de recherche, d'accumulation et de croisement d'indices, il n'y a pas de bonnes réponse.

Ce rapport sera envoyé avant le 15 Janvier 2021.

Bon courage à tous.