

Cahier des Charges pour Analyse non Supervisée en Cytométrie en flux (CMF)



CISA - Plateforme Cytométrie

Faculté de Santé Saint-Antoine

27 rue Chaligny. Pièce 608

Tél : 01 40 P01 13 68

Mél : medecine-cisa-cytometrie@listes.sorbonne-universite.fr

1. Informations générales sur le projet

Titre du projet :

Résumé du projet :

Question(s) biologique(s) :

Nombre de groupes à comparer :

☐ 1 groupe ☐ 2 groupes ☐ 3 groupes ou plus ☐ Time Point

Précisez :

Identification des groupes :

Nombre total d'échantillons à analyser :

Nombre minimum de cellules par échantillon :

Liste des marqueurs & catégories

Marqueur Catégorie (ex : phénotype, biomarqueur, fonction...) Commentaire / Particularité

2. Pré-traitement des données

Barcoding

- Avez-vous barcodé vos échantillons ? ☐ Oui ☐ Non
- Type de barcoding utilisé :
- Informations pour le débarcoding :
- Résultat attendu : 1 fichier FCS par échantillon

Pré-gating

- Type d'échantillon (cochez) : ☐ PBMC ☐ Sang total ☐ Tissu ☐ Autre : (*texte*)
- Marqueur de viabilité utilisé :
- Marqueur universel ou combinaison utilisé(e) :
- Résultat attendu : hiérarchie d'analyse en dot plot (PDF/PPT)

Compensation

- ☐ mono-marquage billes ☐ mono-marquage cellules
 - Résultats attendus : table de compensation + PDF avant/après
-

3. Contrôle qualité des données

Nettoyage algorithmique

- Souhaitez-vous un nettoyage automatique ? ☐ Oui ☐ Non
- Si > 50 % des cellules sont exclues, que faire ?
 - ☐ Supprimer l'échantillon
 - ☐ Garder uniquement les cellules valides
 - ☐ Décider au cas par cas
- Résultat : rapport PDF de nettoyage

Échantillons problématiques

- Viabilité minimale acceptable (%) :
- Nombre minimal de cellules requis :
- Résultat : PPT récapitulatif des échantillons exclus / conservés

Évaluation du batch effect

- Marqueurs sensibles :
- Marqueurs forts :
- Marqueurs essentiels :
- Résultats attendus : dot plots par marqueur + tSNE par groupe (PPT)

Normalisation

- Avez-vous fait un marquage répété sur le même échantillon ? ☐ Oui ☐ Non
 - Si oui : analyse "batchNorm" + PDF
-

4. Analyse non supervisée

Réduction de dimension

- Marqueurs à utiliser :
- Populations à identifier :
- Marqueurs faiblement exprimés :
- Populations ciblées (cochez) : ☐ Toutes ☐ Myéloïdes ☐ Lymphoïdes ☐ Autre :
- Comparaisons / groupes à analyser :
- Résultat attendu : cartes de densité + cartes d'expression

Clustering

- Utilisez-vous les mêmes marqueurs que pour la réduction de dimension ? ☐ Oui ☐ Non → préciser :
- Résultat : carte avec clustering + HeatMap

Abondance cellulaire

- Souhaitez-vous une HeatMap d'abondance par groupe ? ☐ Oui ☐ Non
 - Résultat : HeatMap comparative
-

5. Identification & validation des résultats

Statistiques sur les clusters

- Méthode de significativité souhaitée :
☐ $p < 0,05$ ☐ $p < 0,01$ ☐ $p < 0,001$ ☐ $FDR < 0,05$ ☐ $FDR < 0,01$ ☐ $FDR < 0,001$
- Résultat : volcano plot + box plot

Identification des clusters d'intérêt

- Voulez-vous une identification manuelle des phénotypes ? ☐ Oui ☐ Non
- Informations utiles (bibliographie, réunion préalable, etc.) :

Identification de biomarqueurs

- Biomarqueurs à chercher :
- Populations ciblées :
- Méthode : ☐ CITRUS ☐ HeatMap + analyse manuelle ☐ Analyse booléenne

Analyse statistique globale

- Souhaitez-vous une analyse statistique complète ? ☐ Oui ☐ Non
- Type d'analyse cherchée : (*texte*)

6. Analyse manuelle (optionnelle)

Analyse booléenne

- Souhaitez-vous cette analyse ? ☐ Oui ☐ Non
- Populations ciblées : (*texte*)
- Combinaisons de marqueurs à observer (max. 6) :
- Résultats attendus : tableau brut + gates (PPT) + statistiques

Validation finale (obligatoire)

- Résultats attendus :
 - Dot plots des populations identifiées
 - Box plots des clusters

7. Commentaires complémentaires