

# 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](mailto: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

## **Barcode**

- 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