

---

**GUN HO JANG**, Ontario Institute for Cancer Research

*Une méthode de recalage du nombre de copies utilisant l'intégration objet pour séquencer les données de prochaine génération*

Les mutations ponctuelles et les modifications du nombre de copies sont des caractéristiques répandues des tumeurs. Le séquençage complet du génome est l'une des technologies les plus populaires pour les détecter. Plusieurs méthodes ont été développées pour désigner la modification du nombre de copies en utilisant les comptes lus et les fréquences d'allèles non-référence. Les différences entre la méthode de normalisation et les modèles statistiques présumés aboutissent à des résultats différents. Une méthode de recalage du nombre de copies utilisant l'intégration objet est proposée afin d'évaluer et d'améliorer les appels du nombre de copies. La performance de la méthode proposée est présentée et comparée à plusieurs appelants du nombre de copies, y compris HMMcopy, TitanCNA et Control-FREEC.