

# ***BRCAnegApp* : une application web Shiny pour aider les oncogénéticiens à classer les familles BRCA1/2 négatives selon leur risque de cancer du sein.**

**Y. Drouet<sup>a,b</sup>, V. Bonadona<sup>a,b</sup>, S. Dussart<sup>a</sup> and C. Lasset<sup>a,b</sup>**

<sup>a</sup>Unité de Prévention et d'Épidémiologie Génétique  
Centre Léon Bérard  
28 rue Laennec 69008 Lyon.  
prenom.nom@lyon.unicancer.fr

<sup>b</sup>Equipe Biostatistiques Santé  
UMR CNRS 5558 Laboratoire de Biologie et Biométrie Évolutive  
Université Lyon 1, Villeurbanne, France.

**Mots clefs** : Application Shiny, Aide à la décision, Cancer du sein.

Plus de la moitié des familles suspectées de prédisposition héréditaire au cancer du sein ou de l'ovaire sont dites « BRCA1/2 négatives » (BRCAneg) en l'absence de mutation des gènes BRCA1 et 2 identifiée chez le *cas index* (femme atteinte de cancer ayant bénéficié du test génétique). En raison de facteurs génétiques inconnus ou non pris en compte dans les tests actuels, le risque de cancer du sein est plus élevé dans ces familles que dans la population générale, et certaines pourraient même être exposées à un risque comparable aux familles BRCA1/2 mutées. Afin de leur proposer un dépistage adapté, la Haute Autorité de Santé (HAS) recommande ainsi de les classer en « risque élevé » ou « risque très élevé » de cancer du sein.

Dans cette optique, nous avons récemment développé une méthode originale de classification non supervisée [1]. Brièvement, 6 descripteurs reflétant la sévérité de l'histoire familiale étaient calculés pour 399 familles BRCAneg, puis résumés par les deux premiers axes d'une Analyse en Composantes Principales (ACP). La distance euclidienne sur la carte factorielle correspondante était utilisée comme métrique de similarité dans une classification non supervisée en trois groupes (algorithme des K-means). Deux groupes étaient clairement séparés et considérés à risque élevé (n=157) et risque très élevé (n=67). Les familles du troisième groupe (n=175), dit « intermédiaire » car situé entre les 2 groupes précédents, nécessitaient une évaluation au cas par cas en réunion multidisciplinaire (RCP).

Nous présentons ici l'application *BRCAnegApp* associée à cette nouvelle méthode, qui permet de calculer les coordonnées sur la carte factorielle et le groupe d'appartenance d'une nouvelle famille (Figure 1). Cette application, qui peut être exécutée sur un terminal mobile, est actuellement utilisée (en phase de test) comme outil d'aide à la décision par les oncogénéticiens du Centre Léon Bérard (Lyon). Nous aborderons les aspects techniques liés à son développement et donnerons un premier retour d'expérience sur son utilisation.

## **Références**

[1] Y. Drouet, V. Bonadona, E. Gargano, E. Kardous, H. Chauvin, I. Girerd-Genessay, S. Dussart, S. Handallou, C. Lasset. Classification des familles de type sein-ovaire sans mutation constitutionnelle de BRCA1/2 identifiée, pour le niveau de risque de cancer du sein : apport d'une stratégie d'évaluation multicritères s'appuyant sur une méthode d'analyse factorielle, in *actes des 8<sup>es</sup> Assises de Génétique Humaine et Médicale*, Lyon, 2016.

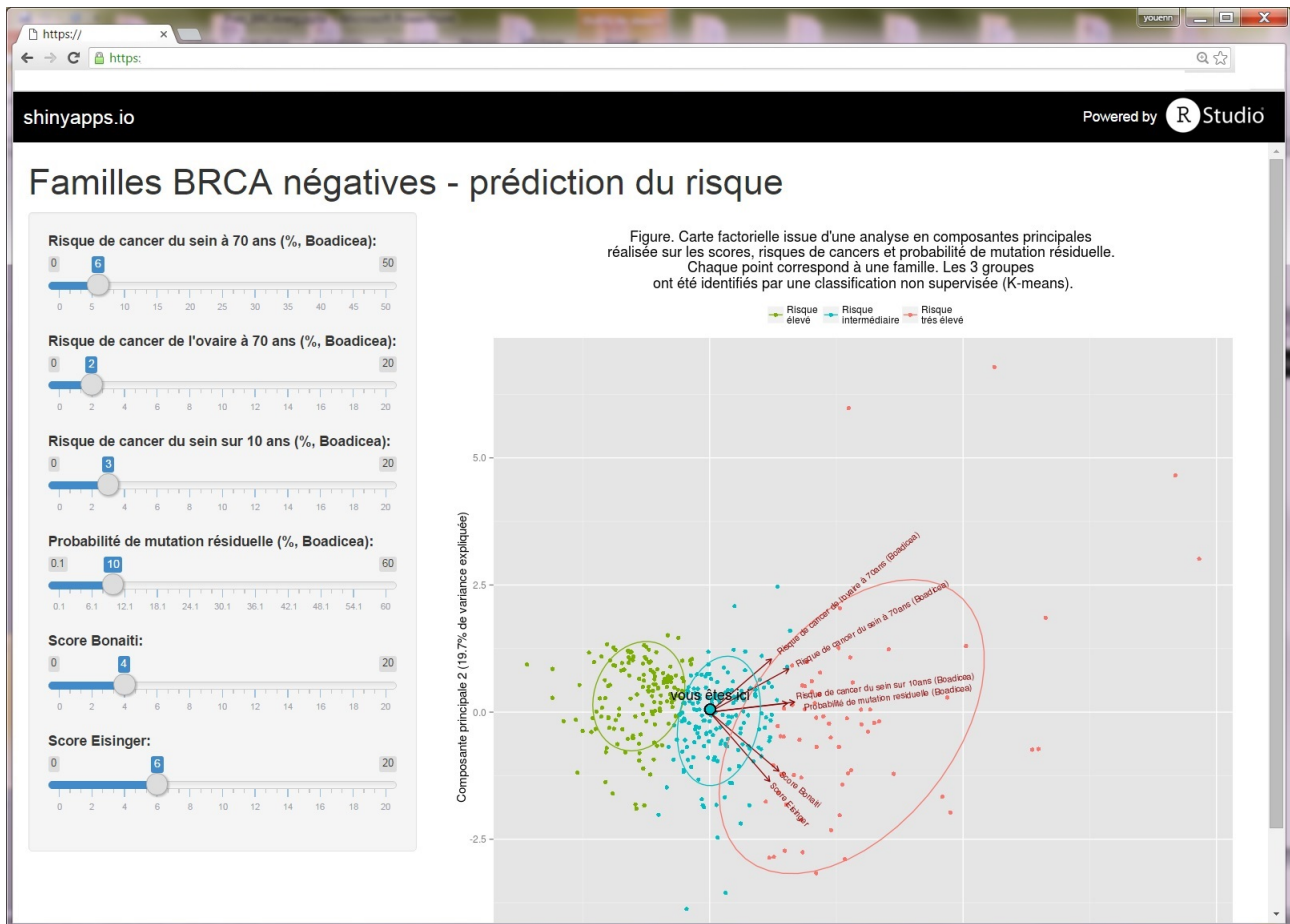


FIGURE 1 – Application web Shiny *BRCAnegApp*