

Compte-Rendu rapide de la réunion du 9 avril 2015

sur le projet ABDC

Il y a eu 3 exposés avec questions et discussions à chaque fois. Aucune date de prochaine réunion n'a été fixée pour l'instant. Comme d'habitude, les textes des présentations et ce CR sont disponibles à l'adresse

<http://forge.info.univ-angers.fr/~gh/Abdc/>

1. Les trois exposés

Matthieu a fourni quelques slides pour essayer d'expliquer ce qu'est l'ADN bactérien en général et en comparaison avec l'ADN humain. On peut en conclure que même si c'est complexe, c'est quand même plus simple et plus petit en volume que l'ADN humain.

Ensuite, Benoit a essayé de nous faire comprendre que « big data » ne veut pas dire grand-chose, sauf à vouloir financer des projets ! Ses slides expliquent les composantes informatiques pour les « grands traitements » et pour les données de « gros volumes ». Le côté philosophique et épistémologique est aussi évoqué, via le « 4ème paradigme » (le livre est en téléchargement gratuit, l'URL est sur le site).

Enfin, Gilles a essayé de détailler ce qu'il nomme « descripteurs » avec des exemples pour des chaînes de caractères, des séquences, des ensembles de séquences. Une ébauche de base de données avec des résultats partiels pour les génomes choisis est à l'adresse

<http://forge.info.univ-angers.fr/~gh/Abdc/eodd.php>

2. Suite du projet

Il semblerait que nous disposions maintenant de suffisamment d'informations pour nous lancer dans le calcul, le stockage et l'expertise de descripteurs. L'idée sous-jacente est de fournir des outils qui permettent de caractériser une séquence (un « *read* ») ou un ensemble de séquences (comme celles du genre *Pseudomonas*) avec suffisamment de recul pour indiquer quelle confiance nous pouvons accorder aux descripteurs, fournir aux utilisateurs du site un moyen de caractériser leurs propres séquences via des descripteurs « bien choisis », mettre en place une *base de connaissances*... Matthieu et Tristan semblent avoir des idées de descripteurs biologiques, ce qui est une bonne chose.

Toute contribution est la bienvenue !

GH, Angers, le 20 avril 2015.