## First monthly report

J'ai effectué deux représentations des clones à partir de fichier données : une représentation en cercle et une en arbre. Je travaille également sur une représentation en arbre à partir du format Newick. Pour faire ces représentations j'ai du me familiariser avec la bibliothèque d3.

J'ai rencontré plusieurs difficultés notamment l'importation de fichier avec la bibliothèque d3. Je n'ai pas réussi à traiter des données importées au format txt. J'ai donc implémenté un script python pour convertir ces fichiers au format json. Pour la représentation en cercle je n'ai pas utilisé la fonction d3.hierarchy.sum() pour pouvoir attribuer les valeurs au différents nœuds car les valeurs de nos nœuds sont en pourcentages. Cette fonction représentait donc un clone avec un pourcentage de 5 % de la même manière qu'un clonotype de 5 %. J'ai donc implémenté une fonction qui donne arbitrairement une valeur à la racine et déduis la valeur de tous les nœud à partir de celle ci et des pourcentages.

La représentation en arbre ne permet pas encore de visualiser l'abondance du clone. La représentation en cercle permet de d'observer de plus prêt chacun des clonotypes d'un clone. Cependant les clones ne sont pas bien distingués par des couleurs différentes.

## C'est quoi un clone?

Les clones des cellules B constituent l'unité fondamentale des répertoires immunitaires. Un répertoire diversifié possède de nombreux clones différents. Les cellules B subissent des évènements de recombinaison somatique et d'hypermutation somatique ce qui créé des répertoires clonaux diversifiés. Cette différenciation des clones se fait durant le développement des cellules B somatiques. On peut alors observer l'évolution d'une population clonale lors des différentes étapes de la maturation des cellules B.

## Pourquoi c'est important de l'étudier ?

Lorsqu'on étudie les clones d'un répertoire immunitaire on détermine le nombre de copies de chaque clone qui le compose. La différence du nombre de copies entre chacun des clones peut être un signe de maladie autoimmune ou d'apparition de cellules B cancéreuses. Il est donc important de suivre l'expansion clonale.

Pourquoi on essaye de représenter des clones ? Importance de la visualisation ?

L'identification des clones à partir de données de séquençage génère beaucoup de données. La représentation de ces clones permet d'observer le répertoire dans son ensemble ainsi que l'abondance des clones. On peut donc visionner rapidement quels sont les clones avec le plus de copies. Cela permet également d'aller voir certains clones en particulier.