

Reflection note from B clone and matsen genotype abundance GCtree

Le premier article traite des répertoires de l'immunité. Ces répertoires sont composés de clones des cellules B. Les cellules B subissent des événements de recombinaisons somatiques et des hypermutations somatiques au cours de leur développement, cela permet de créer un répertoire de clone diversifié. Pour pouvoir définir ces clones il existe plusieurs approches expérimentales (les hybridomes, les phages ...). On peut également utiliser les données fournies par le séquençage haut-débit en regroupant les séquences similaires afin de trouver des parentés entre les clones, on peut alors ensuite étudier la fréquence des clones dans les différents répertoires. Lors du regroupement des clones il faut faire attention au biais, à ne pas négliger les erreurs de séquençages. Ces clones peuvent néanmoins partager des motifs d'anticorps comme c'est le cas dans la leucémie lymphoïde chronique.

Le deuxième article s'intéresse au développement des cellules B dans les centres germinaux et cherche à représenter la diversification des BCR dans l'interférence phylogénique. En effet, ils ont implémentés une méthode Gctree se basant sur un processus stochastique. Cette méthode permet de déduire l'affinité des BCR pour les lignées matures.