

UNIVERSITÉ DE MONTPELLIER

MASTER SCIENCE ET NUMÉRIQUE POUR LA SANTÉ

PARCOURS : BIOINFORMATIQUE, CONNAISSANCE ET DONNÉES

PROJET BIBLIOGRAPHIQUE

**Nouvelle génération de métagénomique :
comparaison de l'utilisation de la méthode des
k-mers contigus et celle des k-mers à graines
espacées**

Mamy ANDRIANTERANAGNA
Promotion 2015-2016

janvier 2016

Sommaire

1	Introduction	1
2	Les algorithmes d'alignement des reads	1
3	Comparaison des deux algorithmes d'alignement	1
4	Discussions et Conclusion	2

1 Introduction

- définition et buts de la métagénomique
 - métagénomique = étude des populations microbiennes via le métagénome
 - métagénome = ensemble des génomes de tous les espèces présentes dans un environnement donné
 - métagénomique → identification, classification et quantification des espèces microbiennes présentes dans un échantillon d'un milieu donné
 - métagénomique → exploration des populations microbiennes des océans, du sol, des tubes digestifs, etc.
 - métagénomique → étude des espèces microbiennes non cultivables
- principe de la métagénomique
 - purification de l'ADN génomique du milieu
 - digestion de l'ADN génomique
 - séquençage
 - comparaison de séquences aux séquences présentes dans les bases de données
- historique et évolution de la métagénomique [?]
 - milieux des années 80 : prise de conscience des microbiologistes sur l'importance et le besoin d'étudier les microorganismes non cultivables -> classification (phylogénétique) des espèces présentes dans un milieu sauvage donné, grâce à l'utilisation de plus en plus facile des séquences d'ARNr 16S (phylogenetic stain) rendue facile (cette facilité est due à des progrès techniques telles que publié dans [?])
 - début des années 90 : PCR → possibilité de cloner entièrement le gène d'ARNr 16S à partir du milieu sans passer par des techniques lourdes ⇒ rapidité et efficacité de la détermination et classification des nouvelles espèces microbiennes [?]
 - fin des années 90 : naissance de l'appellation métagénomique [?]
 - au début, la métagénomique sert uniquement à identifier les espèces présentes dans le milieu étudié puis, par la suite, elle permet aussi de caractériser leurs fonctions
- la nouvelle génération de métagénomique

2 Les algorithmes d'alignement des reads

- principe de la méthode des k-mers contigus
- principe de la méthode des k-mers à graines espacées

3 Comparaison des deux algorithmes d'alignement

- comparaison sur la sensibilité-spécificité des résultats
- comparaison sur l'implémentation, la complexité temporelle et spatiale

4 Discussions et Conclusion

- intérêt des deux méthodes aux contextes actuels de l'étude
- perspective (intérêt futur de la nouvelle approche?)