

Le réseau régional d'ingénieurs en bioinformatique de Lille et le PPF bioinformatique vous convient le **jeudi 9 juin** à une conférence.

Elle se déroulera de 13h30 à 17h30 dans la **salle Arthus au 6ème étage du bâtiment Calmette de l'Institut Pasteur de Lille.**

Première partie : Rayan Chikhi - IRISA Renne

13.30 – 15.00 : "Assemblage de novo"

L'assemblage, sans génome de référence, de données produites par les séquenceurs de dernière génération est un problème très actuel en bio-informatique. Les séquenceurs Illumina et 454 présentent des caractéristiques différentes, menant à des approches d'assemblages différentes. Si l'assemblage de bactéries est aujourd'hui considéré comme un problème simple, celui de produire de bons assemblages pour les espèces eucaryotes reste encore ouvert. Les critères de qualité d'un assemblage font aussi l'objet de discussions. En particulier, deux compétitions internationales récentes sur l'assemblage permettent de tirer des conclusions sur l'expertise globale de la communauté.

Cet exposé est centré sur l'état de l'art des outils disponibles pour l'assemblage sans référence. Un bref rappel des techniques informatiques permet de catégoriser ces outils. L'accent sera mis sur l'assemblage de génomes de grande taille. Des critères de qualité d'un assemblage et les moyens de les calculer seront présentés. Même s'il est difficile de produire un comparatif linéaire de tous les outils disponibles, les ressources de calcul et type de données en entrée peuvent guider un choix d'outil. Enfin, une approche alternative basée sur l'assemblage ciblé sera présentée: démonstration de l'outil Mapsembler développé à l'IRISA.

Deuxième partie : Toby Hocking - INRIA Paris

15.15 - 16.15: "Sustainable R package development using documentation generation"

Le succès de R vient en partie du processus de son développement, qui est à la fois collaboratif, publique, et décentralisé sur internet. Le site <http://R-Forge.R-Project.org> propose depuis 2008 des services qui rendent ce modèle de développement également accessible aux développeurs des packages R. Dans cette présentation nous verrons les fonctionnalités de base du logiciel Subversion qui permettent la mise à jour des projets sur R-Forge. On parlera aussi des autres services proposés : un site web, compilation automatique des packages, et listes de diffusion.

16.30 - 17.30: "Collaborative statistical software development using R-Forge"

Avez-vous du code que vous voudriez partager ? Au cours de cette présentation, nous verrons la construction et la publication d'un package à l'aide des nouveaux packages roxygen et inlinedocs, qui permettent d'intégrer la documentation directement dans le code source. L'avantage est la proximité du code source avec sa documentation, ce qui rend beaucoup plus facile la mise à jour de la documentation. On verra aussi toutes les étapes nécessaires pour soumettre un package au CRAN.

Contact : cecile.lecoeur@good.ibl.fr

