

TP Métagénomique – partie 16S

Vous choisirez un article parmi les 11 fournis et vous en ferez une analyse **en français** incluant :

- 1) un résumé en 5 phrases des **fonctionnalités** de la ressource proposée
- 2) un descriptif des **caractéristiques techniques** de la ressource proposée (langage, type de distribution, base de données incluse, interface d'utilisation...)
- 3) une **analyse critique** de l'approche proposée : points forts, points faibles (1/2 à 1 page maximum).

Article 1 : Mothur

Schloss PD *et al.* **Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities.**

[Appl Environ Microbiol.](#) 2009 Dec;75(23):7537-41. doi: 10.1128/AEM.01541-09. Epub 2009 Oct 2.

Article 2 : QIIME

Caporaso JG *et al.* **QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data.** Nat Methods. 2010 May; 7(5): 335–336. doi: 10.1038/nmeth.f.303

Article + SM

Article 3 : ressource de l'EBI en métagenomique

Mitchell A. *et al.* **EBI metagenomics in 2016 - an expanding and evolving resource for the analysis and archiving of metagenomic data.** Nucleic Acids Res. 2016 Jan 4; 44(Database issue): D595–D603.

Article 4 : Uparse

Edgar R.C. **UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads.** Nature Methods 2013. 10, 996–998 doi:10.1038/nmeth.2604.

Article + SM

Article 5 : MG-RAST

Meyer F. *et al.* **The metagenomics RAST server – a public resource for the automatic phylogenetic and functional analysis of metagenomes.**

BMC Bioinformatics 2008. doi:10.1186/1471-2105-9-386

TP Métagénomique – partie WGS

Article 6 : MetaPhlan

Segata N. *et al.* (2012) **Metagenomic microbial community profiling using unique clade-specific marker genes.** *Nature Methods* 9,811–814

Article + SM

Article 7 : SLIMM

Dadi et al. (2017), **SLIMM: species level identification of microorganisms from metagenomes.** *PeerJ* 5:e3138;

Article 8 : MOCAT2

Kultima et al. (2016), **MOCAT2: a metagenomic assembly, annotation and profiling framework.** *Bioinformatics*. 2016 Aug 15; 32(16): 2520–2523.

Article + SM disponibles sur le site du journal

Article 9 : MEGAN6

Huson et al., (2016); **MEGAN Community Edition - Interactive exploration and analysis of large-scale microbiome sequencing data,** *PLoS Comput Biol*12(6): e1004957

Article 10 : KRAKEN

Wood et al., (2014); **Kraken: ultrafast metagenomic sequence classification using exact alignments.** *Genome Biology* 15:R46

Article 11 : Anvi'o

Eren et al. (2015), **Anvi'o: an advanced analysis and visualization platform for 'omics data.** *PeerJ* 3:e1319