

TP Métagénomique

Vous choisirez un article parmi les 20 fournis et vous en ferez une analyse **en français** incluant :

Pour les articles « outils » de 1 à 12 :

- 1) un résumé en 5 phrases des **fonctionnalités** de la ressource proposée, dans le cas d'un workflow faire plutôt un tableau des principales étapes et principaux outils utilisés pour chacune d'elle.
- 2) un court 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). Pensez à regarder les sites web ou repository git des outils car il y a souvent des mises à jours importantes depuis la publication.

Pour les articles « biologie » de 13 à 20 :

- 1) une à deux phrases expliquant la problématique biologique du papier
- 2) un résumé ou un schéma de la méthode d'analyse choisie
- 3) un résumé des principaux résultats

Articles présentant un outil :

Article 1 : VEBA

Espinza *et al.* **VEBA: a modular end-to-end suite for in silico recovery, clustering, and analysis of prokaryotic, microeukaryotic, and viral genomes from metagenomes.** *BMC Bioinformatics* **23**, 419 (2022)

Article 2 : GTDB-TK

Chaumeil PA. *et al.* **GTDB-Tk: a toolkit to classify genomes with the Genome Taxonomy Database.** *Bioinformatics*, 36(6), 2020, 1925–1927

Article + SM

Article 3 : ncore/MAG

Krakau S. *et al.* **nf-core/mag: a best-practice pipeline for metagenome hybrid assembly and binning.** *NAR Genomics and Bioinformatics*, 2022, Vol. 4, No. 1.

Article 4 : BinSpreader

Tolstoganov *et al.* **BinSPreader: Refine binning results for fuller MAG reconstruction,** *iScience*, Volume 25, Issue 8, 2022.

Article 5 : ATLAS

Kieser S. *et al.* (2020) **ATLAS: a Snakemake workflow for assembly, annotation, and genomic binning of metagenome sequence data.** *BMC Bioinformatics* (2020) 21:257

Article 6 : KAIJU

Menzel *et al.* (2016), **Fast and sensitive taxonomic classification for metagenomics with Kaiju**. *Nature Communication* 7, Article number: 11257;

Article 7 : 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 8 : KRAKEN2

Wood *et al.*, (2019); **Improved metagenomics analysis with Kraken2**. *Genome Biology*; (2019) 20:257.<https://doi.org/10.1186/s13059-019-1891-0>

Article 9 : HUMAnN2

Franzosa *et al.*, (2018); **Species-level functional profiling of metagenomes and metatranscriptomes**. *Nature methods*

Article + SM

Article 10 : MetaWrap

Uritskiy *et al.*, (2018); **MetaWRAP—a flexible pipeline for genome-resolved metagenomic data**. *Microbiome*. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0541-1>

Article 11 : CAT/BAT

Bastiaan von Meijenfeldt *et al.*, (2019); **Robust taxonomic classification of uncharted microbial sequences and bins with CAT and BAT**. *Genome Biology*
Article + SM : <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-019-1817-x#Sec24>

Article 12 : MEGAN-LR

Huson *et al.* **MEGAN-LR: new algorithms allow accurate binning and easy interactive exploration of metagenomic long reads and contigs**. *Biol Direct* 13, 6 (2018). <https://doi.org/10.1186/s13062-018-0208-7>

Articles posant une question biologique

Article 13 : Palleja *et al.*, 2018

Palleja *et al.*, (2018); **Recovery of gut microbiota of healthy adults following antibiotic exposure**. *Nature microbiology*

Article 14 : Lima-Mendez *et al.*, 2015

Lima-Mendez, G. *et al.* (2015) **Determinants of community structure in the global plankton interactome**. *Science* 348.

Article 15 : Vargas *et al.*, 2015

Vargas *et al.* (2015) **Eukaryotic plankton diversity in the sunlit ocean.** Science 348.

Article 16 : Paoli *et al.*, 2022

Paoli *et al.* (2022) **Biosynthetic potential of the global ocean microbiome.** Nature 607, 111–118

Article 17 : Sunagawa *et al.*, 2015

Sunagawa *et al.* (2015) **Structure and function of the global ocean microbiome.** Science 348.

Article 18 : Villar *et al.*, 2015

Villar *et al.* (2015) **Environmental characteristics of Agulhas rings affect interocean plankton transport.** Science 348.

Article 19 : Almeida *et al.*, 2020

Almeida, *et al.* (2020) **A unified catalog of 204,938 reference genomes from the human gut microbiome.** Nature Biotechnology. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0603-3>

Article 20 : Ward *et al.*, 2016

Ward, *et al.* (2016) **Metagenomic Sequencing with Strain-Level Resolution Implicates Uropathogenic *E. Coli* in Necrotizing Enterocolitis and Mortality in Preterm Infants;** Cell reports 14.12: 2912–2924.