TP de Métagénomique

Fiche de rendu de TP

Je vous conseille de remplir la trame de TP au fur et à mesure de votre avancée. Vous allez utiliser plusieurs logiciels obscurs don’t vous n’avez probablement jamais entendu parler. Vous risquer d’oublier de nombreux éléments à leur sujet si vous attendez le dernier moment pour remplir ce document. Veillez à bien mettre les commandes que vous avez tapé lors de leur utilisation

# FastQC

*A quoi sert FastQC ?*

*Qui est son créateur ? Combien de personnes ont contribué à sa réalisation ?*

*Copiez-collez ici la référence appropriée pour citer FastQC dans un article :*

*Est ce un logiciel Open Source ? Justifiez*

*Détaillez les commandes que vous avez utilisé. Que vous apprend FastQC par rapport à votre jheu de données ?*

# Assemblage

*Quel logiciel avez vous utilisé pour l’assemblage ?*

*Pourquoi avons nous utilisé ce logiciel et pas un autre comme MEGAHIT ?*

*Et ce un logiciel Open Source ?*

*Copiez-collez ici la référence appropriée pour citer ce logiciel dans un article :*

*Reportez ici vos statistiques d’assemblages. Elles se trouvent dans le fichier log du logiciel et également dans le log de slurm*

## Visualisation

*Quel logiciel avez vous utilisé pour la visualisation du graph d’assemblage ?*

*Et ce un logiciel Open Source ? Justifiez*

*Copiez-collez ici la référence appropriée pour citer ce logiciel dans un article :*

*Quels critères vont ont orienté dans le choix votre sous-graph d’assemblage ?*

# Identification

Quel fasta avez vous utilisé, pourquoi ?

Collez une capture d’écran du graph d’assemblage mettant en évidence votre MAG

# Binning Préhistorique

Comment avez vous choisi votre séquence de départ ?

Définissez contiguité

Combien de séquences composent votre MAG ? Combien de nucléotides ?

# Annotation de votre MAG

Donnez la commande utilisée pour annoter votre MAG.

Détaillez les caractéristiques d’annotation : Nombre de CDS, de tRNA, rRNA CRISPR etc.

# Taxonomie de votre MAG

Détaillez le processus d’attribuytion taxonomique. Discutez de sa précision. Comment auriez vous pu vous y prendre pour que ce soit mieux ?

Quelle est la taxonomie de votre MAG.

# Anvi’o sur votre MAG

Votre MAG est il homogène ?

# Exercice : Pseudo-Métagénomique

- Détaillez vos observations.

- Selon vous, combien d'organismes génétiquement distincts composent cet échantillon pseudo-métagénomique ?

- Que pouvez vous dire sur la structure des MAGS ? Proposez des interprétations buiologiques des figures mathématiques observées.

- Extrayez une portion de séquence de chaque graph. Blastez en brut sur le NCBI. Inférez une taxonomie potentielle. Expliquez sur quoi se base cette taxonomie.

- A partir de la taxonomie inféré avec Blast, trouvez l'organisme considéré sur le NCBI. Téléchargez la séquence codante de son ARN 16S. Utilisez la fonction ```Blast``` de ```Bandage``` pour placer l'ARN sur votre graph. Qu'observez vous ? N'hésitez pas à jouer avec les paramètres de Blast si vous n'êtes pas satisfaits du résultat.

- Faites un dessin sur du papier ou avec paint pour représenter, selon vous l'organisation potentielle des fragments d'ADN les uns par rapport aux autres.

## PROKKA

Retombez vous sur votre estimation taxonomique première ? Avez vous confiance en ces données, justifiez.

## Anvi’o

Que vous apprend l’output visuel d’Anvi’o ?

Quelles informations d’annotations fonctionnelles vous donne Anvi’o ?

### Complétude de génome

### Visualisation

# Conclusion

Proposez une conclusion pour ce TP. Qu’avez vous appris ? Avez vous confiance dans vos mesures ? Justifiez ? Quelles sont les limites de vos analyses ? Quelles sont les perspectives et débouché d’un travail de cette forme ?