



HAL
open science

FROGS, 10 ans de développement logiciel dédié à la description des microbiotes

Géraldine Pascal, Gabryelle Agoutin., Lucas Auer, Maria Bernard, Olivier Rué

► **To cite this version:**

Géraldine Pascal, Gabryelle Agoutin., Lucas Auer, Maria Bernard, Olivier Rué. FROGS, 10 ans de développement logiciel dédié à la description des microbiotes. JAS PHASE 2024, pp.79, 2024. hal-04779522

HAL Id: hal-04779522

<https://hal.inrae.fr/hal-04779522v1>

Submitted on 13 Nov 2024

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



INRAE



Résumés proposés aux JAS 2024

Département physiologie animale et systèmes d'élevage



Table des matières

Rôle de l'hormone thyroïdienne dans les neurones à parvalbumine du cortex chez la souris	5
Evaluation intégrée du bien-être positif chez les chèvres laitières : une première étude expérimentale combinant approches éthologiques et numériques	6
Animaux et humains en élevage, mieux se comprendre pour un bien-être mutuel : une thématique de recherche transversale du département Phase	7
Enrichir l'environnement des agneaux permet de les rendre moins sensibles à la frustration	9
Bien-être animal : un concept évolutif.....	10
Bien-être des porcs et des volailles en élevages biologiques et de plein air : apports du projet européen PPILOW	11
Elevage de porcs mâles non castrés en agriculture biologique : zootechnie et comportement. Le poivre des moines, une aide ?	13
Offrir chaque jour deux fourrages de façon asynchrone : une incroyable faculté d'adaptation des chèvres pour exprimer leurs préférences alimentaires	15
Les conditions précoces d'élevage artificiel des agnelles ont-elles un impact sur leurs capacités maternelles ultérieures au pâturage ?	16
Organoïdes endométriaux comme modèle d'étude <i>in vitro</i> de l'endométrite chez la jument.....	17
La méthode Trust technique® peut-elle améliorer le bien-être animal ? Preuve de concept sur le stress et l'agressivité des rongeurs.	19
Validation du prélèvement de jus de rumen par intubation œsophagienne pour inoculer des mini fermenteurs continus ..	20
Quels dispositifs alternatifs aux canules permanentes pour établir des recommandations en vitamines, minéraux et acides aminés des ruminants ?	22
Identification de facteurs clés pour l'amélioration de la pluripotence et la génération de chimères chez le Lapin	23
De nouvelles lignées de cellules souches pluripotentes de Canard peuvent répliquer efficacement des virusInfluenza aviaires.	24
Comment et pourquoi collaborer avec les SHS dans les projets en physiologie animale ? Retour sur expérience du projet AlterFi	25
Recherches d'alternatives à l'utilisation des ruminants fistulés (Alterfi)	27
Méthodes <i>in vitro</i> pour estimer la dégradation ruminale des protéines et de l'amidon des aliments des ruminants.....	29
Quelles conséquences d'un enrichissement de l'environnement néonatal des poussins sur les performances, le microbiote intestinal et la santé des poulets ?.....	30
Rôle du facteur de transcription pionnier DUXC lors du développement embryonnaire précoce chez le bovin.....	32
Recherche de biomarqueurs prédictifs de la réussite du transfert d'embryon chez la génisse (PRATEG).....	33
Utilisation des outils de modification du génome pour décrypter la génétique de la signalisation thyroïdienne <i>in vivo</i>	34
Optimisation du prime editing pour induire des modifications génétiques ciblées et prédéfinies <i>in ovo</i> chez la souris	35
Héritage paternel : impacts du stress des mâles sur la descendance chez les oiseaux.....	37
Quel lien entre réserves énergétiques musculaires et développement embryonnaire précoce ?.....	38
La transcriptomique en cellule unique révèle les processus de maturation induits dans chaque type cellulaire de l'épithélium intestinal lors de la transition alimentaire du sevrage chez le lapin	40
Diversité de la composition en oligosaccharides du lait de lapine et associations avec la mise en place du microbiote caecal et la survie des lapereaux.....	42

Effets d'un stress thermique aigu ou sous forme d'une vague de chaleur sur l'intégrité de la barrière intestinale chez le porc	43
Utiliser la bio-réactivité des plantes tropicales pour perturber les nématodes gastro-intestinaux des petits ruminants.....	45
Favoriser l'usage des plantes en élevage	46
Phénotypage de la résilience des ruminants dans un contexte de transition agroécologique et de changement climatique.	47
Planifier la biodiversité dans les systèmes aquacoles : un flux opérationnel pour concevoir de nouvelles polycultures de poissons.....	49
Les systèmes d'élevage agropastoraux (Méditerranéens) comme 'modèles' agroécologiques pour s'adapter au changement climatique ?	50
Produire du lait en minimisant l'excrétion d'azote des vaches laitières avec des régimes associant herbe verte et ensilage de maïs : un compromis à trouver	52
Réduction de la teneur en protéines et du bilan électrolytique dans les aliments chez le poulet de chair : Conséquences sur les flux d'azote et les émissions gazeuses au bâtiment	53
Patuchev : performances techniques et environnementales de trois conduites maximisant l'utilisation de l'herbe en élevage caprin.....	55
Les porcs les plus performants n'ont pas toujours la plus faible empreinte environnementale	56
Le transfert extracellulaire d'électrons est-il un acteur ignoré de la production de méthane dans l'écosystème du rumen ?	57
Investigation multi-omique pour déchiffrer les relations hôte-microbiote chez les bovins laitiers dans le contexte de l'atténuation du méthane	58
Compromis environnementaux de la diminution de la fraction de protéines animales dans l'alimentation de la population française	59
Flux de biomasse, azote et énergie de systèmes agri-alimentaires : le cas de l'Oust à Brocéliande communauté.....	60
Modélisation des interactions au sein des élevages bovins laitiers par une méthode statistique basée sur les copules	62
INRAE-EVs Network : les vésicules extracellulaires... ? Ça bouge à INRAE !.....	63
Mécanismes de prise de masse musculaire chez la truite : couplage entre métabolisme mitochondrial et synthèse protéique	64
ESTHER, la base de données et le serveur dédiés à l'analyse des séquences de protéines au sein de la superfamille des cholinestérases apparentées	65
Signature de la lipolyse spontanée dans le lait de ruminants.....	66
Combiner analyses statistiques intégratives et prédiction bioinformatique du secrétome et du surfacéome pour comprendre le dialogue inter-organes	68
Produire de la viande biologique qui valorise les territoires avec le troupeau allaitant	70
Sécuriser les systèmes d'élevage en zone contaminée – Cas de la crise Chlordécone aux Antilles : de la modélisation des processus de transfert de la chlordécone à l'application sur le terrain d'un outil d'aide à la décision	71
Peut-on moduler les teneurs en vitamines B des produits laitiers chez les Ruminants ?	73
Recherche internationale collaborative sur le classement de la viande bovine en fonction de sa qualité en bouche selon les normes de la Commission économique pour l'Europe des Nations Unies afin de mieux répondre aux attentes des consommateurs	75
Comment la diversification des modes d'élevage en Europe influence-t-elle les principaux indicateurs de la qualité de la viande de poulet ?.....	77
Vers l'évaluation conjointe de la qualité intrinsèque et des impacts environnementaux de la viande porcine : Cas d'étude expérimental combinant type génétique et alimentation des animaux	78

FROGS, 10 ans de développement logiciel dédié à la description des microbiotes	79
Identification de biomarqueurs non invasifs du stade du cycle de reproduction dans le métabolome et le stéroïdome de la salive de jument.	81
Construction et validation d'un modèle de prédiction précoce de l'efficacité alimentaire en utilisant des biomarqueurs plasmatiques chez le bovin	82
Phénotypage des ruminants d'élevage : vers des outils peu invasifs alliant la découverte de biomarqueurs avec de nouvelles méthodes d'accès aux fluides et d'analyses intégratives	84
L'UE Herbipôle innove pour le phénotypage haut débit au service de la transition agroécologique	86
Vers une prédiction automatique des besoins nutritionnels et du bien-être de chaque truie gestante	87
L'imagerie : des mesures de morphologies aux estimations de la composition corporelle des ruminants	88
Le WoW : une plateforme intégrée, un algorithme (<i>Kfino</i>) et une <i>web app</i> (ORIOLE) pour l'autopésée des ovins dans un éventail de systèmes	90
Comprendre les impacts des changements d'échelle sur les gains d'efficacité des systèmes bovins allaitants dans les pâturages dans le Massif Central : une approche de modélisation.....	92
Peer Community In Animal Science: un modèle de publication libre pour une science transparente et ouverte	94

FROGS, 10 ans de développement logiciel dédié à la description des microbiotes

Auteur – Orateur : PASCAL Géraldine

Unité : 1388 GenPhySE

Liste complète des auteurs :

Agoutin. G. (GenPhySE), Auer L. (IaM), Bernard M. (GABI/Sigenae), Pascal G. (GenPhySE), Rué O. (MaIAGE/Migale)

Grand Objectif scientifique :

GOS 5 – Priorité 1

Résumé :

FROGS est un logiciel INRAE pour l'analyse des séquences métabarcoding, utilisé principalement pour les études de tous les microbiotes. FROGS fournit une solution ouverte à tous avec une interface graphique, conviviale et rapide. Basé sur le système de plateformes Galaxy, il permet la construction de workflow et donc la « FAIRisation » des traitements. Le logiciel est aussi utilisable en ligne de commande pour le traitement de larges jeux de données et pour une utilisation experte.

Depuis son 1^{er} déploiement en 2015, FROGS a connu plusieurs évolutions majeures :

- Intégration de nouveaux algorithmes et amélioration de la qualité des données : au fil du temps, FROGS a intégré des algorithmes plus performants pour la reconstruction (vsearch), la caractérisation (swarm v3, dada2, ITSX, OTU filter) et la classification des espèces, permettant une analyse plus précise et rapide des données. Les versions successives ont vu des améliorations significatives en termes de vitesse de traitement et de gestion de la mémoire, rendant FROGS moins énergivore, plus efficace pour les plus grands jeux de données.
- Ajout de nouvelles fonctionnalités : au fil des versions, FROGS s'est pourvu des outils d'analyses statistiques et d'inférence fonctionnelle.
- Une compatibilité accrue : FROGS a amélioré sa compatibilité avec différents types de données *e.g.* les amplicons ITS (champignons) et les lectures issues de séquençage long-read.
- Plus de bases de données de référence : FROGS a élargi considérablement son jeu de bases de données pour l'affiliations des espèces. Ces bases de données sont ouvertes à tous.
- Déploiement sur de nombreuses plateformes : plus de 25500 téléchargements dans le monde (distribution *via* CONDA et Galaxy Toolshed), historiquement installé uniquement sur les plateformes genotoul Bioinfo et Migale, aujourd'hui en France, une dizaine de plateformes proposent FROGS et notamment la plateforme nationale de l'Institut Français de Bioinformatique (IFB-core).
- FROGS et outils satellites : des outils compagnons ont été développés par des collègues de Migale *i.e.* affiliationExplorer et une plateforme de description des banques de données FROGS (stage master2).
- Communauté et support : le développement de FROGS a bénéficié d'une forte implication de la communauté scientifique, avec le traitement des dysfonctionnements remontés sur github, la création et le partage de tutoriels, la tenue de 2 à 3 formations annuelles (+ de 400 pers. formées) et un support technique actif pour aider les utilisateurs. FROGS a été cité plus de 700 fois dans des revues à comité de lecture de tous les domaines : santé, environnement, animaux, végétaux, humains.

En résumé, FROGS a évolué pour devenir un outil ouvert, flexible, adapté à sa communauté bénéficiaire, grâce à des améliorations continues en termes de performance, de précision et de facilité d'utilisation. Des nouveautés sont actuellement en cours de développement, FROGS 5 sera mis en production sous Galaxy en 2025.

Références bibliographiques :

- Escudie, F., L. Auer, M. Bernard, M. Mariadassou, L. Cauquil, K. Vidal, S. Maman, G. Hernandez-Raquet, S. Combes and G. Pascal (2018). "FROGS: Find, Rapidly, OTUs with Galaxy Solution." *Bioinformatics* 34(8): 1287-1294.
- Bernard, M., O. Rue, M. Mariadassou and G. Pascal (2021). "FROGS: a powerful tool to analyse the diversity of fungi with special management of internal transcribed spacers." *Brief Bioinform* 22(6).
- Hakimzadeh, A., A. Abdala Asbun, D. Albanese, M. Bernard, D. Buchner, B. Callahan, J. G. Caporaso, E. Curd, C. Djemiel,

- M. Brandstrom Durling, V. Elbrecht, Z. Gold, H. S. Gweon, M. Hajibabaei, F. Hildebrand, V. Mikryukov, E. Normandeau, E. Ozkurt, M. P. J, G. Pascal, T. M. Porter, D. Straub, M. Vasar, T. Vetrovsky, H. Zafeiropoulos and S. Anslan (2024). "A pile of pipelines: An overview of the bioinformatics software for metabarcoding data analyses." Mol Ecol Resour 24(5): e13847.
- Olivier Rué, Monika Coton, Eric Dugat-Bony, Kate Howell, Françoise Irlinger, Jean-Luc Legras, Valentin Loux, Elisa Michel, Jérôme Mounier, Cécile Neuvéglise and Delphine Sicard (2023) Comparison of metabarcoding taxonomic markers to describe fungal communities in fermented foods, Peer Community Journal, 3: e97.
 - Outil compagnon : AffiliationExplorer <https://shiny.migale.inrae.fr/app/affiliationexplorer>
 - Distribution :
 - Conda : <https://anaconda.org/bioconda/frogs>
 - Github : <https://github.com/geraldinepascal/FROGS>
 - Galaxy Toolshed: <https://toolshed.g2.bx.psu.edu/view/frogs/frogs/834843ebe569>
 - Site web : <http://frogs.toulouse.inrae.fr/>

Mots-clés : Métabarcoding, microbiote, logiciel, bases de données, ITS, long-read, science ouverte, FAIR, workflow, Galaxy.



**Département Physiologie Animale et
Systèmes d'Élevage**
37380 Nouzilly
Tél. : +33 2 47 42 75 58

Rejoignez-nous sur :



https://twitter.com/INRAE_DPT_PHASE

<https://www.inrae.fr>

l'agriculture, l'alimentation et l'environnement

INRAE
la science pour la vie, l'humain, la terre