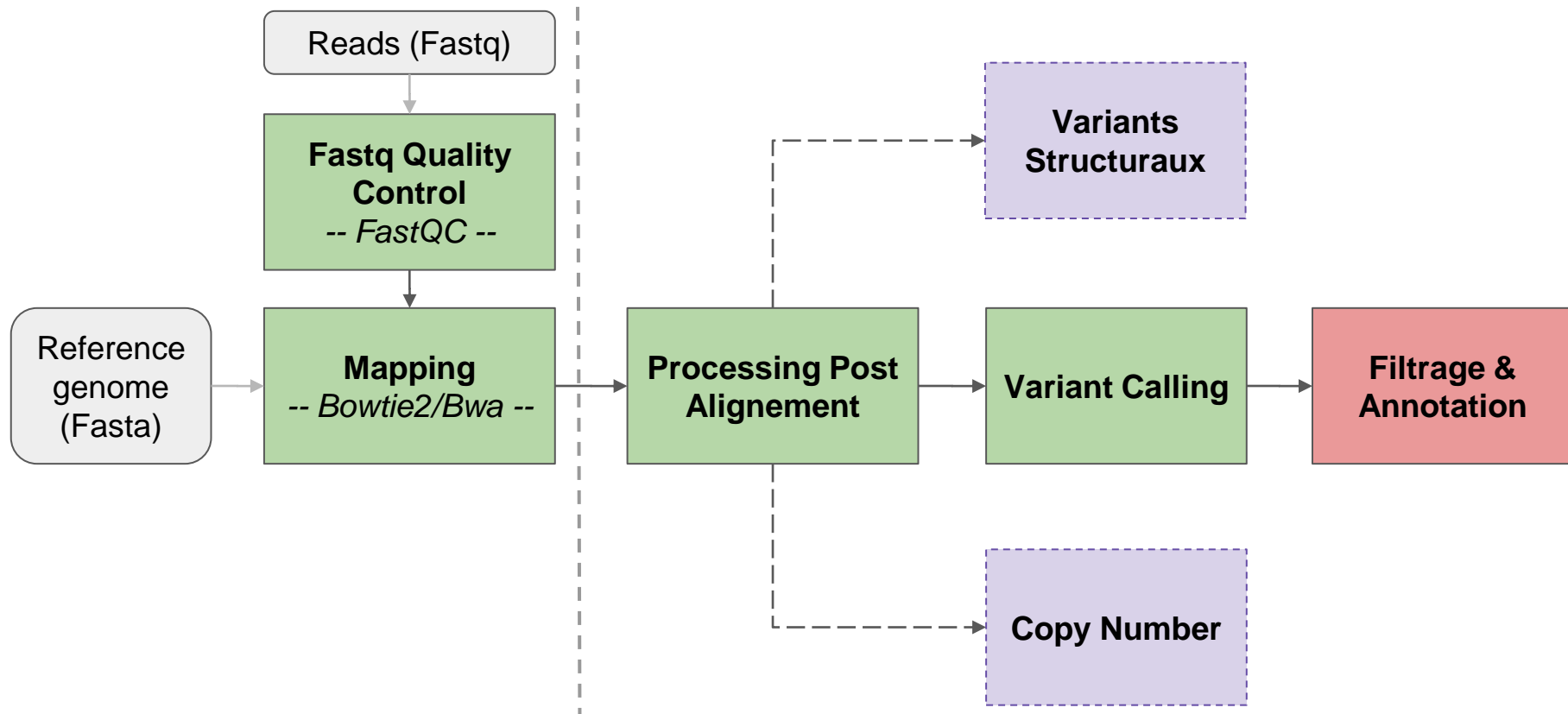


Filtrage & Annotation

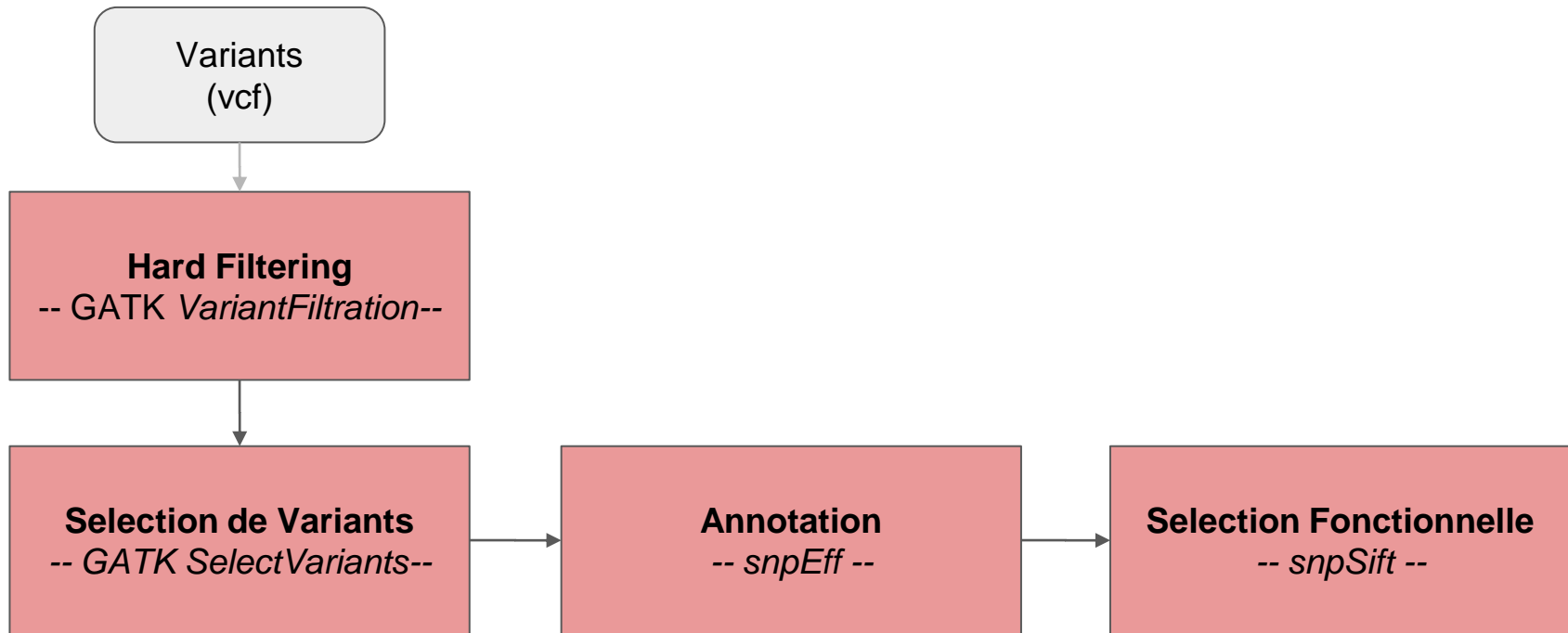
Mathieu Charles - INRAE

Présentation d'Olivier Rué - INRAE

Workflow



Workflow - Filtrage et Annotation



Filtres des variants

- De **nombreux filtres** peuvent être appliqués sur le VCF
 - type de variants à garder (SNVs seulement, Indels...)
 - région d'intérêt
 - seuils arbitraires : profondeur, génotype (0/1, 1/1), ratio allélique...
- Filtres difficilement transposables entre analyse :
 - dépendent de la **question biologique**
 - dépendent des outils utilisés
- **GATK Bests Practices** : recommandations selon des métriques spécifiques à GATK, différentes pour les SNVs des Indels

SelectVariants et Hard filtering

```
# Préparation d'un nouveau répertoire de résultats et chargement de module
$ cd ~/tp_variant/filter_and_annot
$ mkdir -p ~/tp_variant/filter_and_annot/logs
$ module load gatk4/4.1.7.0

# Extraction des SNVs dans un fichier séparé pour GATK
$ sbatch -J GATK_SNP -o logs/GATK_SNP.out -e logs/GATK_SNP.err --mem=8G --wrap=" \
    gatk SelectVariants --java-options '-Xmx8G' \
    -R ~/tp_variant/genome/Bos_taurus.UMD3.1.dna.toplevel.6.fa \
    -V ~/tp_variant/GATK/vcf/pool_GATK.vcf \
    --select-type SNP -O pool_GATK.SNP.vcf"

# Extraction des SNVs dans un fichier séparé pour Varscan
$ sbatch -J Varscan_SNP -o logs/Varscan_SNP.out -e logs/Varscan_SNP.err --mem=8G --
wrap="gatk SelectVariants --java-options '-Xmx8G' \
    -R ~/tp_variant/genome/Bos_taurus.UMD3.1.dna.toplevel.6.fa \
    -V ~/tp_variant/Varscan/pool_Varscan_dict.vcf \
    --select-type SNP -O pool_Varscan.SNP.vcf"
```

SelectVariants et Hard filtering

- **QD** - QualByDepth : Score $QUAL / AD$ [profondeur allélique]
- **FS** - FisherStrand :
- **SOR** - StrandOddsRatio: } Score estimant un éventuel biais de brin
- **MQ** - MappingQuality : Qualité de mapping moyenne sur l'ensemble du read
- **MQRankSum** : Teste un biais de différence de qualité de mapping entre allèles
- **ReadPosRankSum** : Teste un biais de position des allèles le long du read

[HowTo: Apply hard filters to a call set](#)

[I am unable to use VQSR \(recalibration\) to filter variants](#)

[how to understand and improve upon the generic hard filtering recommendations.](#)

doc GATK

SelectVariants et Hard filtering

```
# Filtrage des SNVs selon les filtres recommandés par GATK
$ sbatch -J GATK_SNP_filter -o logs/GATK_SNP_filter.out -e logs/GATK_SNP_filter.err -
-mem=8G --wrap="gatk VariantFiltration --java-options '-Xmx8G' \
-R ~/tp_variant/genome/Bos_taurus.UMD3.1.dna.toplevel.6.fa \
-V pool_GATK.SNP.vcf -O pool_GATK.SNP.prefilt.vcf \
-filter 'QD < 2.0' --filter-name 'QD2' -filter 'SOR > 3.0' --filter-name 'SOR3' \
-filter 'FS > 60.0' --filter-name 'FS60' -filter 'MQ < 40.0' --filter-name 'MQ40' \
-filter 'MQRankSum < -12.5' --filter-name 'MQRankSum-12.5' \
-filter 'ReadPosRankSum < -8.0' --filter-name 'ReadPosRankSum-8'"

# Sélection des variants passant ce filtre
$ sbatch -J GATK_SNP_PASS -o logs/GATK_SNP_PASS.out -e logs/GATK_SNP_PASS.err --
mem=8G --wrap="gatk SelectVariants --java-options '-Xmx8G' \
-R ~/tp_variant/genome/Bos_taurus.UMD3.1.dna.toplevel.6.fa \
-V pool_GATK.SNP.prefilt.vcf \
--exclude-filtered \
-O pool_GATK.SNP.filtered.vcf"
```

Intersection des résultats des variant callers

```
# Intersection des variants obtenus avec Varscan et avec GATK post filtering

# Compression et indexation des fichiers vcfs
$ module load bcftools/1.9

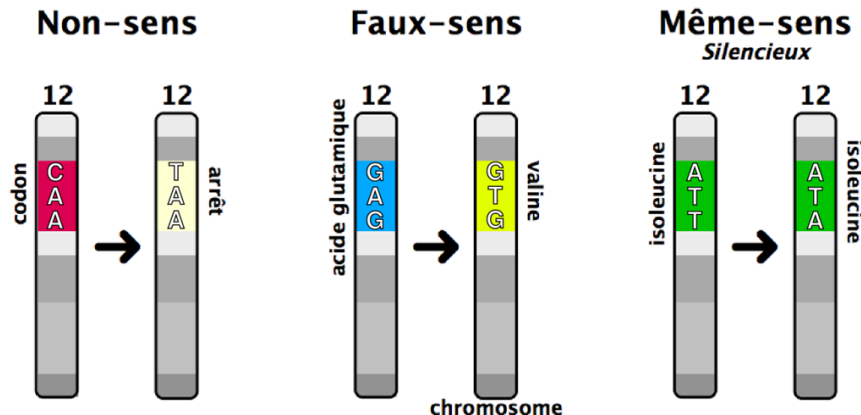
$ bgzip -c pool_GATK.SNP.filtered.vcf > pool_GATK.SNP.filtered.vcf.gz
$ tabix -p vcf pool_GATK.SNP.filtered.vcf.gz

$ bgzip -c pool_Varscan.SNP.vcf > pool_Varscan.SNP.vcf.gz
$ tabix -p vcf pool_Varscan.SNP.vcf.gz

$ sbatch -J GATK_varscan_isec -o logs/GATK_varscan_isec.out \
  -e logs/GATK_varscan_isec.err --mem=8G --wrap=" \
  bcftools isec -f PASS -n +2 -w 1 -O v \
  pool_GATK.SNP.filtered.vcf.gz pool_Varscan.SNP.vcf.gz \
  > GATK_varscan_inter.vcf "
```

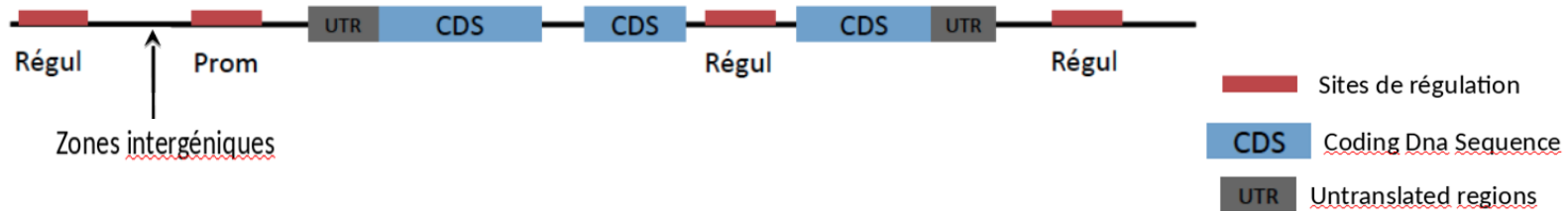

Annotation des variants

- Ajout d'**informations biologiques pertinentes** aux variants :
 - Est-ce que mes variants sont connus ?
 - Où se positionnent mes variants ?
 - Quel est l'effet d'une mutation sur le CDS qui le contient ?



Annotation des variants

- Annotation structurale :
→ Mon variant se trouve-t-il dans un **intron**, un **exon** ?
- Annotation fonctionnelle :
→ Informations sur la région ? Exemple : CDS codant pour une protéine
- Impacts potentiels :
→ Dans le cas d'un CDS, **protéine produite tronquée**, allongée, décalée... ou silencieuse (redondance du code génétique)



Annotation des variants

- Nécessité d'avoir des **bases de données** associées aux organismes étudiés (Ensembl, Refseq...)
- Exemples d'outils/algorithmes :
 - SnpEff
 - VEP
 - Annovar
 - SIFT, POLYPHEN2, CADD...

Snpeff

```
# Création de la base de données Snpeff
$ module load snpeff/4.3.1t
$ snpeff -version # affiche la version (v4.3t)

$ echo BosTaurus.genome >> snpeff.config # <genome_name>.genome
$ mkdir -p BosTaurus
$ cp ~/tp_variant/genome/Bos_taurus.UMD3.1.dna.toplevel.6.fa BosTaurus/sequences.fa
$ cp ~/tp_variant/genome/Bos_taurus.UMD3.1.93_6.gtf BosTaurus/genes.gtf
$ echo -e "BosTaurus\nSnpeff4.3t" > BosTaurus.db

$ sbatch -J snpeffBuild -o logs/snpeffBuild.out -e logs/snpeffBuild.err --mem=8G \
--wrap="snpeff build -c snpeff.config -gtf22 -v BosTaurus -dataDir ."
```

```
# Annotation avec notre base de données
$ sbatch -J snpeffAnnot -o logs/snpeffAnnot.out -e logs/snpeffAnnot.err --mem=8G \
--wrap="snpeff eff -c snpeff.config -dataDir . BosTaurus -s snpeff_res.html \
GATK_varscan_inter.vcf > GATK_varscan_inter.annot.vcf"
```

SnpSift

```
$ module load snpsift/4.3.1t
```

```
$ SnpSift filter -h # affiche l'aide (v 4.3t)
```

```
# Garder les variants codant qui ne sont pas des synonymes :
```

```
$ sbatch -J snpsift1 -o logs/snpsift1.out -e logs/snpsift1.err --mem=8G --wrap=" \
cat GATK_varscan_inter.annot.vcf | SnpSift filter -Xmx8G \
\"(ANN[*].EFFECT != 'synonymous_variant') && (ANN[*].BIOTYPE = 'protein_coding')\" \
> GATK_varscan_inter.annot.coding.nosyn.vcf"
```

```
# Sélectionner notre variant d'intérêt parmi les variants hétérozygotes ayant un impact (missense)
```

```
$ sbatch -J snpsift2 -o logs/snpsift2.out -e logs/snpsift2.err --mem=8G --wrap=" \
cat GATK_varscan_inter.annot.coding.nosyn.vcf | SnpSift filter -Xmx8G \
\"ANN[*].EFFECT = 'missense_variant' & isHet( GEN[2] ) & isVariant( GEN[2] ) \
& isRef( GEN[0] ) & isRef( GEN[1] ) \" \
> GATK_varscan_inter.annot.coding.nosyn.filtered.vcf"
```

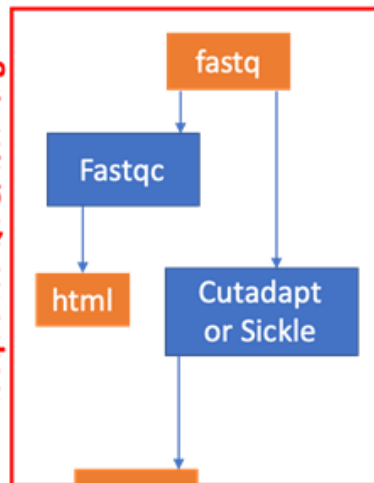
Variant d'intérêt

- Quelle type de mutation est impliquée dans notre phénotype d'intérêt pour l'individu SRR1262731 ?
- Quel est son génotype ? Sur quel gène se situe-elle ?
- Qu'en est-il pour les autres individus ?

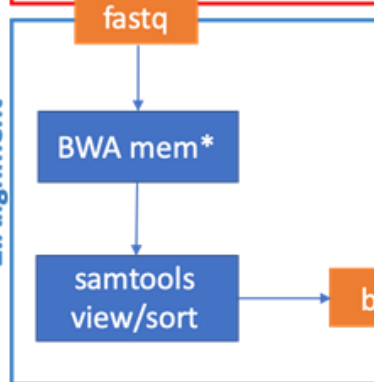
→ Le variant est **hétérozygote ALT (0/1)** pour l'individu SRR1262731, il comporte une mutation de type SNP (A → C) située sur le gène **ABCG2**, en position **38027010** du **chromosome 6**.

→ Pour les deux autres individus, ils ne comportent pas cette mutation : ils sont homozygote référence (GT: 0/0).

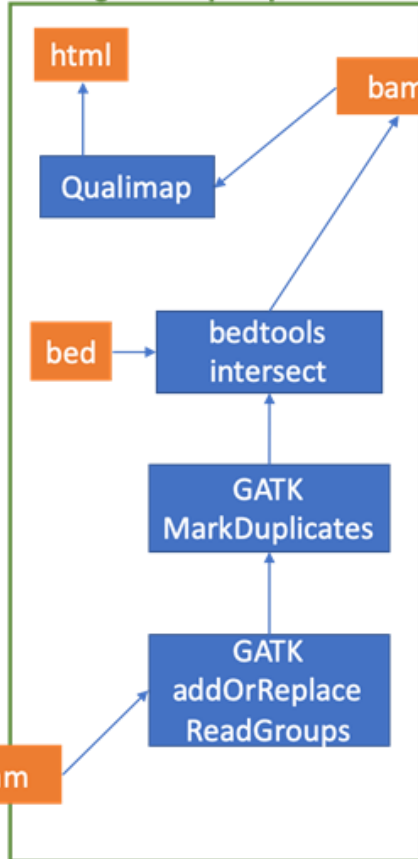
1.Sequence QC & cleaning



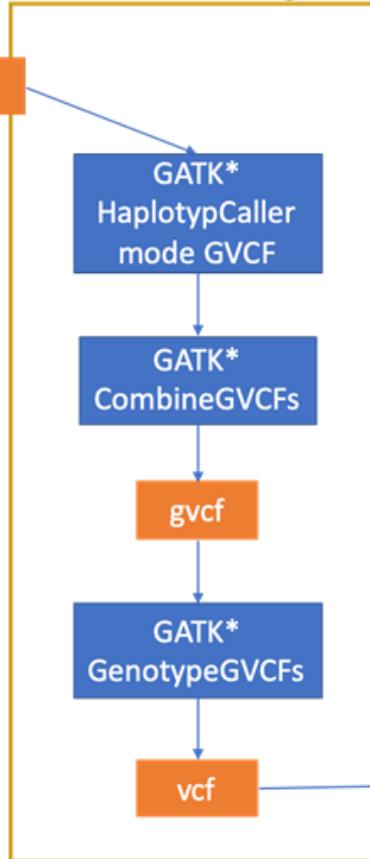
2.Alignment



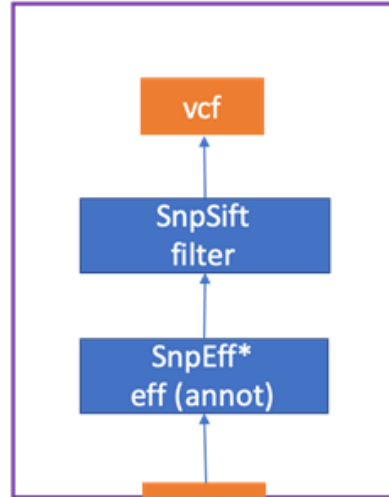
3.Alignment postprocess



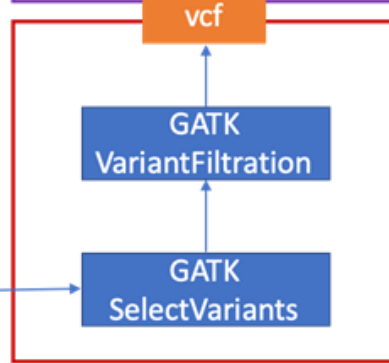
4.Variant calling



6.Variant annotation



5.Variant filtering



* need specific index