

Jędrzej Kuczyński

Analiza Danych Wysokoprzepustowych

Sprawozdanie z laboratorium #2

Sekwencja referencyjna: >CM001378.3 Felis catus isolate Cinnamon breed Abyssinian chromosome A1, whole genome shotgun sequence. Pierwsze 2000 nukleotydów.

Długość	Nazwa	Bowtie	Bowtie2	SOAP2
25	exact	+++	+++	---
	1 mismatch	+++	+++	---
	2 mismatch	+++	++-	---
	1 gap	--+	+++	---
	1 mismatch + 1 gap	+-	---	---
	1 insert	---	+++	---
50	exact	+++	+++	+++
	1 mismatch	+++	+++	+++
	2 mismatch	+++	+++	+++
	1 gap	--+	+++	---
	1 mismatch + 1 gap	---	+++	---
	1 insert	---	+++	---
	Wystaje z lewej	+	+	+
	Wystaje z prawej	+	+	+
	RNA	-	+	-
	komplementarna	-	-	-
100	exact	+++	+++	+++
	1 mismatch	+++	+++	+++
	2 mismatch	+++	+++	+++
	1 gap	---	+++	---
	1 mismatch + 1 gap	---	+++	---
	1 insert	---	+++	---

1. Testy Bowtie

Zbudowanie indeksu: /home/tools/bowtie1/bowtie-build abisynczyk.fasta referencja

Najlepsze uzyskane wyniki:

reads processed: 58
reads with at least one reported alignment: 32 (55.17%)
reads that failed to align: 26 (44.83%)

Użyta komenda: /home/tools/bowtie1/bowtie referencja -f reads_all.fasta --best --suppress 5,6,7 -v 3

Wyniki (dla domyślnej komendy): /home/tools/bowtie1/bowtie referencja -f reads_all.fasta --best --suppress 5,6,7

reads processed: 58
reads with at least one reported alignment: 30 (51.72%)
reads that failed to align: 28 (48.28%)

Wnioski:

Program Bowtie radzi sobie najlepiej z krótkimi oraz średnimi odczytami. Potrafi mapować sekwencje z niedopasowaniami. Jeśli zaś chodzi o inserty oraz delecje „obsługuje” je tylko w specyficznych miejscach, tj. w ciągu tych samych nukleotydów, np. GGG.

2. Testy Bowtie2

Zbudowanie indeksu: /home/tools/bowtie2/bowtie2-build abisynczyk.fasta referencja2

Najlepsze uzyskane wyniki:

58 reads; of these:
58 (100.00%) were unpaired; of these:
5 (8.62%) aligned 0 times
53 (91.38%) aligned exactly 1 time
0 (0.00%) aligned >1 times
91.38% overall alignment rate

Użyta komenda: /home/tools/bowtie2/bowtie2 -f -x referencja2 -U reads_all.fasta -L 12 (-L: długość seed)

Wyniki (dla domyślnej komendy): /home/tools/bowtie2/bowtie2 -f -x referencja2 -U reads_all.fasta

58 reads; of these:
58 (100.00%) were unpaired; of these:
12 (20.69%) aligned 0 times
46 (79.31%) aligned exactly 1 time
0 (0.00%) aligned >1 times
79.31% overall alignment rate

Wnioski:

Program Bowtie2 nie potrafi mapować odczytów krótkich zawierających mismatches i gapy.

3. Testy SOAP2

Zbudowanie indeksu: /home/tools/soap2/2bwt-builder abisynczyk.fasta

Zmiana przełączników nie wpływa na wyniki.

Użyta komenda: `/home/tools/soap2/soap -D abisynczyk.fasta.index -a reads_all.fasta -o soap_results.txt`

Wnioski:

Program SOAP2 kompletnie nie radzi sobie z odczytami krótkimi oraz odczytami zawierającymi gapy lub insercje.