

#版本: PGG.Selection.Burden

1.前期准备

在进行分析之前需要对数据进行预处理和质控, 推荐使用 GATK 进行 jointcalling 和 VQSR 的过滤。一般我们在下游遗传结构的分析中, 大多采用经过质控的 biallelic SNP, 因此还需一步操作来提取这些位点。

```
bcftools view -f PASS -m 2 -M 2 -v snps your.jointcalling.VQSR.variants.vcf.gz |bgzip -@ 16 -c >
your.jointcalling.VQSR.variants.PASS.biallelic.SNPs.vcf.gz
tabix -p vcf your.jointcalling.VQSR.variants.PASS.biallelic.SNPs.vcf.gz
```

此外，我们还需要对数据进行 phasing，需分染色体进行，如用 shapeit5 处理，可参考：
[https://github.com/Shuhua-Group/PGG.Panel/blob/main/PGG.Panel 数据操作文档.pdf](https://github.com/Shuhua-Group/PGG.Panel/blob/main/PGG.Panel%20数据操作文档.pdf) step4

如果数据已经经过相应处理，请忽略上述步骤。

2. 正式运算

一、准备工作

基础软件安装:

在开始前，请先安装以下工具：`bcftools`, `vcftools`, `plink`, `bgzip`

```
# 安装 miniconda (用户目录)
```

```
wget https://repo.anaconda.com/miniconda/Miniconda3-latest-Linux-x86_64.sh
```

```
bash Miniconda3-latest-Linux-x86_64.sh -b -p $HOME/miniconda
```

```
source $HOME/miniconda/bin/activate
```

通过 conda 安装

```
conda install -c bioconda bcftools vcftools plink -y
```

```
conda install bioconda::plink2
```

二、流程步骤

1. prepare

```
# 创建项目目录并进入
mkdir PGG_selection_burden_pipeline
cd PGG_selection_burden_pipeline
```

准备输入文件

在父目录 PGG selection burden pipeline 下建立输入文件的存放目录并进入

```
mkdir 00.input; cd 00.input
```

将以下文件放入'00.input/':

- 样本信息文件

准备**汉族**样本信息文件 group.txt, 按地区分组, 第一列为地区, 第二列为样本名, 以制表符分隔, 格式如下:

- 原始 VCF 文件 (.vcf.gz)、按地区分组提取子 vcf 文件(.vcf.gz 和.vcf)及, 根据原始 vcf 按地区分组提取子 vcf 文件的脚本如下。

注：如样本间存在亲缘关系，请在除了 genetic burden 以外的分析去除二级及以上亲缘关系后进行分析，并提供去除样本的 list。可参考：
<https://github.com/Shuhua-Group/PGG.Panel/blob/main/PGG.Panel> 数据操作文档.pdf step2

在父目录 PGG_selection_burden_pipeline 下建立 frq 的工作目录

检查各个子目录中的结果文件 (*.chr*.afreq)，示例如下：

#CHROM	ID	REF	ALT	ALT_FREQS	OBS_CT
22	22:10519276	G	C	0	206
22	22:10519325	G	A	0	206
22	22:10519389	T	C	0	206

3. Theta_D_H

在父目录 PGG_selection_burden_pipeline 下建立 Theta_D_H 的工作目录

```
mkdir 02.Theta_D_H; cd 02.Theta_D_H
```

将以下脚本下载到工作目录中

```
https://github.com/Shuhua-Group/Theta_D_H.Est/blob/master/Theta_D_H.Est
https://github.com/Shuhua-Group/PGG.Selection.Burden/blob/main/Theta_D_H.sh
```

对 chr1-22 执行脚本

```
for k in {1..22}
do
    sh Theta_D_H.sh $k
done
```

检查各个子目录中的结果文件 (*.chr*.gz) , 示例如下:

regionID	chr	start	end	#sequence	#marker	#singleton	ThetaPI	ThetaK	#segregating	#haplotype	Hap_diversity	Hfaywu	norm_Hfaywu	Ffuli	Dfuli	
		Dtajima	Dtajima_P		Dtajima_adj.P											
22	22	1	50000	206	0	0	0.0	0.0	0	0	0.0	NA	NA	NA	NA	NA
																NA

4. IHS

软件安装

selscan 下载链接:
<https://github.com/szpiech/selscan/blob/master/releases/selscan-linux-2.0.0.tar.gz>
selscan 安装教程:
<https://github.com/szpiech/selscan/blob/master/INSTALL>
predictGMAP 下载链接:
<https://github.com/szpiech/predictGMAP/tree/master/src>
predictGMAP 安装教程:
<https://github.com/szpiech/predictGMAP/blob/master/README>

plink map 文件下载:

https://bochet.gcc.biostat.washington.edu/beagle/genetic_maps/plink.GRCh38.map.zip

在父目录 PGG_selection_burden_pipeline 下建立 ihs 的工作目录并进入

```
mkdir 03.IHS; cd 03.IHS
```

将以下脚本下载到工作目录中

```
https://github.com/Shuhua-Group/PGG.Selection.Burden/blob/main/ihs.sh
```

对 ihs.sh 进行编辑，将以下三行替换为你的 predictGMAP 路径、selscan 路径、plink map 路径

```
predictGMAP_d='/home/sunyumeng/software/predictGMAP'  
selscan_d='/home/sunyumeng/software/selscan-linux-2.0.0'  
map_d='/home/sunyumeng/data/PLINK_format_genetic_map'
```

对 chr1-22 执行脚本

```
for k in {1..22}  
do  
    sh ihs.sh $k  
done
```

检查各个子目录中的结果文件 (*.chr*.ihs.out.100bins.norm)，示例如下：

```
chr22:10634429 10634429 0.140777 0.00360501 0.00388136 -0.0320774
```

检查各个子目录中的结果文件 (*.chr*.ihs.out.100bins.norm)，示例如下：

```
chr22:10634429 10634429 0.140777 0.00360501 0.00388136 -0.0320774  
-1.27343 0
```

检查各个子目录中的结果文件 (*.chr*.ihs.out.100bins.norm.50kb.windows)，示例如下：

```
1 50001 0 -1 -1 NA
```

5. CLR

软件安装

```
wget http://sco.h-its.org/exelixis/resource/download/software/SweeD_v3.2.1_Linux.tar.gz  
tar -xzf SweeD_v3.2.1_Linux.tar.gz
```

在父目录 PGG_selection_burden_pipeline 下建立 CLR 的工作目录并进入

```
mkdir 04.CLR; cd 04.CLR
```

将以下脚本下载到工作目录中

```
https://github.com/Shuhua-Group/PGG.Selection.Burden/blob/main/clr.sh
```

对 clr.sh 进行编辑，将下行替换为你的 SweeD 下载路径

```
SweeD_d='/home/sunyumeng/software/SweeD_v3.2.1_Linux'
```

对 chr1-22 执行脚本

```
for k in {1..22}
do
    sh chr.sh $k
done
```

检查各个子目录中的结果文件 (SweeD_Report.*.chr*.50kb) , 示例如下:

```
//1
Position      Likelihood      Alpha
10522570      7.786579e-01    1.635287e-03
```

6. Genetic Burden

在父目录 PGG_selection_burden_pipeline 下建立 Genetic Burden 的工作目录并进入

```
mkdir 05.burden; cd 05.burden
```

将 22 个 DamageSnps 文件下载到工作目录中

百度网盘链接: <https://pan.baidu.com/s/1HZY9A6aSbyvGypayl0cRWw> 提取码: ky8i

将 pathway.input.txt 文件下载到工作目录中

<https://github.com/Shuhua-Group/PGG.Selection.Burden/blob/main/pathway.input.txt>

将以下脚本下载到工作目录中

```
https://github.com/Shuhua-Group/PGG.Selection.Burden/blob/main/burden.sh
https://github.com/Shuhua-Group/PGG.Selection.Burden/blob/main/burden.py
```

对 chr1-22 执行脚本

```
for k in {1..22}
do
    sh burden.sh $k
done
```

检查各个子目录中的结果文件 (*.chr*.whole.burden.txt) , 示例如下:

```
##Total number of deleterious SNVs:    1
##Total number of loss of function SNVs:    0
#sample geo sum_Het    ... ..    CADD_weighted_Aloft_Dominant_Hom
NA18525    test 1    ... ..    1
... ..
```

检查各个子目录中的结果文件 (*.chr*.pathway.burden.txt) , 示例如下:

```
##Total number of deleterious SNVs of hsa00020: 1
##Total number of deleterious SNVs of hsa00010: 1
##Total number of deleterious SNVs of hsa00030: 0
... ..
##Total number of deleterious SNVs of hsa05418: 0
#sample geo hsa00020_Het ... .. hsa05418_Het hsa05418_Hom
NA18525 test 1 ... .. 1 0
... ..
```

检查各个子目录中的结果文件 (*.chr*.gene.burden.txt) , 示例如下:

```
##Total number of deleterious SNVs of 10327: 0
##Total number of deleterious SNVs of 124: 0
##Total number of deleterious SNVs of 125: 0
... ..
##Total number of deleterious SNVs of 57534: 0
#sample geo 10327_Het ... .. 57534_Het 57534_Hom
NA18525 test 1 ... .. 1 0
... ..
```

3.输出结果文件

将整个工作目录, 除了输入文件 (00.input) 外, 全部打包

```
rm -rf PGG_selection_burden_pipeline/00.input
tar -czvf PGG_selection_burden_results.tar PGG_selection_burden_pipeline
```