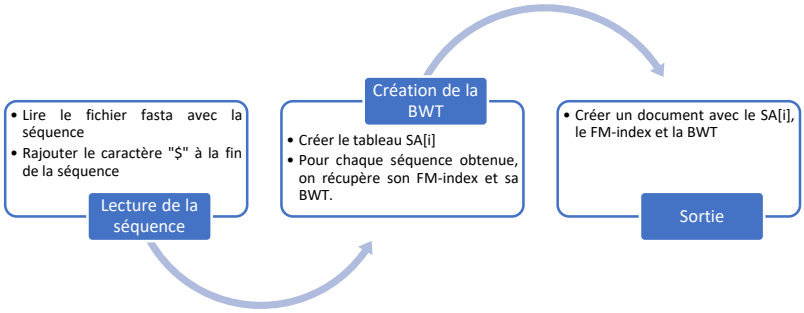
Rapport développeur

Indexation

L'indexation d'une séquence suit le processus suivant :

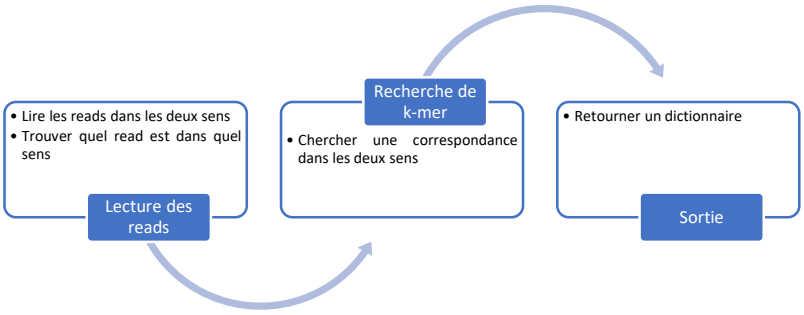


Le tableau SA[i] est obtenu avec la fonction *tks.simple_kark_sort* du package tools_karkkainen_sanders. Cette fonction crée, à partir d'une séquence à laquelle on a ajouté un « $ », l'ensemble des séquences différentes existantes en faisant varier de positions le caractère $. Elle trie ensuite ces séquences par ordre lexicographique. Une petite fonction permet ensuite de récupérer la dernière lettre de chaque séquence ordonnée sous forme de liste (BWT).

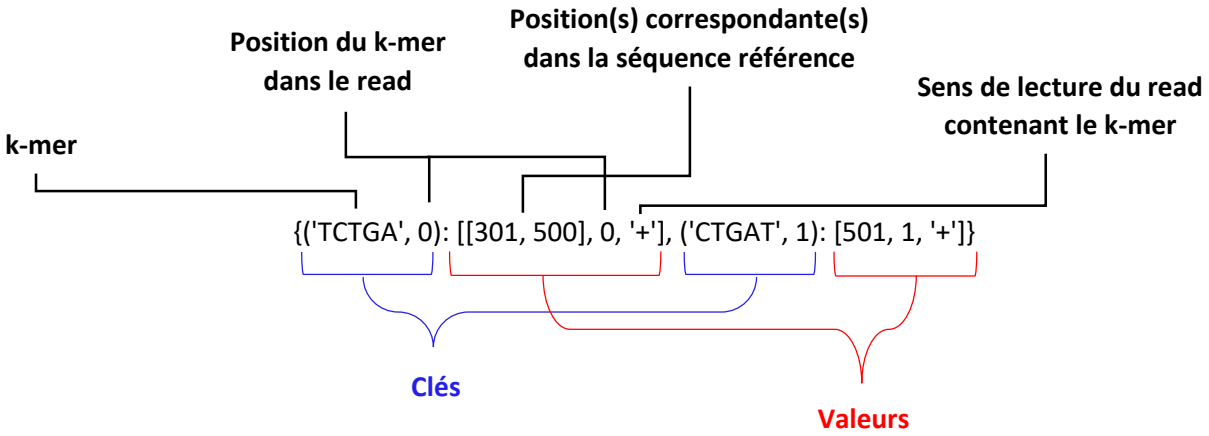
Mapping

Fonction *search_querry*

Cette fonction recherche les correspondances des k-mers d'un read dans une séquence référence, grâce au FM-index (les premières lettres des séquences ordonnées, donc le nombre de chaque nucléotides trié alphabétiquement) et à la liste BWT.



Elle retourne un dictionnaire avec les informations suivantes :



Fonction *comparison*

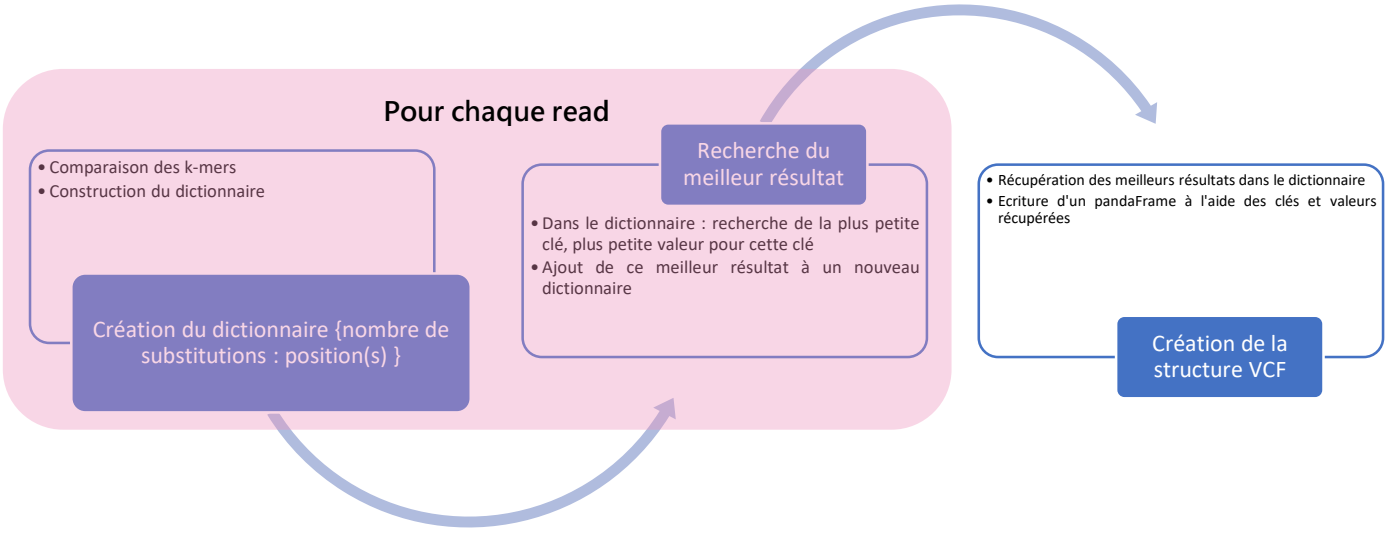
Cette fonction aligne deux séquences à partir d'une position d'ancrage de la première séquence dans la seconde et retourne le nombre de substitutions entre les deux séquences.

Fonction *seed_and_extend*

Cette fonction retourne un fichier au format VCF, avec la structure suivante :

Position de la substitution	Nucleotide original	Nucléotide variant	Nombre d'observations de la mutation
X	X	X	X

La fonction se structure comme ci-après :



NB : Lors de la comparaison des k-mers avec la séquence référence, on vérifie bien que les positions comparées ne l'ont pas déjà été, afin de gagner du temps d'exécution.

Main

On vérifie dans un premier temps que le parser est complet, auquel cas on écrit dans un fichier la structure VCF à l'aide de la fonction *seed_and_extend*. Si le parser est incomplet, un message d'erreur est retourné.