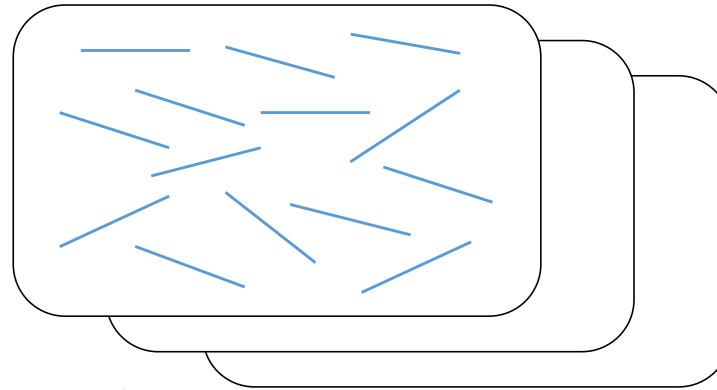


クオリティコントロールと NGS基本ツール

基礎生物学研究所
超階層生物学センター
トランスオミクス解析室
山口勝司

NGSデータ処理の概要

シーケンスリード (DNA/RNA由来)



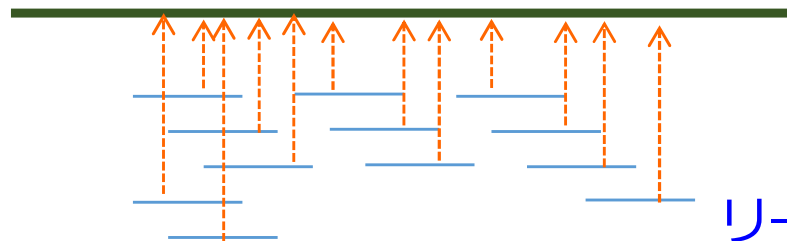
リファレンス配列あり

リファレンス配列なし

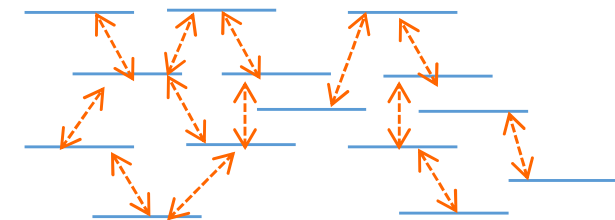
リファレンス配列へのマッピング

デノボ・アセンブル

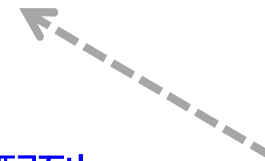
リファレンス配列



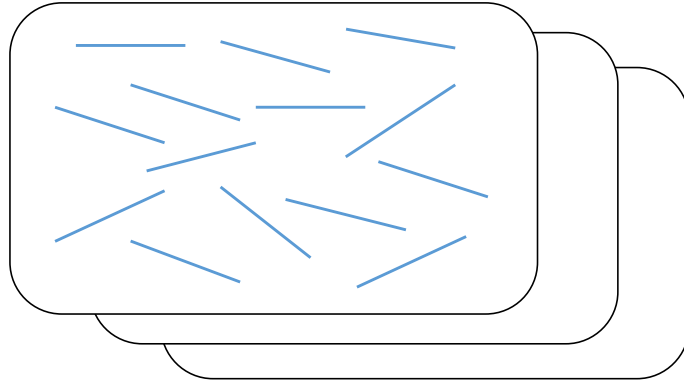
リード配列



アセンブル配列



シーケンスリード (DNA/RNA由来) FASTQファイル (配列+クオリティ)



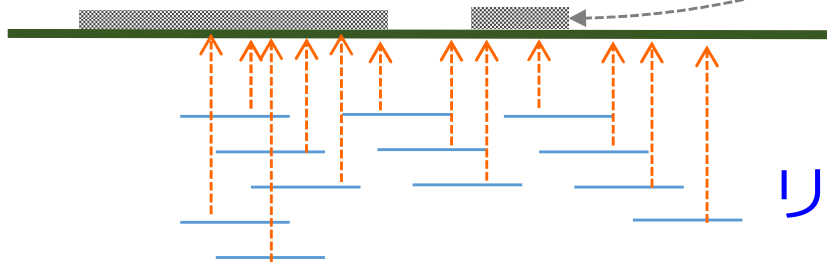
リファレンス配列あり

```
@SRR1515276.1.HMI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3625:88631.length=51
ATCCGGCTGGCGCACCGACCTATGTTCCGGCGCAATACAAGCTGGGTGAAG
+SRR1515276.1.HMI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3625:88631.length=51
@@@AD>DDFF/DC7FFBF@DFII<DF@AAA6A9BDBDCA?>A7B=>B::
@SRR1515276.2.HMI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3871:88513.length=51
CACCGTGTAGTACCAGCATCCTGCGTACAATCAGCAATCCAGTCTCTCCC
+SRR1515276.2.HMI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3871:88513.length=51
CCCFDFFDFFHFFHIIIEGIIIIIDGFIHGGHGGHGGIIDGIIHGGGHIIH
@SRR1515276.3.HMI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3950:88530.length=51
CAGGACATCGCCTTTGATCGGTTTCAGACTTCGGACCAACCTGCATTTTCAG
+SRR1515276.3.HMI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3950:88530.length=51
CCCFDFAFHFIHIIIGHIIIIHFIHIIIGHIIIFHIIA@FIHGGIIGI
```

遺伝子アノテーション GFF(GTF)ファイル

```
chrRefSeqstart_codon 190192.1.000+ . gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";
chrRefSeqCDS 190252.1.000+ 0 gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";
chrRefSeqstop_codon 253255.1.000+ . gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";
chrRefSeqexon 190255.1.000+ . gene_id "b0001"; transcript>
```

リファレンス配列へのマッピング



リード配列

ゲノム (リファレンス) 配列
FASTAファイル

```
>chr
AGCTTTTCATTCTGACTGCAACGGGCAATATGCTCT
CTGTGTGGATTAAAAAAGAGTGTCTGATAGCAGC
TTCTGAACCTGGTTACCTGCCGTGAGTAAATTTAA
TTTTATTGACTTAGGTCACTAAATACTTTAACCAA
TATAGGCATAGCCGACAGACAGATAAAAAATTACAG
AGTACACAACATCCATGAAACGCATTAGCACCACC
ATTACCACCAATCACCATTACCACAGGTAACCG
```

@HD	VN:1.0	SO:unsorted				
@SQ	SN:chr	LN:4639675				
@PG	ID:bowtie2	PN:bowtie2	VN:2.2.4	CL:"/bin/bowtie2-alg		
SRR1515276.40	0 chr	4423609	42 51M *	0	0	GGAATTCCTCACTGCCA
SRR1515276.158	16 chr	501700	42 51M *	0	0	ACGCACCGAGTGCAAAG
SRR1515276.212	4 *	0	0 * *	0	0	GGCCGCTTTCAGCGTGT
SRR1515276.319	0 chr	2922768	42 51M *	0	0	GCITTAAGTTGATTAAGG
SRR1515276.367	16 chr	2753873	42 51M *	0	0	GCGTGTCCGTCCGCAGC
SRR1515276.411	0 chr	3440721	42 51M *	0	0	ACGCATAAATTTCTTGA
SRR1515276.434	0 chr	4198737	42 51M *	0	0	GCGCGGTACGCATCTGG

マッピング結果 SAM ファイル

クオリティーコントロール


- Fastqc
- Cutadapt(Pre-processing tools)

NGSデータ解析におけるクオリティーコントロールの重要性

- ・ 作製したライブラリーに問題はなかったか
アダプター配列ばかり・・・
コンタミ配列が多い・・・
PCR増幅の産物が多い・・・
短いライブラリーほどクラスター増幅されやすい
GC率に偏りがあるものは増幅されにくい
→問題点を検出・検証する手段

- ・ 得られるdataのクオリティーは同一ではない
シーケンサーの調子 エアーかみ
作製ライブラリーのサイズ分布
シーケンサー間の性能差
→可能な範囲でクオリティーを揃える手段

シーケンスのクオリティ-checkツール FASTQC

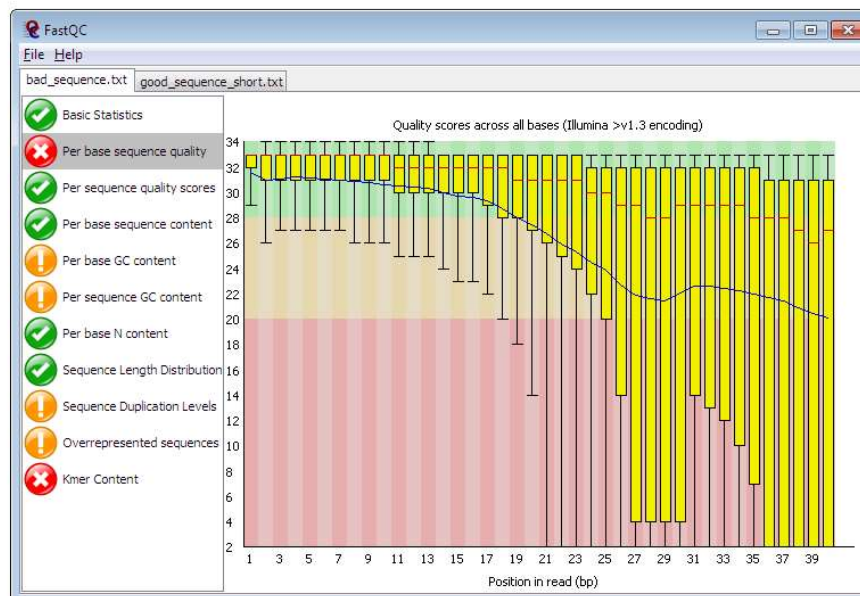
**Babraham Bioinformatics**

About | People | Services | Projects | Training | Publications

FastQC

Function	A quality control tool for high throughput sequence data.
Language	Java
Requirements	A suitable Java Runtime Environment The Picard BAM/SAM Libraries (included in download)
Code Maturity	Stable. Mature code, but feedback is appreciated.
Code Released	Yes, under GPL v3 or later .
Initial Contact	Simon Andrews

[Download Now](#)



Documentation

A [copy of the FastQC documentation](#) is available for you to try before you buy (well download..).

Example Reports

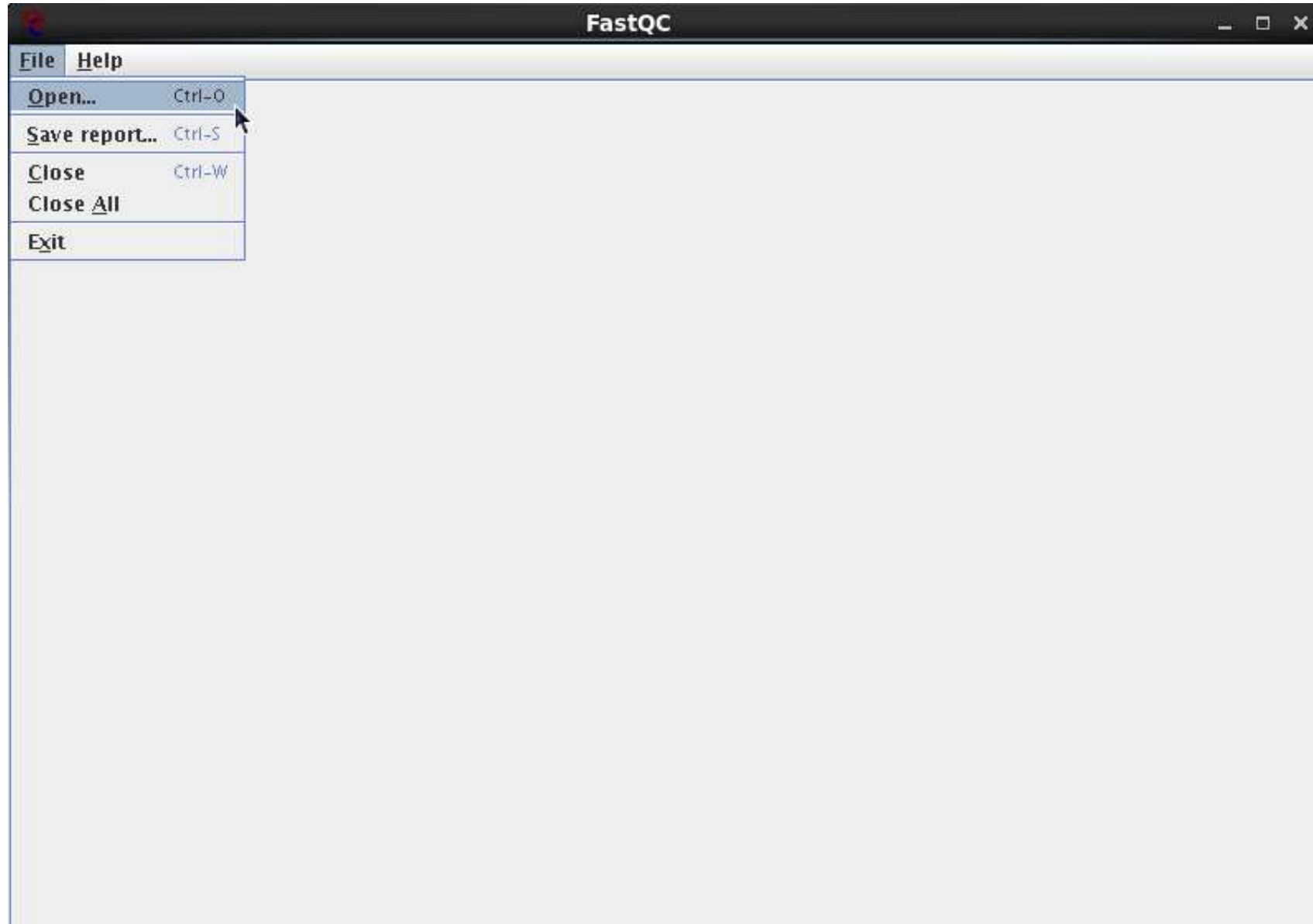
- [Good Illumina Data](#)
- [Bad Illumina Data](#)
- [Adapter dimer contaminated run](#)
- [Small RNA with read-through adapter](#)
- [Reduced Representation BS-Seq](#)
- [PacBio](#)
- [454](#)

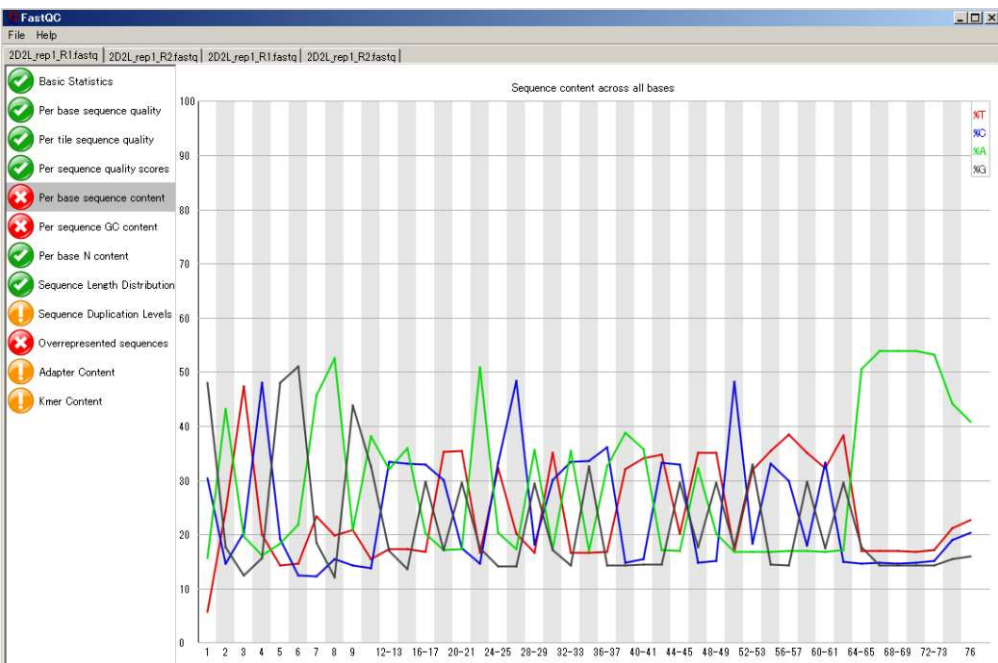
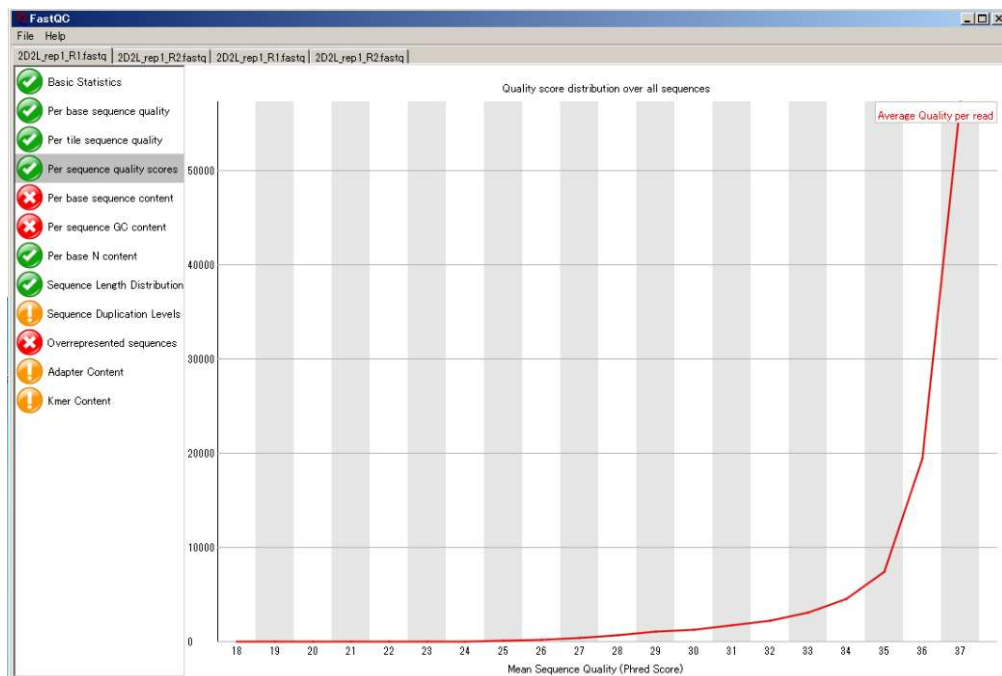
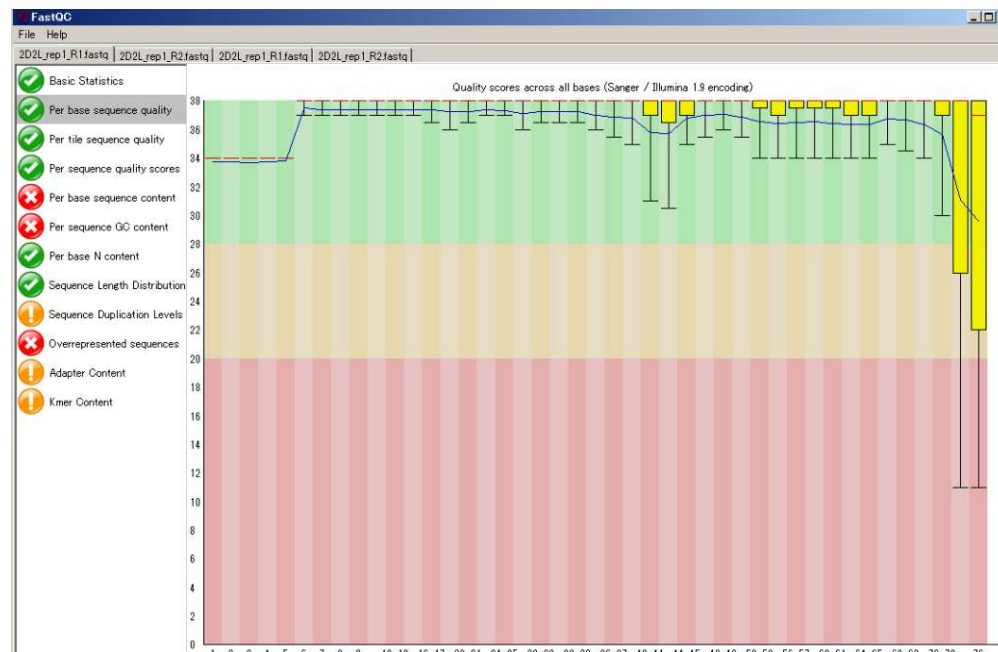
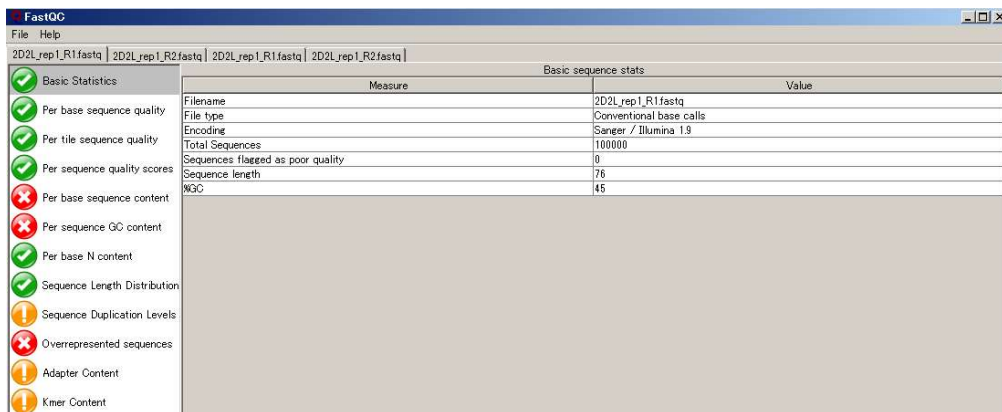
Version 0.12.1

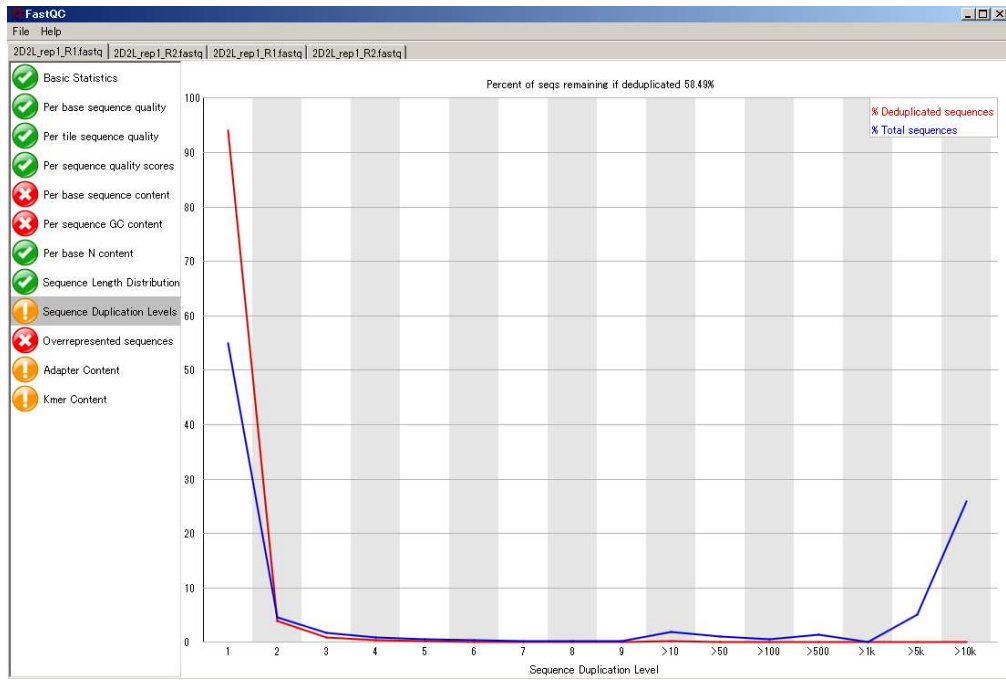
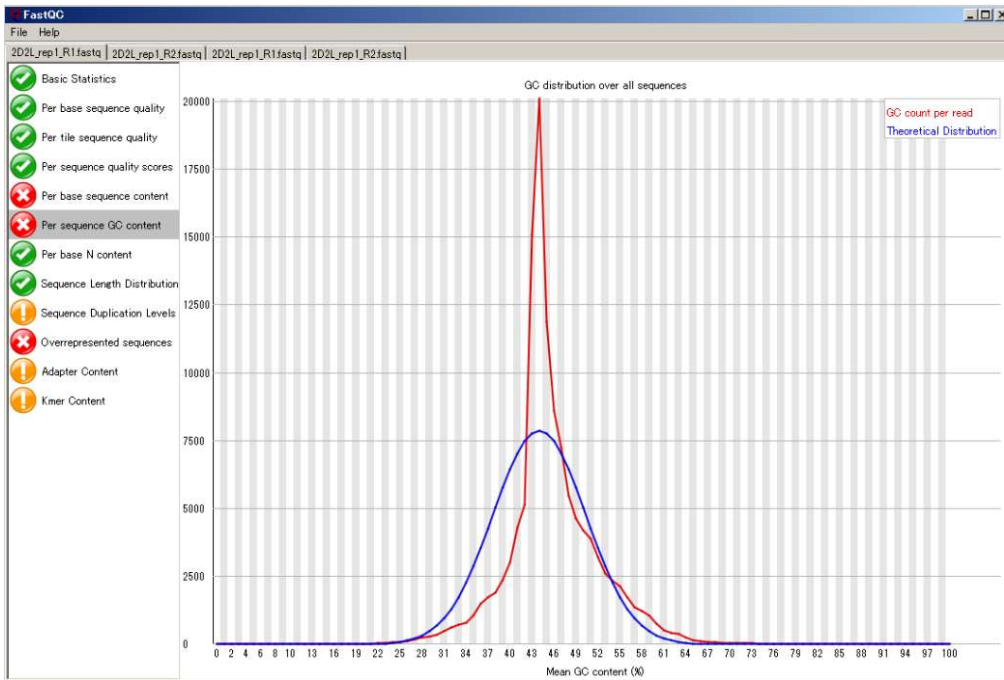
<https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>

FASTQC使用法

GUI java jdkを予めインストールしておく必要がある。







FastQC

File Help

2D2L_rep1_R1.fastq | 2D2L_rep1_R2.fastq | 2D2L_rep1_R1.fastq | 2D2L_rep1_R2.fastq

Basic Statistics

Per base sequence quality

Per tile sequence quality

Per sequence quality scores

Per base sequence content

Per sequence GC content

Per base N content

Sequence Length Distribution

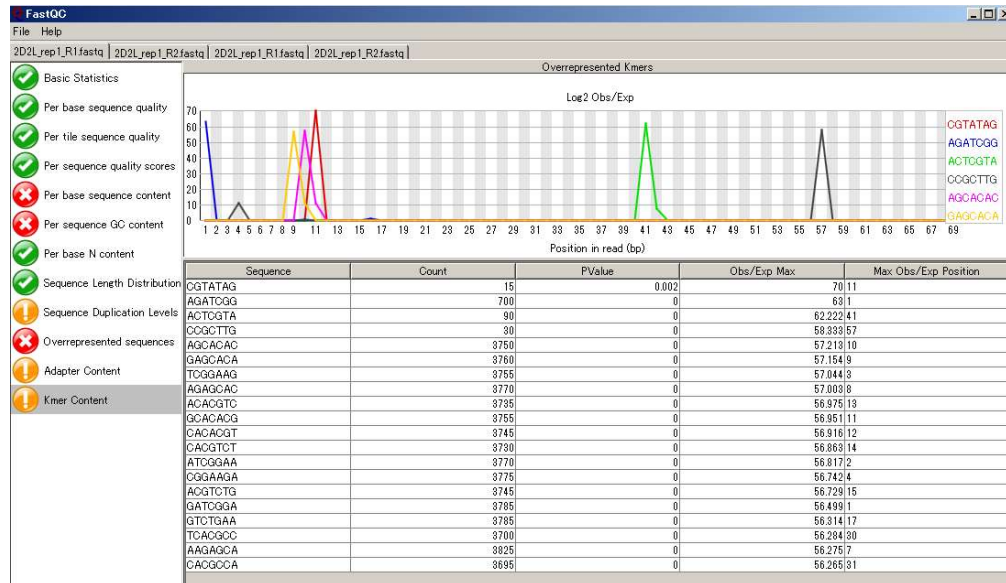
Sequence Duplication Levels

Overrepresented sequences

Adapter Content

Kmer Content

Sequence	Count	Percentage	Possible Source
GATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCG...	25945	0.100%	TruSeq Adapter, Index: 6 (100% over 50bp)
AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCG...	5147	0.002%	TruSeq Adapter, Index: 6 (100% over 49bp)
GATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCG...	784	0.003%	TruSeq Adapter, Index: 6 (98% over 50bp)
GATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCG...	617	0.002%	TruSeq Adapter, Index: 6 (98% over 50bp)
GATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCG...	242	0.001%	TruSeq Adapter, Index: 6 (98% over 50bp)
AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCG...	172	0.001%	TruSeq Adapter, Index: 6 (97% over 49bp)
GATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCG...	111	0.000%	TruSeq Adapter, Index: 6 (98% over 50bp)
AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCG...	102	0.000%	TruSeq Adapter, Index: 6 (97% over 49bp)



CUI (コマンドユーザーインターフェース)なら

```
$ fastqc -h
```

```
FastQC - A high throughput sequence QC analysis tool
```

SYNOPSIS

```
fastqc seqfile1 seqfile2 .. seqfileN
```

```
fastqc [-o output dir] [--(no)extract] [-f fastq|bam|sam]  
      [-c contaminant file] seqfile1 .. seqfileN
```

gzファイルなら
--extract
の記載

実習 1 FASTQC

実習用ディレクトリ ~/gitc /data/5_ngs に移動して 中を見る

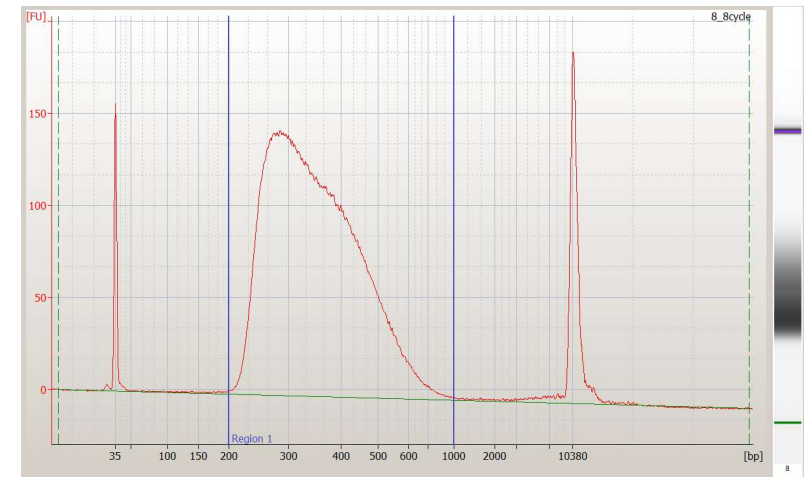
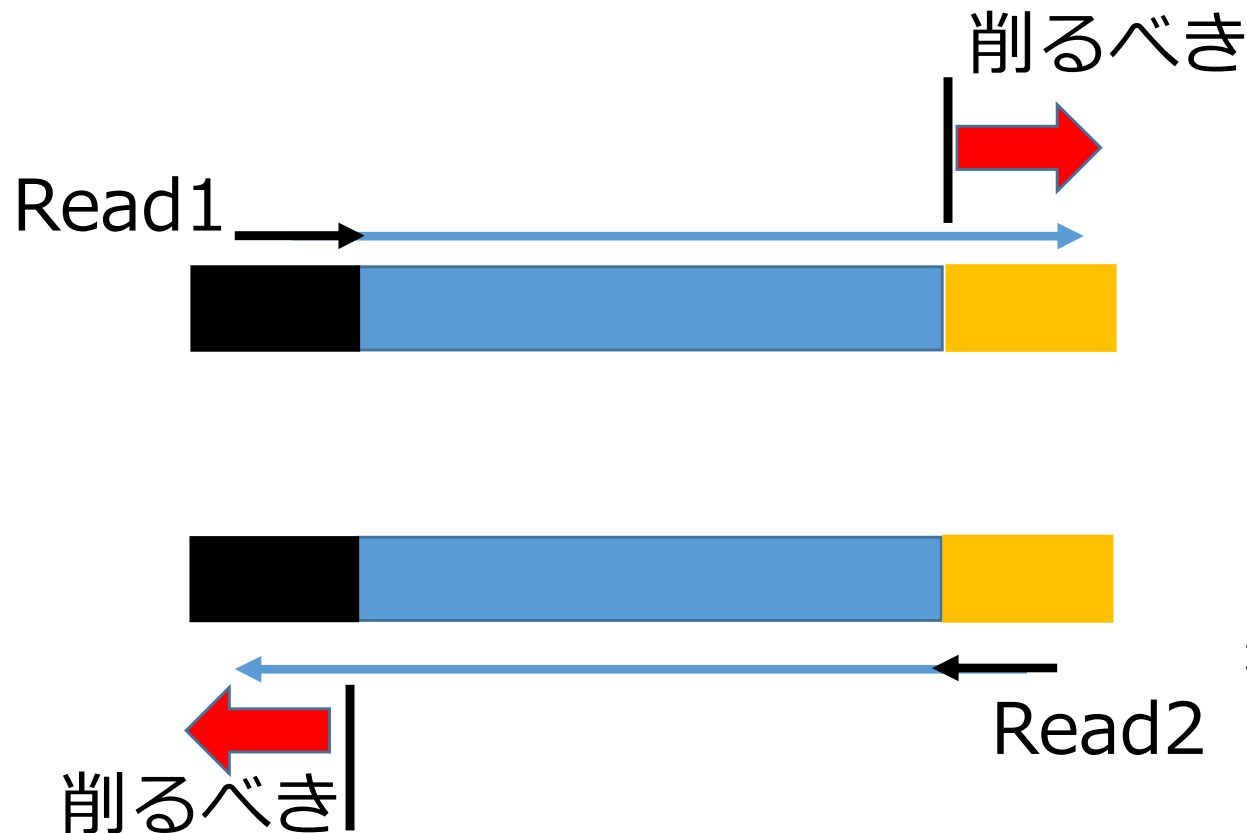
- read結果 2D2L_rep1_R1.fastq

のファイルがあることを確認

これをFASTQCに読み込ませて、クオリティーを確認しよう

NGSデータのPre-processingの必要性

- ・ 余計な配列（アダプター配列）がリファレンス配列へのmappingに影響
- ・ 余計な配列（アダプター配列）がゲノム配列と誤認されうる



通常イルミナRNA-Seqライブラリーは200baseくらいの長さから存在する。うち両端にアダプター63baseずつすなわち75base程度しかinsert配列がないライブラリーが存在する。(Truseqの場合)

Pre-processing tools

- Cutadapt
- Trimmomatic
- fastp
- etc

- adapter配列を除去
- 一定クオリティー以下の部位を除去
- 任意の配列部位を除去

生データ进行处理することで、アダプター配列を除去し、一定のクオリティーを確保したデータとなる

The screenshot shows the Cutadapt user guide on the website <https://cutadapt.readthedocs.io/en/stable/guide.html>. The page has a blue header with the Cutadapt logo and 'stable' version indicator. A search bar is present. The left sidebar contains a navigation menu with 'Installation' and 'User guide' sections. The 'User guide' section is expanded, showing a list of topics: Basic usage, Adapter types, Adapter-trimming parameters, Specifying adapter sequences, Modifying reads, Filtering reads, Trimming paired-end reads, Multiple adapters, Illumina TruSeq, Dealing with N bases, and Cutadapt's output. The main content area is titled 'User guide' and 'Basic usage'. It explains how to trim a 3' adapter using the command-line tool Cutadapt. The basic command is shown in a green box: `cutadapt -a AACCGGTT -o output.fastq input.fastq`. The text explains that the adapter sequence 'AACCGGTT' must be replaced with the correct one. The input file is 'input.fastq' and the output is 'output.fastq'. It also mentions that compressed files are supported, with a corresponding command: `cutadapt -a AACCGGTT -o output.fastq.gz input.fastq.gz`. A link to 'Edit on GitHub' is visible in the top right of the docs area.

Paired end readに対応
(ver. 1.8以降)
片方のreadが非常に
短くしか残らない場合、
pair read両方とも除去
する。

<https://cutadapt.readthedocs.io/en/stable/guide.html>

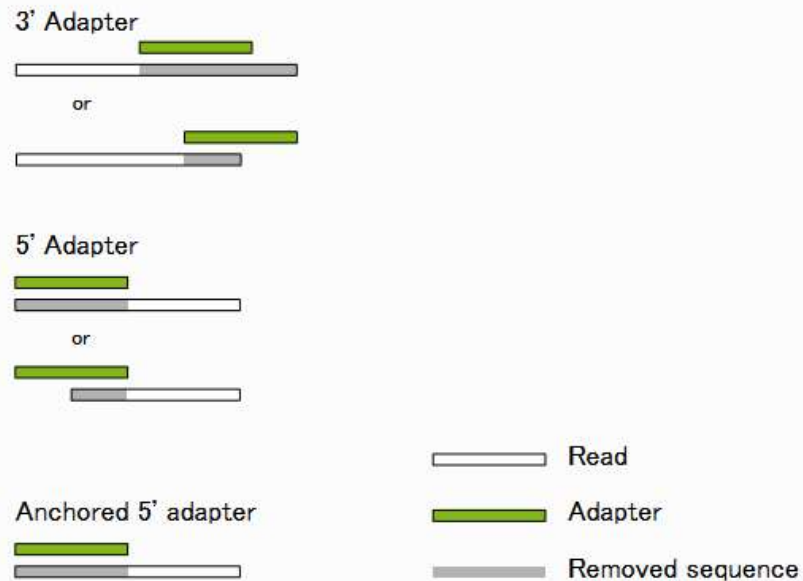
Cutadapt

Removing adapters

Cutadapt supports trimming of multiple types of adapters:

Adapter type	Command-line option
3' adapter	<code>-a ADAPTER</code>
5' adapter	<code>-g ADAPTER</code>
Anchored 3' adapter	<code>-a ADAPTER\$</code>
Anchored 5' adapter	<code>-g ^ADAPTER</code>
5' or 3' (both possible)	<code>-b ADAPTER</code>

Here is an illustration of the allowed adapter locations relative to the read and depending on the adapter type:



Cutしたいアダプター配列の位置関係など詳細に指定可能

fastqファイルはgzip圧縮してあってもよい
fastaファイルも可

最新versionではもっと、細かい条件の指定が可能

```
$ cutadapt -h  
cutadapt version 4.4
```

用いられるバージョンが確認できる

最新はv4.4

Copyright (C) 2010-2022 Marcel Martin <marcel.martin@scilifelab.se>

cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads.

Usage:

```
cutadapt -a ADAPTER [options] [-o output.fastq] input.fastq
```

For paired-end reads:

```
cutadapt -a ADAPT1 -A ADAPT2 [options] -o out1.fastq -p out2.fastq in1.fastq in2.fastq
```

その他、有用なパラメータ

-j --cores	使うCPU core数 defaultは1 0を指定しておくとも自動検出
-q --quality-cutoff	クオリティをcutoffするQV値を指定
-m --minimum-length	指定する長さ以下にcutされたものはreadそのものを削除
-O --overlap	指定する配列とのオーバーラップを最小何baseとするか

crude_fastqフォルダーに生シーケンス配列
trim_fastqフォルダーにcutadaptにかけた配列
を用意してあります

Single readの場合

```
$ cutadapt ¥  
-a AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCA ¥  
-o hoge_read1.cut.fastq ¥  
hoge_read1.fastq
```

Paired end readの場合

```
$ cutadapt ¥  
-a AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCA ¥  
-A AGATCGGAAGAGCGTCGTGTAGGGAAAGAGTGT ¥  
-o hoge_read1.cut.fastq ¥  
-p hoge_read2.cut.fastq ¥  
hoge_read1.fastq ¥  
hoge_read2.fastq
```

シーケンスライブラリーの
構造やアダプター配列も
しっかり把握しておく。

illumina



[Illumina Adapter Sequences](#) / Introduction /

Introduction

This documentation lists the adapter sequences for Illumina library prep kits.

The [library prep kit support pages](#) on the Illumina support site provide additional resources. These resources include software, training, and compatible products. Always check support pages for the latest versions.

- ▶ Reverse Complements
- ▶ Adapter Trimming Sequences

Illumina Adapter Sequences

▼ Introduction

- Revision History
- > Sequences for Nextera, ...
Sequences for AmpliSeq for ...
- > Sequences for TruSight Kits
- > Sequences for TruSeq Kits
Process Controls for TruSeq ...
- > Legacy Kits

実習 2 cutadapt

実習用ディレクトリ `~/gitc/data/5_ngs` に移動して `ls` で中を見る

```
$ cd ~/gitc/data/5_ngs
$ ls
```

- read結果 2D2L_rep1_R1.fastq

adapterがどの程度残っているか概算してみる

```
$ cat 2D2L_rep1_R1.fastq|grep 'AGATCGGAAGAGCAC' |wc
$ cat 2D2L_rep1_R1.fastq|wc
```

実際にcutadaptにかけて見よう

```
$ cutadapt ¥
-a AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCA ¥
-o 2D2L_rep1_R1.fastq.cut.fastq ¥
2D2L_rep1_R1.fastq
```

発展) 圧縮されたQV値

fastqファイルに記載されるQV値は、近年のシーケンサーではストレージ容量削減の為に、圧縮効率の良い圧縮されたqv値が用いられている。

この場合、quality valueの階調数が減らされているので、それを考慮して-q値を指定すべき。

圧縮されたQV値で表記されたfastq

```
@E00441:177:HHNWCCXY:6:1101:13433:25464 1:N:0:GTGTATTA
AATGTGCGTTTGTGTTGGGATAGGACATTTGTCAGCTACGCGCCGGCTCTCTGTGAAGTAATTGGTTGAATGAATAAA
+
AAFFJJJJFF-AFAF7A<<FJJF<AFJJJJJ7<FJJJJF-7F-7FJJFJ-A-FFAFJF-FFJJA-FJAFJJ<AAFA
```

-	12	A	32	数が限定されている -q 31と28を比較しても 同じことになる
7	22	F	37	
<	27	J	41	



Illumina White paper

Reducing Whole-Genome Data Storage Footprintよ

り

NGS基本ツール

- Seqkit
- Bowtie2
- SAMtools

SeqKitを使って見よう

fasta/fastqに関する様々な操作が可能なツール



RESEARCH ARTICLE

SeqKit: A Cross-Platform and Ultrafast Toolkit for FASTA/Q File Manipulation

Wei Shen¹, Shuai Le¹, Yan Li^{2*}, Fuquan Hu^{1*}

¹ Department of Microbiology, College of Basic Medical Sciences, Third Military Medical University, 30# Gaotanyan St., Shapingba District, Chongqing, China, ² Medical Research Center, Southwest hospital, Third Military Medical University, 29# Gaotanyan St., Shapingba District, Chongqing, China

<https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0163962>

SeqKitで出来ること、類似ツールとの比較

Features comparison

Categories	Features	seqkit	fasta_utilities	fastx_toolkit	pyfaidx	seqmagick	seqtk
Formats support	Multi-line FASTA	Yes	Yes	--	Yes	Yes	Yes
	FASTQ	Yes	Yes	Yes	--	Yes	Yes
	Multi-line FASTQ	Yes	Yes	--	--	Yes	Yes
	Validating sequences	Yes	--	Yes	Yes	--	--
	Supporting RNA	Yes	Yes	--	--	Yes	Yes
Functions	Searching by motifs	Yes	Yes	--	--	Yes	--
	Sampling	Yes	--	--	--	Yes	Yes
	Extracting sub-sequence	Yes	Yes	--	Yes	Yes	Yes
	Removing duplicates	Yes	--	--	--	Partly	--
	Splitting	Yes	Yes	--	Partly	--	--
	Splitting by seq	Yes	--	Yes	Yes	--	--
	Shuffling	Yes	--	--	--	--	--
	Sorting	Yes	Yes	--	--	Yes	--
	Locating motifs	Yes	--	--	--	--	--
	Common sequences	Yes	--	--	--	--	--
	Cleaning bases	Yes	Yes	Yes	Yes	--	--
	Transcription	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
	Translation	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	--
	Filtering by size	Yes	Yes	--	Yes	Yes	--
	Renaming header	Yes	Yes	--	--	Yes	Yes
Other features	Cross-platform	Yes	Partly	Partly	Yes	Yes	Yes
	Reading STDIN	Yes	Yes	Yes	--	Yes	Yes
	Reading gzipped file	Yes	Yes	--	--	Yes	Yes
	Writing gzip file	Yes	--	--	--	Yes	--

過去掲載

<https://bioinf.shenwei.me/seqkit>

類似のツールと比較して、
より多くのコマンドが利用でき、
高速である。

gz圧縮にも対応している。

最新はv2.5.1

```
$ seqkit
SeqKit -- a cross-platform and ultrafast toolkit for FASTA/Q file manipulation
```

Version: 2.5.1

Documents : <http://bioinf.shenwei.me/seqkit>
Source code: <https://github.com/shenwei356/seqkit>
Please cite: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0163962>

Seqkit utilizes the pgzip (<https://github.com/klauspost/pgzip>) package to read and write gzip file, and the outputted gzip file would be slightly larger than files generated by GNU gzip.

Seqkit writes gzip files very fast, much faster than the multi-threaded pigz, therefore there's no need to pipe the result to gzip/pigz.

Seqkit also supports reading and writing xz (.xz) and zstd (.zst) formats since v2.2.0. Bzip2 format is supported since v2.4.0.

Usage:
seqkit [command]

Available Commands:

amplicon	extract amplicon (or specific region around it) via primer(s)
bam	monitoring and online histograms of BAM record features
common	find common sequences of multiple files by id/name/sequence
concat	concatenate sequences with the same ID from multiple files
convert	convert FASTQ quality encoding between Sanger, Solexa and Illumina
duplicate	duplicate sequences N times
fa2fq	retrieve corresponding FASTQ records by a FASTA file
faidx	create FASTA index file and extract subsequence
fish	look for short sequences in larger sequences using local alignment
fq2fa	convert FASTQ to FASTA
fx2tab	convert FASTA/Q to tabular format (and length, GC content, average quality...)
genautocomplete	generate shell autocompletion script (bash zsh fish powershell)
grep	search sequences by ID/name/sequence/sequence motifs, mismatch allowed
head	print first N FASTA/Q records
head-genome	print sequences of the first genome with common prefixes in name
locate	locate subsequences/motifs, mismatch allowed
merge-slides	merge sliding windows generated from seqkit sliding
mutate	edit sequence (point mutation, insertion, deletion)
pair	match up paired-end reads from two fastq files
range	print FASTA/Q records in a range (start:end)
rename	rename duplicated IDs
replace	replace name/sequence by regular expression
restart	reset start position for circular genome
rmdup	remove duplicated sequences by ID/name/sequence
sample	sample sequences by number or proportion
sana	sanitize broken single line FASTQ files
scat	real time recursive concatenation and streaming of fastx files
seq	transform sequences (extract ID, filter by length, remove gaps, reverse complement...)
shuffle	shuffle sequences
sliding	extract subsequences in sliding windows
sort	sort sequences by id/name/sequence/length
split	split sequences into files by id/seq region/size/parts (mainly for FASTA)
split2	split sequences into files by size/parts (FASTA, PE/SE FASTQ)
stats	simple statistics of FASTA/Q files
subseq	get subsequences by region/gtf/bed, including flanking sequences
sum	compute message digest for all sequences in FASTA/Q files
tab2fx	convert tabular format to FASTA/Q format
translate	translate DNA/RNA to protein sequence (supporting ambiguous bases)
version	print version information and check for update
watch	monitoring and online histograms of sequence features

seqkitと打つとサブコマンドリストが出る
サブコマンドリストまで打って-hで、
その使い方や説明

Seqkitコマンド例

fastq/fastqファイルのstatisticsを見る

```
$ seqkit stats hoge.fastq
```

fastqファイルからfastaファイルに変換する

```
$ seqkit fq2fa hoge.fastq > hoge.fasta
```

fastq/fastqファイルを複数のファイルに分割する

```
seqkit split -p 2 hoge.fastq
```

fastq/fastqファイルから一部のsamplingする

-nで指定する数は厳密なsampling数とは合致しないので注意

```
$ seqkit sample -n 100 hoge.fastq > hoge_100.fastq
```

fastq/fastqファイルのread順番をシャッフルする

```
$ seqkit shuffle hoge.fastq > shf_hoge.fastq
```

fastq/fastqファイルの上から単純にsamplingする

```
$ seqkit head -n 100 hoge.fastq > hoge_head100.fastq
```

Bowtieを使って見よう

- Burrows-Wheeler 変換に基づくインデックスを利用したショートリードのマッピングプログラム
- BowtieとBowtie2がある。後者はギャップを考慮した検索を行い、感度がより高い。また、検索の方針が単純化されて分かりやすくなるなど、多くの点で改良されている。
- シーケンスのリード長が長い（50bp以上）時はBowtie2の方が一般に検索効率がよく、精度も高い。リード長が短い（50bp未満）時はBowtieの方が検索効率または精度がいい場合もある。



Bowtie is an ultrafast, memory-efficient short read aligner. It aligns short DNA sequences (reads) to the human genome at a rate of over 25 million 35-bp reads per hour. Bowtie indexes the genome with a Burrows-Wheeler index to keep its memory footprint small: typically about 2.2 GB for the human genome (2.9 GB for paired-end).



<http://bowtie-bio.sourceforge.net/index.shtml>



Bowtie 2 is an ultrafast and memory-efficient tool for aligning sequencing reads to long reference sequences. It is particularly good at aligning reads of about 50 up to 100s or 1,000s of characters, and particularly good at aligning to relatively long (e.g. mammalian) genomes. Bowtie 2 indexes the genome with an FM Index to keep its memory footprint small: for the human genome, its memory footprint is typically around 3.2 GB. Bowtie 2 supports gapped, local, and paired-end alignment modes.

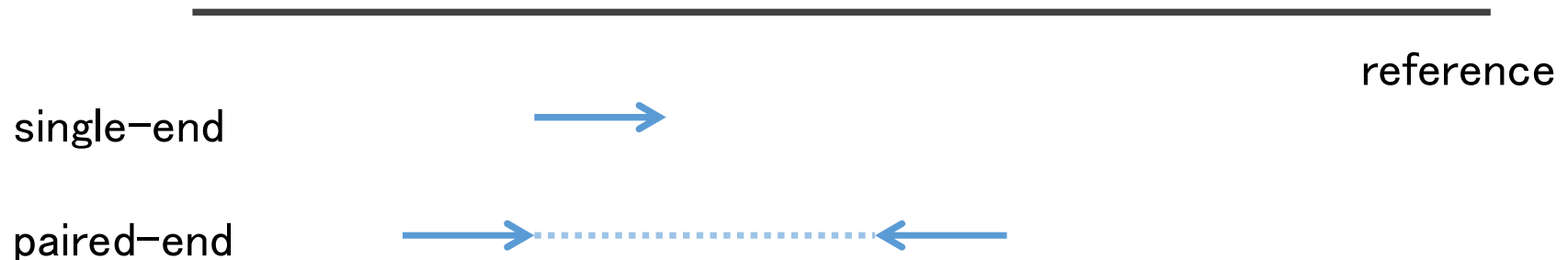


<http://bowtie-bio.sourceforge.net/bowtie2/manual.shtml>

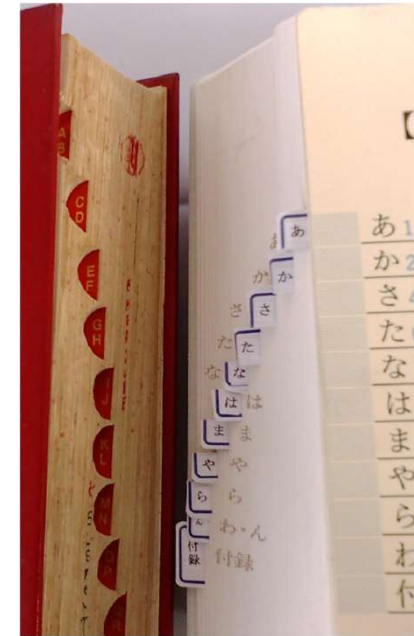
リファレンス配列へのマッピング

Bowtie, BWA, SOAP など

- 長大なリファレンス配列に、大量の短いリード配列を若干のミスマッチを許して照合する
- リファレンス配列に対して、あらかじめ全文検索インデックスを作成することにより高速に検索を行う
- paired-end read に対応。



インデックスとは



辞書における
インデックスタブ

- 索引、目次、見出し
- ファイルのどの辺りに何が書いてあるかの指標
- インデックスを作成すると別ファイルができるのは、分厚い本の「別冊目次」ができるイメージ
- 欲しい情報を探すのにファイル（本）を先頭から総ナメして探さなくてもよい

bowtie2-build リファレンス配列ファイル インデックス名

- 実行すると、インデックスとして、
 - ✓ インデックス名.n.bt2 (n=1-4)
 - ✓ インデックス名.rev.m.bt2 (m=1-2)の、計6つのファイルが作成される
- 配列ファイルはカンマで区切って複数を指定可能

実習 4 bowtie2-build

実習用ディレクトリ ~/gitc/data/5_ngs に移動して ls で中を見る

```
$ cd  
~/gitc/data/5_ngs  
$ ls
```

リファレンス用ゲノムデータ（FASTA形式） **ecoli_genome.fa**

- bowtie2用インデックスの作成（インデックス名：**eco**）

```
$ bowtie2-build ecoli_genome.fa eco
```

- インデックスから元の配列データを再構築

```
$ bowtie2-inspect eco | less
```

NGSマッピングの実行 bowtie2

- マッピングの実行

- ✓ single-end read の場合

```
bowtie2 -x インデックス名 -U リードファイル -S 出力ファイル
```

- ✓ paired-end read の場合

```
bowtie2 -x インデックス名 -1 リードファイル1  
-2 リードファイル2 -S 出力ファイル
```

(実際は改行せずに1行で打つ)

- リードファイルはカンマ区切りで複数を指定可能

実習 5 bowtie2

- リード配列 (FASTQ 形式, single-end read)
ecoli.fastq

リファレンス配列のインデックス名 (実習4で作ったもの)
eco

- bowtie2の実行

```
$ bowtie2 -x eco -U ecoli.fastq -S eco_bowtie2.sam
```

マッピング結果：SAMフォーマットファイル

```
$ less -S eco_bowtie2.sam
```

```
@HD VN:1.3 SO:coordinate
@SQ SN:ref LN:45
r001 163 chr1 7 30 8M2I4M1D3M = 37 39 TTAGATAAAGGATACTG *
r002 0 chr1 9 30 3S6M1P1I4M * 0 0 AAAAGATAAGGATA *
r003 0 chr1 9 30 5H6M * 0 0 AGCTAA * NM:i:1
r004 0 chr1 16 30 6M14N5M * 0 0 ATAGCTTCAGC *
r003 16 chr1 29 30 6H5M * 0 0 TAGGC * NM:i:0
r001 83 chr1 37 30 M = 7 -39 CAGCGCCAT *
```

テンプレート名

フラグ

マップ結果

アライメント
(CIGAR)

対となるリード
の位置情報

リードの配列

オプション

Bowtie2: その他のオプション

- **-h** ヘルプを表示する
- **-a** 全てのアライメントを表示する
- **-p** 整数 指定した数のCPUコアを使って実行する
- **-f** リードがFASTA形式のファイルである
- 他、Bowtie2 マニュアル詳細
<http://bowtie-bio.sourceforge.net/bowtie2/manual.shtml>

Samtoolsを使って見よう

Samtools

HomeDownload ▾Workflows ▾Documentation ▾Support ▾


Samtools

SAM<->BAM等の変換、データのソート、検索付け、
特定readの抽出、統計情報収集などができる

Samtools is a suite of programs for interacting with high-throughput sequencing data. It consists of three separate repositories:

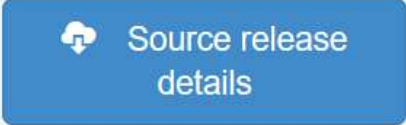
Samtools	Reading/writing/editing/indexing/viewing SAM/BAM/CRAM format
BCFtools	Reading/writing BCF2/VCF/gVCF files and calling/filtering/summarising SNP and short indel sequence variants
HTSlib	A C library for reading/writing high-throughput sequencing data


Samtools and BCFtools both use HTSlib internally, but these source packages contain their own copies of htslib so they can be built independently.



Download

Source code releases can be downloaded from [GitHub](#) or [Sourceforge](#):






Workflows


We have described some standard workflows using Samtools:

- WGS/WES Mapping to Variant Calls
- Using CRAM within Samtools



Documentation

- Manuals
- HowTos
- Specifications
- Duplicate Marking
- Zlib Benchmarks
- CRAM Benchmarks
- Publications



Support

- Mailing Lists
- HTSlib issues
- BCFtools issues
- Samtools issues

<http://www.htslib.org/>

現行の最新はv1.18

バージョンによってオプションの与え方が変わっているコマンドに注意

NGSデータを扱うための最も基盤となるツール

Samtoolsの起動

```
$ samtools
```

```
$ samtools
```

```
Program: samtools (Tools for alignments in the SAM format)  
Version: 1.18 (using htslib 1.18)
```

```
Usage:  samtools <command> [options]
```

```
Commands:
```

```
-- Indexing
```

dict	create a sequence dictionary file
faidx	index/extract FASTA
fqidx	index/extract FASTQ
index	index alignment

```
-- Editing
```

calmd	recalculate MD/NM tags and '=' bases
fixmate	fix mate information
reheader	replace BAM header
targetcut	cut fosmid regions (for fosmid pool only)
addreplacerg	adds or replaces RG tags
markdup	mark duplicates
ampliconclip	clip oligos from the end of reads

```
-- File operations
```

collate	shuffle and group alignments by name
cat	concatenate BAMs
consensus	produce a consensus Pileup/FASTA/FASTQ
merge	merge sorted alignments
mpileup	multi-way pileup
sort	sort alignment file
split	splits a file by read group
quickcheck	quickly check if SAM/BAM/CRAM file appears intact
fastq	converts a BAM to a FASTQ
fasta	converts a BAM to a FASTA
import	Converts FASTA or FASTQ files to SAM/BAM/CRAM
reference	Generates a reference from aligned data
reset	Reverts aligner changes in reads

```
-- Statistics
```

bedcov	read depth per BED region
coverage	alignment depth and percent coverage
depth	compute the depth
flagstat	simple stats
idxstats	BAM index stats
cram-size	list CRAM Content-ID and Data-Series sizes
phase	phase heterozygotes
stats	generate stats (former bamcheck)
ampliconstats	generate amplicon specific stats

```
-- Viewing
```

flags	explain BAM flags
head	header viewer
tview	text alignment viewer
view	SAM<->BAM<->CRAM conversion
depad	convert padded BAM to unpadded BAM
samples	list the samples in a set of SAM/BAM/CRAM files

```
-- Misc
```

help [cmd]	display this help message or help for [cmd]
version	detailed version information

オプション/引数
なしで起動すると
Samtools の基本的な
使い方が表示される

実習しながら
進めます

Samtools の起動: コマンド簡易マニュアル

基本的な使い方: `$ samtools command options`

`$ samtools view`

Usage: `samtools view [options] <in.bam>|<in.sam>|<in.cram> [region ...]`

Options:

```
-b          output BAM
-C          output CRAM (requires -T)
-l          use fast BAM compression (implies -b)
-u          uncompressed BAM output (implies -b)
-h          include header in SAM output
-H          print SAM header only (no alignments)
-c          print only the count of matching records
-o FILE     output file name [stdout]
-U FILE     output reads not selected by filters to FILE [null]
-t FILE     FILE listing reference names and lengths (see long help) [null]
-L FILE     only include reads overlapping this BED FILE [null]
-r STR      only include reads in read group STR [null]
-R FILE     only include reads with read group listed in FILE [null]
-q INT      only include reads with mapping quality >= INT [0]
-l STR      only include reads in library STR [null]
-m INT      only include reads with number of CIGAR operations consuming
             query sequence >= INT [0]
-f INT      only include reads with all of the FLAGS in INT present [0]
-F INT      only include reads with none of the FLAGS in INT present [0]
-G INT      only EXCLUDE reads with all of the FLAGS in INT present [0]
-s FLOAT    subsample reads (given INT.FRAC option value, 0.FRAC is the
             fraction of templates/read pairs to keep; INT part sets seed)
```

- コマンドを付けてオプション無しで実行するとそのコマンドのマニュアルが表示される
- 詳細は <http://www.htslib.org/doc/samtools.html> を参照のこと

SAM/BAM変換

samtools view *options...*

- SAMファイルからBAMファイルの作成

```
$ samtools view -bS eco_bowtie2.sam -o eco_bowtie2.bam
```

- BAMをSAMに変換して less コマンドで表示

```
$ samtools view eco_bowtie2.bam | less
```

- BAMファイルを less で読もうとすると... ?

```
$ less eco_bowtie2.bam
```

- SAMファイルに比べてBAMファイルのサイズは？

```
$ ls -l eco_bowtie2.*
```

Samtoolsによるsort

samtools sort *options...*

```
$ samtools sort
```

```
Usage: samtools sort [options...] [in.bam]
```

Options:

```
-l INT      Set compression level, from 0 (uncompressed) to 9 (best)
-m INT      Set maximum memory per thread; suffix K/M/G recognized [768M]
-n          Sort by read name
-t TAG      Sort by value of TAG. Uses position as secondary index (or read name if -n is set)
-o FILE     Write final output to FILE rather than standard output
-T PREFIX   Write temporary files to PREFIX.nnnn.bam
  --input-fmt-option OPT[=VAL]
              Specify a single input file format option in the form
              of OPTION or OPTION=VALUE
-O, --output-fmt FORMAT[,OPT[=VAL]]...
              Specify output format (SAM, BAM, CRAM)
  --output-fmt-option OPT[=VAL]
              Specify a single output file format option in the form
              of OPTION or OPTION=VALUE
--reference FILE
              Reference sequence FASTA FILE [null]
-@, --threads INT
              Number of additional threads to use [0]
```

マッピングデータをリファレンス配列上の位置順に並び替える

これをしないとindexを付けられない

BAM ファイルのソート

samtools sort *options...*

```
$ samtools sort eco_bowtie2.bam -o  
eco_bowtie2_sorted.bam
```

- samからの直接変換も可能 (v1.3以降)

```
$ samtools sort eco_bowtie2.sam -o  
eco_bowtie2_sorted.bam
```

- ソートされたBAMファイルをSAMに変換してlessで表示

```
$ samtools view eco_bowtie2_sorted.bam | less
```

- 元のSAMファイルの表示と比較してみよう

```
$ less eco_bowtie2.sam
```

BAMファイルにインデックスを付ける

samtools index options...

- 先にソートされている必要がある
- インデックスは .bai という拡張子付きの別ファイルで生成される。
- 「bamファイル名.bai」が作成されたのを ls コマンドで確認

```
$ samtools index eco_bowtie2_sorted.bam
```

```
$ ls eco_bowtie2_sorted*
```

ここから先はソート & インデックス付与したbamファイルを使う

ソート & インデックス付与したbamファイルを使って

指定した領域内のマッピング結果を表示

```
$ samtools view eco_bowtie2_sorted.bam chr:200-500
```



染色体名 : 開始位置 - 終了位置

マッピング統計情報収集 1

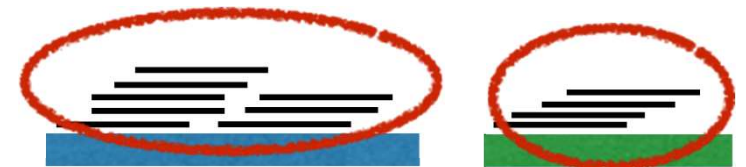
samtools idxstats *options...*

- 染色体毎にマップされたリード数を得る

```
$ samtools idxstats eco_bowtie2_sorted.bam
```

染色体名	染色体配列長	マップされた リード数	片側のみマップさ れたリード数
chr	4639675	326754	0
*	0	0	3364

マップされなかったリード数
染色体名が '*' として表示される



マッピング統計情報収集 2

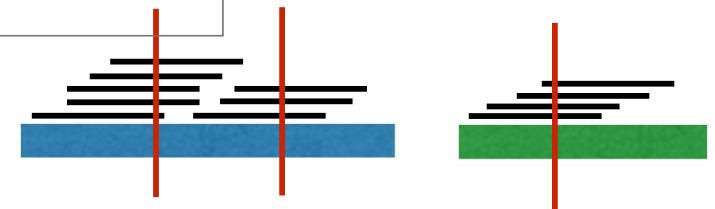
samtools depth *options...*

- 深度（マップされた回数）の統計情報を得る

```
$ samtools depth eco_bowtie2_sorted.bam
```

染色体名	位置	深度（マップされた回数）
------	----	--------------

chr	2753929	1533
chr	2753930	1470
chr	2753931	1446
chr	2753932	1101
chr	2753933	922
chr	2753934	918



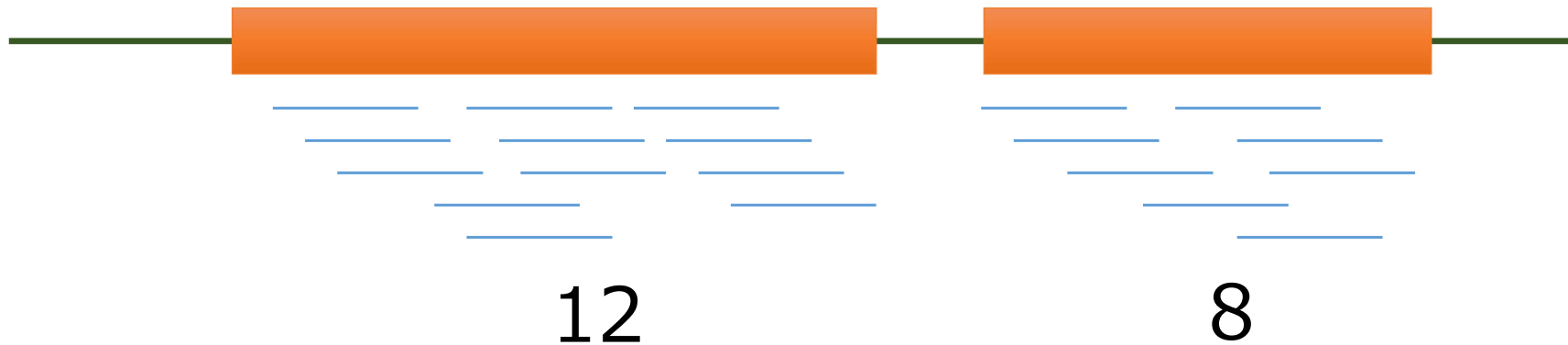
紹介したSamtools コマンドまとめ

samtools

view	リードを抽出, SAM/BAM変換
sort	ソート
index	.bamのインデックス作成
idxstats	染色体毎のマッピング状況
depth	位置毎のマッピング深度

RNA-Seq解析に向けて

- ゲノム上にマッピングされたリードを遺伝子領域ごとに集めて数をカウント



通常、カウントした数を遺伝子の長さ、およびマップされたリード全体の数で割って標準化する

RPKM (Read Per Kilobase per Million mapped reads)

FPKM (Fragment Per Kilobase per Million mapped reads)

TPM (Transcript Per Million mapped reads)

統計解析を含めた内容は「RNA-seq入門」で

今回紹介したツール・ファイルのまとめ

SeqKit

ゲノム (リファレンス) 配列
FASTAファイル

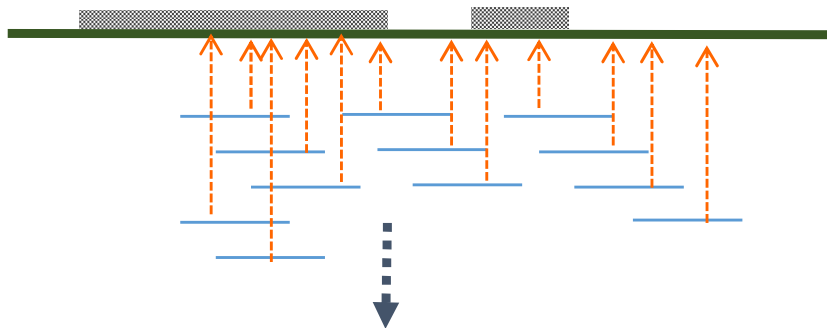
```
>chr
AGCTTTTCATTTCTGACTGCAACGGGCAATATGCT
CTGTTGCGATTAAAAAGAGTGTCTGATAGCAGC
TTCTGAACTGGTTACCTGCGTGAATTAATAAAA
TTTTATGACTTAGGTCACTAATACTTTAACCAA
TATAGCATAGCGACACACAGATAAAATACAG
AGTACACACATCCATGAACGCAATTAGACCACC
```

サンプルリード (ゲノム DNA/RNA)
FASTQファイル (配列+クオリティ)

```
@SRR1515276.1 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3625:88631 length=51
ATCCGGCTGGCGACCGACCTATGTTCCGGGCGAATACAGCTGGTGAAG
+SRR1515276.1 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3625:88631 length=51
@@@AD>DDFF7DC?FFBFF@DFTIK<DF@AAA6AEFHEDCA?>A?B=>B::
@SRR1515276.2 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3871:88513 length=51
CACCGGTGAGTACAGCATCCGTGGTACATCAGCAATCCAGTCCCTCCC
+SRR1515276.2 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3871:88513 length=51
CCCFEDFDHDFHILLIEGTHUUUGFHGGHGGHGLJDLJHJHGGGHH
```

インデックス作成 **bowtie2-build**

リファレンス配列へのマッピング **bowtie2**



遺伝子アノテーション GFF(GTF)ファイル

```
chr RefSeq start codon 190 192 1.000 + . gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";
chr RefSeq CDS 190 252 1.000 + 0 gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";
chr RefSeq stop_codon 253 255 1.000 + . gene_id "b0001"; transcript_id "b0001";
chr RefSeq exon 190 255 1.000 + . gene_id "b0001"; transcript>
```

遺伝子ごとの集計

**RNA-seq入門
にて**

b0001	11
b0002	117
b0003	36

マッピング結果 SAM ファイル

@HD	VN:1.0	SO:unsorted					
@SQ	SN:chr	IN:4639675					
@PG	ID:bowtie2	EN:bowtie2	VN:2.2.4	CL:"/bio/bin/bowtie2-align			
SRR1515276.40	0 chr	4423609	42 51M	*	0	0	GGATTTCCTCCTGCA
SRR1515276.158	16 chr	501700	42 51M	*	0	0	ACGACCGAGTGAAG
SRR1515276.212	4 *	0	0 *	*	0	0	GGCGCTTTCAGCGGT
SRR1515276.319	0 chr	2922768	42 51M	*	0	0	GCTTAAGTGTATTAAG
SRR1515276.367	16 chr	2753873	42 51M	*	0	0	GGGTGTCGTCGCGAC
SRR1515276.411	0 chr	3440721	42 51M	*	0	0	ACGCAATATTCTTCA
SRR1515276.434	0 chr	4198737	42 51M	*	0	0	CGCGGTACGATCTGG

samtools

BAMファイル

並べ替え
検索
ゲノムブラウザへ