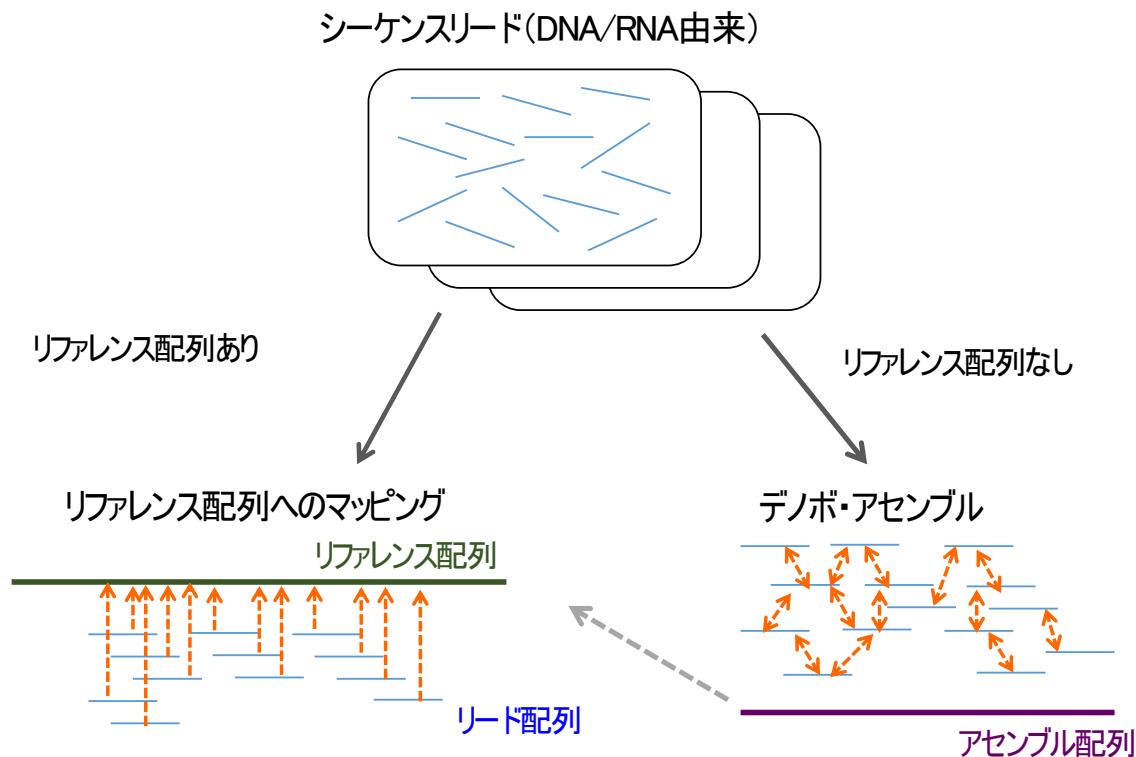


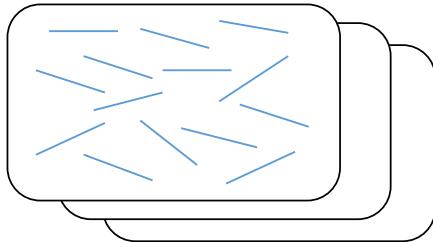
クオリティコントロールと NGS基本ツール

基礎生物学研究所
生物機能解析センター
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)



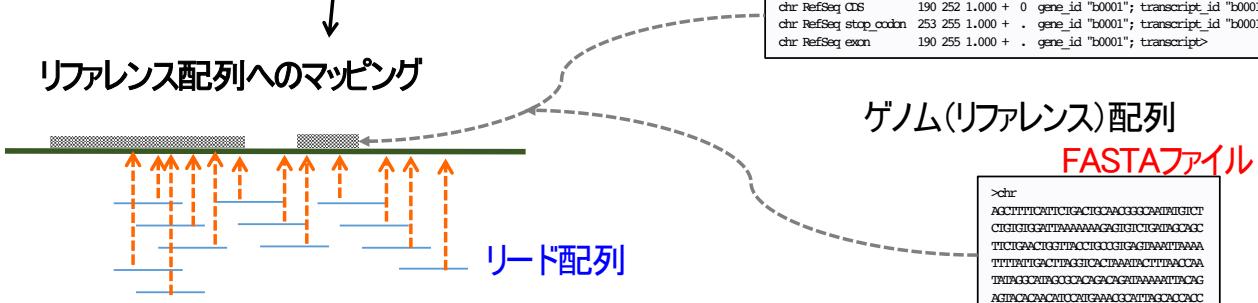
FASTQファイル(配列+クオリティ)

```
@SRR1515276.1 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3625:88631 length=51
AICCGCTTGGCCGACCGCCTTCATGTTGCGGGAATTCAGCTGGTGAG
+SRR1515276.1 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3625:88631 length=51
@@@D>DFF7DC7FEEF@FTII<DF@AAA2AEFBDBCA>A/B>B:>
+SRR1515276.2 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3871:88513 length=51
CAAGGTTGAGTCCACGCAUCUCCGGTCAACGCGAAUCCAGGCUCC
+SRR1515276.2 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3871:88513 length=51
CCOPEDDEHDEHIIIBGHUUUUGFGCHGHHGGLIDGLHHGGGHH
+SRR1515276.3 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3950:88530 length=51
CAGGCAAUCCCCCTTCACTGTTACACTTGACGACACCICGATTTCAG
+SRR1515276.3 HWI-ST808:151:D2D13ACXX:2:1207:3950:88530 length=51
CCOPEDDEHDEHIIIBGHUUUUGFGCHGHHGGLIDGLHHGGGHH
```

リファレンス配列あり



リファレンス配列へのマッピング



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_id "b0001";
```

ゲノム(リファレンス)配列

FASTAファイル

```
>chr
ACTTTTGTTCGAGCTGACGGAAAGTCCT
CTGGCTGGTTAAANAAAAGAGCTCTGTTGCGC
TTCTGACGCTGTTGCCCTCCCTGAGTAATPAAA
TTTTTTGACTTGGCACTTAACTTCTTACAA
TGGGGGGGGGGGGGAGCGAGTAAATTTGAG
AGTTCAGACATCTGGAGGGGTTTGCCTCC
ATTCACCCACCATCTGGGGGGGGGGGGGGGGGG
```

マッピング結果 SAM ファイル

@HD	VN:1.0	SO:unsorted
@SQ	SN:chr	LN:4639675
@RG	ID:bowtie2	PN:bowtie2
SRR1515276.40	0 chr	4423609 VN:2.2.4 CL:"/bio/bin/bowtie2-alig
SRR1515276.158	16 chr	501700 42 51M * 0 0 GGTATTCCTCAGCGCA
SRR1515276.212	4 *	0 42 51M * 0 0 AGCCACCGAGCGGAG
SRR1515276.319	0 chr	2922768 0 42 51M * 0 0 GGGCTTTGCGGCG
SRR1515276.367	16 chr	2753873 42 51M * 0 0 GGTAGTTGGATTTAGG
SRR1515276.411	0 chr	3440721 42 51M * 0 0 ACGCTTGTATTTTGA
SRR1515276.434	0 chr	4198737 42 51M * 0 0 GGGCGTACCGCTCGG

クオリティーコントロール

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

→**検証する手段**

アダプター配列ばかりではないか

コンタミ配列の有無

PCR増幅の適性度

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

- ・得られるdataのクオリティーは同一ではない

→**可能な範囲で揃える**

シーケンサーの調子 エラーかみ

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

シーケンスのクオリティーチェックツール FASTQC

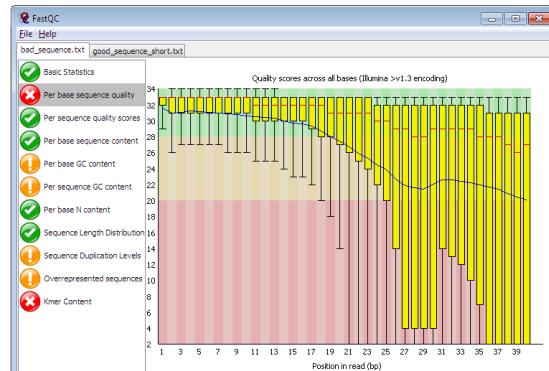
Babraham Bioinformatics

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.).

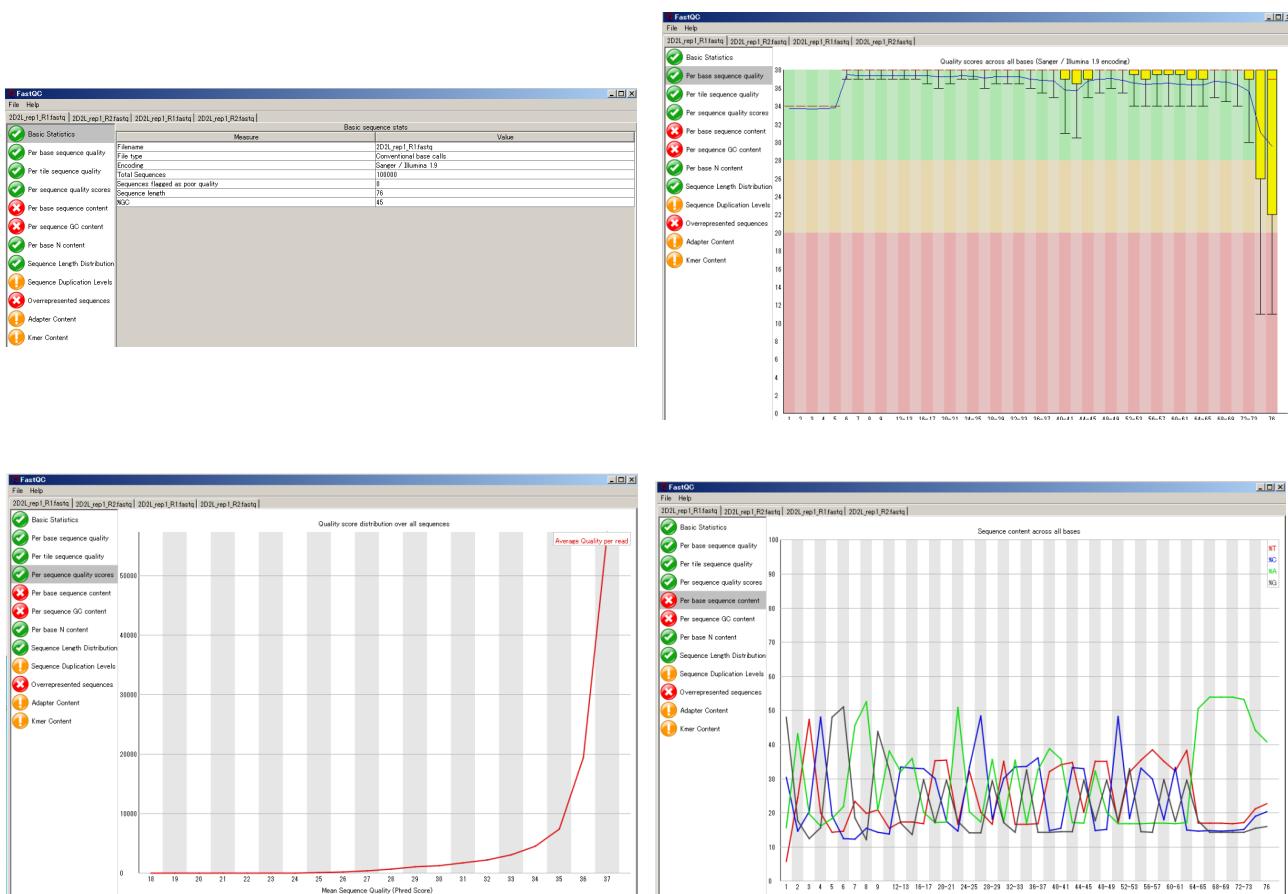
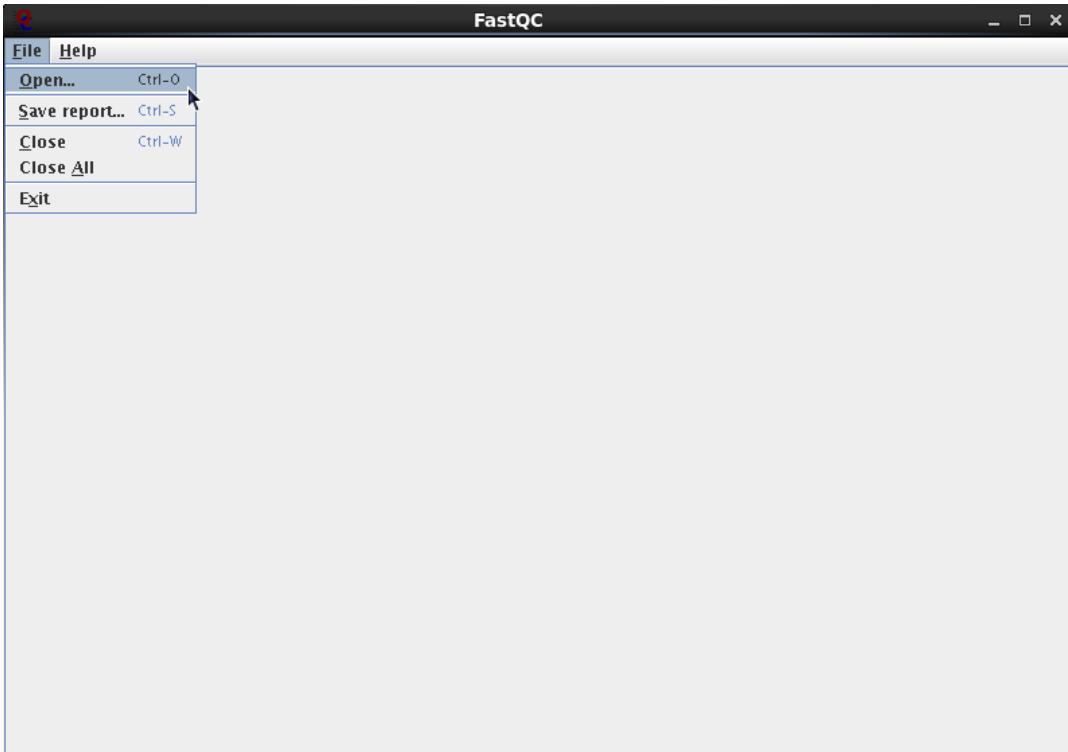
Example Reports

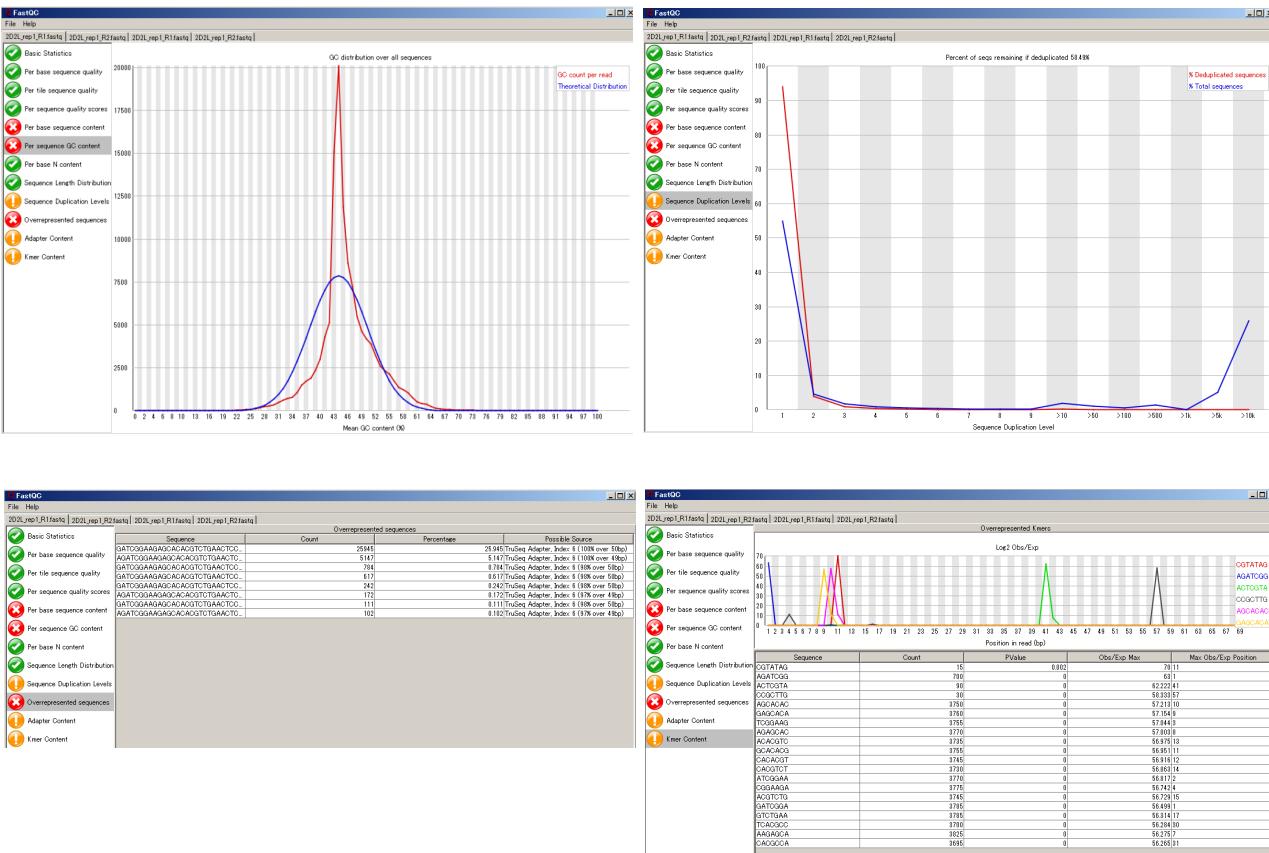
- Good Illumina Data
- Bad Illumina Data
- Adapter dimer contaminated run
- Small RNA with read-through adapter
- Reduced Representation BS-Seg
- PacBio
- 454

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。





CUI

```
$ 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

実習 1 FASTQC

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

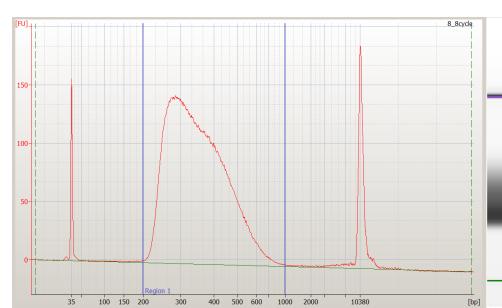
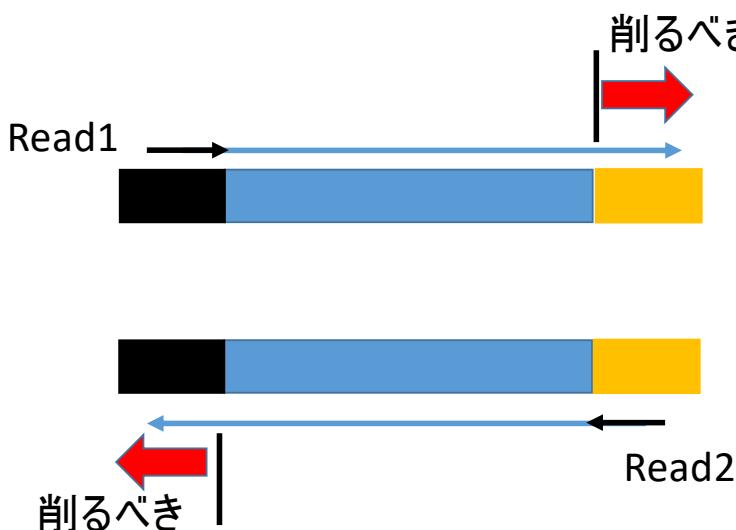
```
$ cd ~/data/5_ngs  
$ ls
```

- read結果 `2D2L_rep1_R1.fastq`

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）があると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。

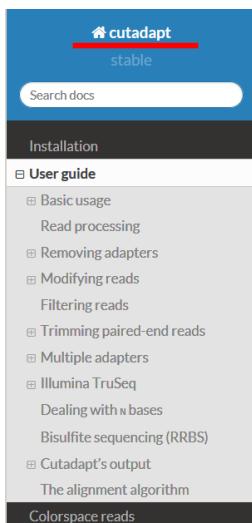
Pre-processing tools

以下の2ツールが有名

- Cutadapt
- Trimmomatic

生データを処理することで、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

- ・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



Docs » User guide [Edit on GitHub](#)

User guide

Basic usage

If you just want to trim a 3' adapter, the basic command-line for cutadapt is:

```
cutadapt -a AACCGGTT -o output.fastq input.fastq
```

The sequence of the adapter is given with the `-a` option. Of course, you need to replace `AACCGGTT` with your actual adapter sequence. Reads are read from the input file `input.fastq` and written to the output file `output.fastq`.

Cutadapt searches for the adapter in all reads and removes it when it finds it. All reads that were present in the input file will also be present in the output file, some of them trimmed, some of them not. Even reads that were trimmed entirely (because the adapter was found in the very beginning) are output. All of this can be changed with command-line options, explained further down.

A report is printed after cutadapt has finished processing the reads.

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両方も除去する。

<http://cutadapt.readthedocs.org/en/stable/guide.html>

Cutadapt

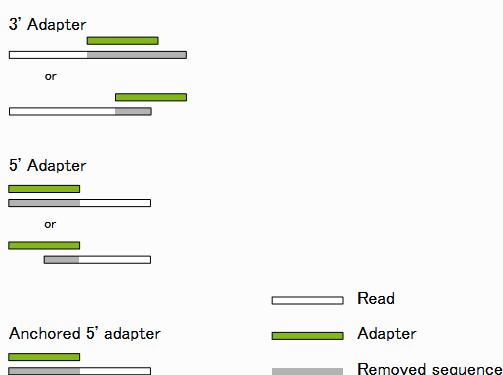
Removing adapters

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>

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

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



fastqファイルはgz圧縮してあってもよい
fastaファイルも可

```
$ cutadapt -h  
cutadapt version 2.3
```

用いられるバージョンが確認できる

Copyright (C) 2010-2019 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を指定しておくと自動検出
-q --quality-cutoff	クオリティー 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 AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCAC ¥  
-o hoge_read1.cut.fastq ¥  
hoge_read1.fastq
```

Paired end readの場合

```
$ cutadapt ¥  
-a AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCAC ¥  
-A AGATCGGAAGAGCGTCGTAGGGAAAGAGTGTAGATCTGGTGGTCGCCGTATC ¥  
-o hoge_read1.cut.fastq ¥  
-p hoge_read2.cut.fastq ¥  
hoge_read1.fastq ¥  
hoge_read2.fastq
```

実習 2 cutadapt

実習用ディレクトリ ~/data/5_ngs に移動して ls で中を見る

```
$ cd ~/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 AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCAC $  
-o 2D2L_rep1_R1.fastq.cut.fastq $  
2D2L_rep1_R1.fastq
```

発展) 圧縮されたQV値

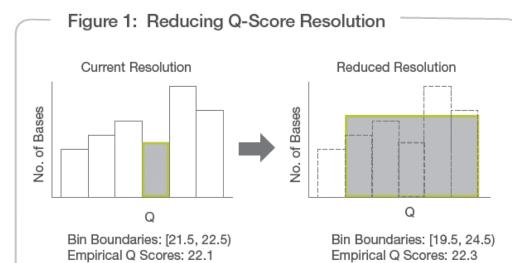
fastqファイルに記載されるQV値は、近年のシーケンサーではストレージ容量削減の為、圧縮効率の良い圧縮されたqv値が用いられている。

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:HHNWVCCXY:6:1101:13433:25464 1:N:0:GTGTATTA  
AATGTGCGTTGTTGGATAGGACATTGTCAGCTACGCGCCGGCTCTGTGAAGTAATTGGTTGAATGAATAAA  
+  
AAFFFJJJFF-AFAF7A<<FJJF<AFJJJJJ7<FJJJJF-7F-7FJFFJ-A-FFAFJF-FFJJA-FJAFJJ<AAFA
```

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



Illumina White paper
Reducing Whole-Genome Data Storage Footprintより

NGS基本ツール

- Seqkit
- Bowtie2
- SAMtools
- HT-Seq

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

SeqKitで出来ること、類似ツールとの比較

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

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	--	--
Functions	Supporting RNA	Yes	Yes	--	--	Yes	Yes
	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	--

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。

唯一、出来なかったtranslateが
v0.10より可能になった。

gz圧縮にも対応している。

最新はv0.12.0

```
$ seqkit
SeqKit -- a cross-platform and ultrafast toolkit for FASTA/Q file manipulation
Version: 0.12.0
Author: Wei Shen <shenwei356@gmail.com>
Documents : http://bioinf.shenwei.me/seqkit
Source code: https://github.com/shenwei356/seqkit
Please cite: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0163962
Usage:
  seqkit [command]

Available Commands:
  amplicon      retrieve 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 same ID from multiple files
  convert       convert FASTQ quality encoding between Sanger, Solexa and Illumina
  duplicate     duplicate sequences N times
  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 (with length/GC content/GC skew)
  genautocomplete generate shell autocompletion script
  grep          search sequences by ID/name/sequence/sequence motifs, mismatch allowed
  head          print first N FASTA/Q records
  help          Help about any command
  locate         locate subsequences/motifs, mismatch allowed
  mutate         edit sequence (point mutation, insertion, deletion)
  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
  seq            transform sequences (reverse, complement, extract ID...)
  shuffle        shuffle sequences
  sliding        sliding sequences, circular genome supported
  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
  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.fastaファイルのstatatistics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.fastaファイルを複数のファイルに分割する

```
$ seqkit split -p 2 hoge.fasta
```

fastq.fasta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.fastaファイルのread順番をシャッフルする

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

実習 3 seqkit

実習用ディレクトリ ~/data/5_ngs に移動して ls で中を見る

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

• read結果 2D2L_rep1_R1.fastq

statsを確認する

```
$ seqkit stats 2D2L_rep1_R1.fastq
```

fastqからfastaへ変換する

```
$ seqkit fq2fa 2D2L_rep1_R1.fastq > 2D2L_rep1_R1.fasta
```

fastqファイルを3つに分割する

```
$ seqkit split -p 3 2D2L_rep1_R1.fastq
```

フォルダーが新規に作成され、分割されたファイルが出来ている

発展) read dataのランダムサンプリング

イルミナ社のシーケンサーではread結果はスキャンクラスターの場所ごとに並ぶことになる。

よって、headなどのコマンドで先頭のデータをサンプリングすると、隅のクラスターのシーケンス結果を得ることになる。

一般に隅のクラスターは試薬流路上、クオリティーの低いシーケンスリードが多く、これを全リードの代表として扱うのは問題である。

代表的なシーケンスreadを得るには、seqkitのsampleやshuffleの機能が使える。

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).



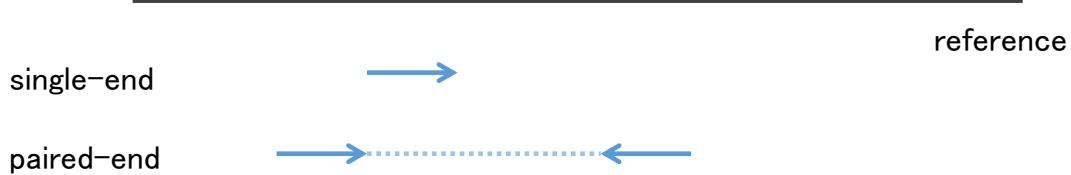
Bowtie 2 is an ultrafast and memory-efficient tool for aligning sequencing reads to long reference sequences. It is particularly good at aligning reads of about 50 up to 100s or 1,000s of characters, and particularly good at aligning to relatively long (e.g. mammalian) genomes. Bowtie 2 indexes the genome 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.



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

NGSリファレンス配列のインデックスを作成 bowtie2-build

```
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 `~/data/5_ngs` に移動して `ls` で中を見る

```
$ cd ~/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

Home

Download

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 htllib so they can be built independently.

Download

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

[Source release details](#)

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

現行の最新はv1.10

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: 1.10 (using htllib 1.10)
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
-- File operations
collate      shuffle and group alignments by name
cat          concatenate BAMs
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
-- Statistics
bedcov       read depth per BED region
coverage     alignment depth and percent coverage
depth        compute the depth
flagstat     simple stats
idxstats    BAM index stats
phase        phase heterozygotes
stats        generate stats (former bamcheck)
-- Viewing
flags        explain BAM flags
tview        text alignment viewer
view         SAM<->BAM<->CRAM conversion
depad       convert padded BAM to unpadded BAM
```

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)
  -f          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



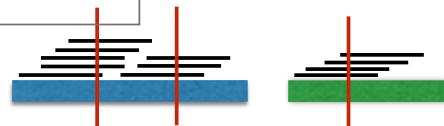
マッピング統計情報収集 2

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



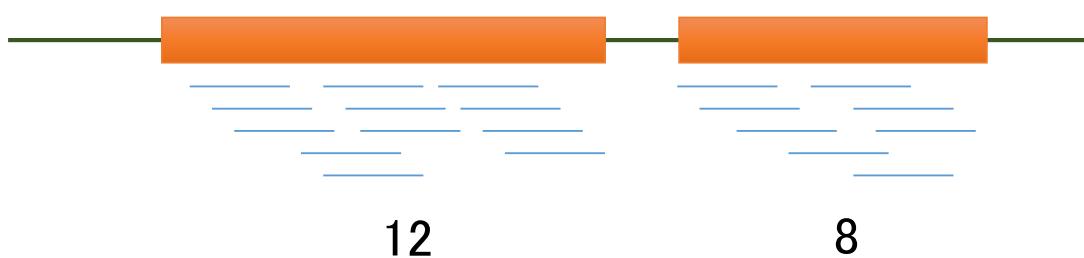
紹介したSamtools コマンドまとめ

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)

統計解析を含めた内容は実践編にて。

今回使ったツール・ファイルのまとめ

SeqKit

