

Multiqc:

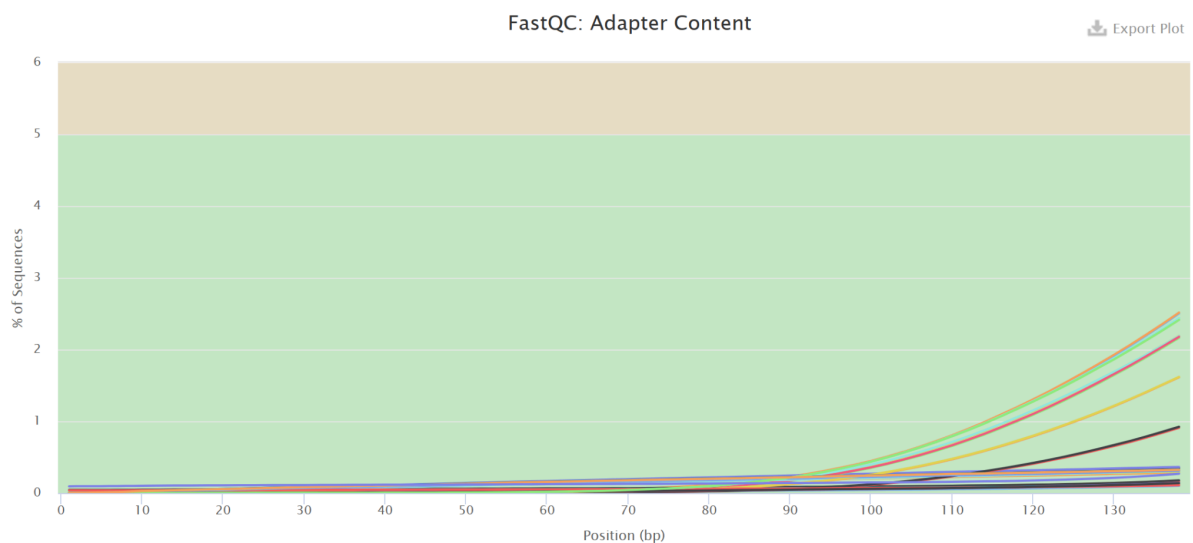
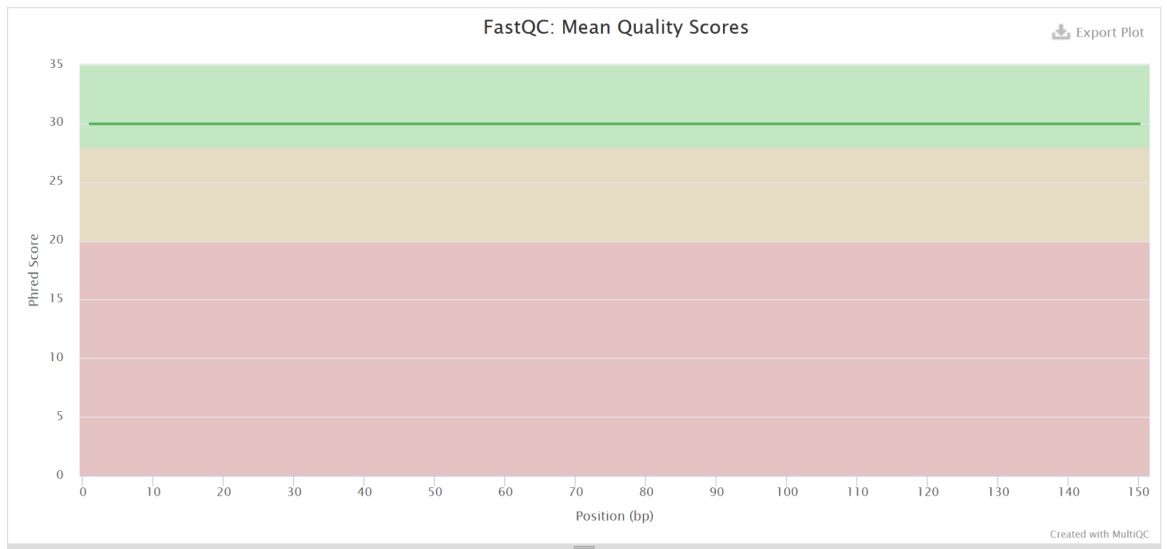
Sequence Quality Histograms

12

The mean quality value across each base position in the read.

Help

Y-Limits: on



Адаптеры есть, но триммировать не буду, потому что картирую с помощью STAR и он сам должен их порезать.

STAR:

Индексирую референсный геном:

```
STAR --runMode genomeGenerate --genomeDir . --genomeFastaFiles ../my_genome  
--runThreadN 32
```

Команда для картирования:

```
#!/bin/bash
```

```

for file in $(ls *_1.fastq.gz); do
    prefix=$(echo $file | sed 's/rawV//g' | sed 's/_1\.fastq\.gz//g')
    echo "$prefix is being aligned with STAR"
    STAR --runThreadN 20 --runMode alignReads --genomeDir
/home/asafin/work_dir_6.3.31/rnaseq/STAR_db --quantMode GeneCounts \
    --outFileNamePrefix ../alignment/$prefix. --readFilesIn ${prefix}_1.fastq.gz
${prefix}_2.fastq.gz --readFilesCommand zcat \
    --outBAMsortingThreadN 20 --outSAMtype BAM SortedByCoordinate
done

```

Полученные файлы разделил по папкам:

/ ... / rnaseq / alignment /		
Name		Last Modified
Aligned		a day ago
counts		a day ago
Logs		a day ago
SJ		a day ago

Почему то по bam файлам samtools flagstats выдаёт все риды как 100% парно-выровненные, видимо перед выводом в bam они дополнительно фильтруются:

```

(exome_stud) asafin@hpc-2-3-7:~/work_dir_6.3.31/rnaseq/alignment/Aligned$ samtools flagstats -@ 32 SRR17948874.Aligned.sortedByCoord.out.bam
73665408 + 0 in total (QC-passed reads + QC-failed reads)
54557694 + 0 primary
19107714 + 0 secondary
0 + 0 supplementary
0 + 0 duplicates
0 + 0 primary duplicates
73665408 + 0 mapped (100.00% : N/A)
54557694 + 0 primary mapped (100.00% : N/A)
54557694 + 0 paired in sequencing
27278847 + 0 read1
27278847 + 0 read2
54557694 + 0 properly paired (100.00% : N/A)
54557694 + 0 with itself and mate mapped
0 + 0 singletons (0.00% : N/A)
0 + 0 with mate mapped to a different chr
0 + 0 with mate mapped to a different chr (mapQ>=5)

```

По сгенерированным файлам logs.final:

Uniquely mapped reads % ~ 90%

% of reads unmapped: too short ~ 3%