

# Standalone BLAST, EMBOSS

Ваня Русинов

# Standalone BLAST

# Пакет BLAST+

- ▶ BLAST+ – пакет консольных утилит, позволяющих запускать локальный (standalone) BLAST.
- ▶ Есть версии BLAST+ для Windows, MacOSX и Linux.
- ▶ BLAST+ установлен на kodomo.
- ▶ Для локального BLAST необходимо создать (или загрузить) базу последовательностей в специальном формате.

# Создание/загрузка базы

Создание базы с помощью makeblastdb:

```
> makeblastdb -in "seqs.fasta" -dbtype "nucl"
```

Загрузка готовой базы из NCBI с помощью update\_blastdb.

- ▶ Можно загрузить одну из баз, доступную для выбора в веб-интерфейсе.
- ▶ Базы весят десятки и даже сотни гигабайт.
- ▶ Если понадобится, разберетесь сами.

# Запуск локального BLAST

Запуск blastn:

```
> blastn -task "blastn" -query "query.fasta" -db "seqs.fasta"
```

`-task` тип алгоритма (blastn, megablast, dc-megablast и другие)

`-query` последовательность-запрос в формате fasta

`-db` имя базы для поиска (это не fasta файл!)

Доступные команды:

- ▶ blastn, blastp, blastx, tblastn, tblastx
- ▶ psiblast
- ▶ rpstblastn, rpsblast+
- ▶ deltablast

# Формат вывода

Можно изменить формат выходного файла с помощью опции `-outfmt`.  
Особенно полезны "табличные" форматы 6, 7 и 10, которые можно дальше кастомизировать, указывая аббревиатуры столбцов.

```
> blastn -task "blastn" -query "query.fasta" -db "seqs.fasta" \  
    -outfmt "7 qseqid sseqid slen evalue" -out "output.tsv"
```

# EMBOSS

# EMBOSS

European **M**olecular **B**iology **O**pen **S**oftware **S**uite

Пакет консольных биоинформатических программ.

- ▶ унифицированный интерфейс
- ▶ общий формат для задания адреса последовательностей (USA)
- ▶ есть программы для большинства повседневных задач, возникающих при работе с биологическими последовательностями
- ▶ пакет перестал развиваться в 2013, программы устаревают



# Помощь по программам

Можно получить справку в командной строке:

Краткое описание основных опций:

```
> any-emboss-util -help
```

Описание всех имеющихся опций:

```
> any-emboss-util -help -verbose
```

Подробное описание команды:

```
> tfm any-emboss-util
```

Поиск программы по описанию:

```
> wosname "alignment"
```

У всех программ есть man, по объему это примерно -help

```
> man any-emboss-util
```

Или можно читать описания в интернете:

<http://emboss.open-bio.org/> путанный официальный сайт

<http://emboss.sourceforge.net/> лучше организован, но у меня постоянно висит

# Унифицированный адрес последовательности (USA)

Uniform Sequence Address

```
format::dbORfile:entry[start:end:reverse]
```

Список форматов можно узнать здесь:

<http://emboss.sourceforge.net/docs/themes/SequenceFormats.html>

Список баз данных можно узнать с помощью команды `showdb`. По факту, на kodomo нормально работает только Swiss-Prot.

В именах файлов и записей можно использовать маски. Не забывайте про экранирование!

Полный формат USA можно узнать здесь:

<http://emboss.sourceforge.net/docs/themes/UniformSequenceAddress.html>

# Аргументы командной строки

- ▶ аргументы называются qualifiers
- ▶ бывают пяти типов: standard, additional, advanced, associated и general
- ▶ всегда задаются в виде опций, начинающихся с *одного* символа -
- ▶ название опции можно сокращать, пока понятно, какая опция имеется в виду
- ▶ нельзя склеивать названия нескольких опций после одного -
- ▶ почти все опции требуют один аргумент
- ▶ у опций типа boolean аргумент можно опускать, имея в виду "Y"

# Standard qualifiers

## Обязательные аргументы

- ▶ если не заданы, будут запрошены с `STDIN` в процессе исполнения
- ▶ иногда могут задаваться в виде позиционных аргументов (т.е. без указания названия опции), в этом случае название опции заключено в [] на странице `-help`
- ▶ иногда для них есть значение по умолчанию, которое можно активировать опцией `-auto`

Пример:

```
> infoseq -sequence "seq.fasta"
```

или (то же самое):

```
> infoseq "seq.fasta"
```

# Additional qualifiers

## Дополнительные аргументы

- ▶ если не заданы, будут использованы значения по умолчанию (если не задана опция `-options` , иначе будут запрошены с `STDIN` )
- ▶ значения по умолчанию указаны в [] на странице `-help`

Пример:

```
> infoseq seq.fasta -outfile "report.txt"
```

# Advanced qualifiers

"Расширенные" аргументы

- ▶ предполагается, что они редко потребуются рядовым пользователям
- ▶ не отображаются на странице `-help` без опции `-verbose`

Пример:

```
> infoseq seq.fasta -outfile report.txt -delimiter ";"
```

# Associated qualifiers

"Ассоциированные" аргументы

- ▶ уточняют значения других аргументов
- ▶ не отображаются на странице `-help` без опции `-verbose`
- ▶ на странице `-help -verbose` указано, какой аргумент они уточняют

Пример:

```
> infoseq seq.fasta -outfile report.txt -squick "Y"
```

# General qualifiers

## Общие аргументы

- ▶ есть у всех программ EMBOSS
- ▶ не отображаются на странице `-help` без опции `-verbose` (за исключением самой опции `-help`)
- ▶ служат либо для получения служебной информации о программе, либо для переключения режима взаимодействия с программой

Пример:

```
> infoseq -help "Y" -verbose "N"
```



# Перенаправление потоков

- filter** общий аргумент, делает все, что нужно
- stdout** общий аргумент, только подменяет значение по умолчанию для **-outseq** на **STDOUT**, если **-outseq** – это обязательный аргумент, то программа его все равно спросит
- stdout** специальное значение параметра (не опция!), в этом случае вместо файла вывод будет перенаправлен на **STDOUT**
- auto** общий аргумент, не изменяет потоков, но отключает все сообщения и заставляет программу использовать значения по умолчанию даже для обязательных аргументов; помогает решить проблему с **-stdout**

# Проблемы с сообщениями

Все сообщения, в том числе `-help`, программы EMBOSS выводят на `STDERR`, а не `STDOUT`

Слить `STDOUT` и `STDERR` и перенаправить в файл:

```
> seqret -help &> "seqret_help.txt"
```

Слить `STDOUT` и `STDERR` и передать следующей команде:

```
> seqret -help -verbose |& less
```

Убить `STDERR` (перенаправить в черную дыру):

```
> seqret "seqs.fasta" stdout 2> /dev/null | less
```

Отключить сообщения на уровне команды EMBOSS:

```
> seqret -filter "seqs.fasta" | less
```

или

```
> seqret -auto "seqs.fasta" "out.fasta"
```

# Разбиение fasta на отдельные файлы

Для этого есть `seqretsplit`, вот только задание имен выходных файлов совсем не интуитивное (да еще и глюков полно).

Имя выходных файлов имеет вид `DIR/NAME.FORMAT`

**DIR** по умолчанию – текущая папка; можно задать с помощью ассоциированной опции `-osdirectory`

**NAME** идентификатор последовательности (поменять нельзя)

**FORMAT** всегда fasta; причем можно изменить фактический формат выходных файлов (например, с помощью `USA` и `-outseq`), но расширение от этого не изменится 😞

# Интерфейсы

Не все любят CLI, поэтому для программ EMBOSS есть несколько других интерфейсов.

- ▶ Jemboss – оконный GUI, написан на Java, поэтому кросс-платформенный
- ▶ веб-интерфейс на сайте EBI: <https://www.ebi.ac.uk/Tools/emboss/>

Больше всяких подобных проектов можно искать на сайте EMBOSS, но они почти все уже мертвы.

<http://emboss.open-bio.org/html/use/ch07.html>