

Для того, чтобы сдать задания практикумов 12-13, необходимо подготовить программный сценарий, который:

- на вход принимает ID файла и имя хромосомы
- выдает фильтрованный vcf файл

Подготовьте программный сценарий (и конфигурационный файл, если решите использовать такую организацию).

На зачете нужно будет показать скрипт и ответить на вопросы о любых параметрах, типе входных и выходных файлов, для чего нужна та или иная строка, программа, параметр и т.д.

Примеры оформления кода

1. Базовый вариант

Каждая команда записывается ровно так, как она и должна быть записана для выполнения, с абсолютными или относительными путями.

```
====script.sh====
```

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

```
fastqc /mnt/scratch/NGS/exome/reads/SRR001.fastq.gz -o /mnt/scratch/NGS/exome/fastqc
```

```
TrimmomaticSE -phred33 /mnt/scratch/NGS/exome/reads/SRR001.fastq.gz  
/mnt/scratch/NGS/exome/reads_trim/SRR001.fastq.gz TRAILING:3 MINLEN:36
```

Запуск: ./script.sh

Здесь и далее – убедитесь, что у вашего скрипта есть права на исполнение.

2. Выносим заменяемые части в переменные

```
====script.sh====
```

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

```
sample=SRR001  
raw_reads=/mnt/scratch/NGS/exome/reads  
fastqc=/mnt/scratch/NGS/exome/fastqc  
trim_reads=/mnt/scratch/NGS/exome/reads_trim  
trail=3  
minlen=36
```

```
fastqc $raw_reads/$sample.fastq.gz -o $fastqc
```

```
TrimmomaticSE -phred33 $raw_reads/$sample.fastq.gz $ trim_reads /$sample.fastq.gz TRAILING:$trail  
MINLEN:$minlen
```

Запуск: ./script.sh

3. Выносим имя образца как параметр при запуске скрипта

```
====script.sh====
```

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

```
sample=$1
```

```
raw_reads=/mnt/scratch/NGS/exome/reads
```

```
fastqc=/mnt/scratch/NGS/exome/fastqc
```

```
trim_reads=/mnt/scratch/NGS/exome/reads_trim
```

```
trail=3
```

```
minlen=36
```

```
fastqc $raw_reads/$sample.fastq.gz -o $fastqc
```

```
TrimmomaticSE -phred33 $raw_reads/$sample.fastq.gz $ trim_reads /$sample.fastq.gz TRAILING:$trail  
MINLEN:$minlen
```

Запуск: ./script.sh SRR001

4. Выносим все переменные в конфигурационный файл

```
====config.cfg====
```

```
sample=$1
```

```
raw_reads=/mnt/scratch/NGS/exome/reads
```

```
fastqc=/mnt/scratch/NGS/exome/fastqc
```

```
trim_reads=/mnt/scratch/NGS/exome/reads_trim  
trail=3  
minlen=36
```

```
====script.sh====
```

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

```
cfg=$2
```

```
. $cfg
```

```
fastqc $raw_reads/$sample.fastq.gz -o $fastqc
```

```
TrimmomaticSE -phred33 $raw_reads/$sample.fastq.gz $ trim_reads /$sample.fastq.gz TRAILING:$trail  
MINLEN:$minlen
```

```
Запуск: ./script.sh SRR001 ./config.cfg
```