

Домашнее задание – Практикум 12

Общая задача: поиск и аннотация вариантов одного человека по данным экзомного секвенирования на примере одной хромосомы

Задача практикума: получить список вариантов на основании полученного ранее `bam` файла и аннотировать их средствами VEP

1. Получение вариантов

Воспользуемся средствами [bcftools](#).

`bcftools mpileup -f chrN.fa file.bam | bcftools call -mv -o file.vcf`

(~20-30 минут).

Как устроен полученный vcf файл? Загляните внутрь и опишите его.

Проанализируйте vcf файл с помощью программы **`bcftools stats`**. Запишите выходную информацию в файл.

- Сколько получилось вариантов?
- Сколько из полученных вариантов являются однонуклеотидными заменами?
- Сколько получилось коротких вставок и делеций?
- (*) Посмотрите на выход первой части команды (**`bcftools mpileup`**). Опишите его.

2. Фильтрация вариантов.

Критериев фильтрации существует множество. Наиболее важные - покрытие и качество варианта. Bcftools умеет фильтровать по-разному, попробуем некоторые опции.

К полученному vcf файлу примените:

`bcftools filter -i'QUAL>30 && DP>50'`.

Обратите внимание, что на выходе вы получите тоже vcf файл.

К фильтрованному vcf файлу примените уже знакомую команду **`bcftools stats`**.

- Сколько осталось вариантов после фильтрации (в штуках и в процентах)?
- Сколько осталось однонуклеотидных замен (в штуках и в процентах)?
- Сколько осталось коротких вставок и делеций (в штуках и в процентах)?

3. Аннотация вариантов

Проаннотируйте полученные выше профильтрованные варианты с помощью сервиса VEP (см. лекцию).

Подайте на вход vcf файл.

- a) В отчет включите и подробно опишите информацию из раздела Summary statistics. Обратите внимание (не только в этом пункте задания, но и в целом в отчете), что описание – это не только перечисление выданных программой результатов, а еще и ваше мнение на этот счет. Не стесняйтесь писать, что вас удивляет, настораживает, что не понятно, какие возникли проблемы, чем вам не хватило и т.д.
- b) Сколько получилось вариантов с IMPACT HIGH?
- c) (*) Как охарактеризованы варианты с импактом HIGH:
 - относительно генов (попали в ген или нет)
 - относительно структуры генов (экзон\инtron)
 - относительно приносимых изменений (missense, splice, ...)