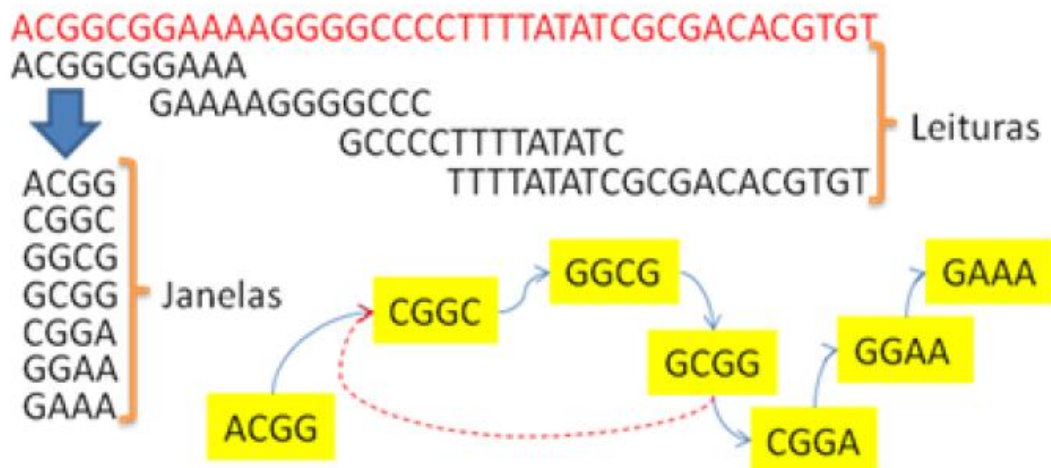


## Aula – Montagem de genomas

1. Abra um terminal em sua máquina Linux e crie uma pasta `mkdir aula_montagem` e entre nela `cd aula_montagem`. No Windows, crie uma pasta!
2. Agora abra uma conexão com a pinguim `ssh bioufmg@143.107.223.182`
3. Entre em sua pasta na pinguim `cd eusoujacu` crie um diretório `mkdir aula_montagem` e entre nela `cd aula_montagem`
4. Copie o material para essa pasta `cp /home/treinamento/velvet_aura/*` . (olha o ponto!)
5. Dá um `ls` e veja que você tem três arquivos, dois arquivos de sequenciamento (`reads_forward.fastq` e `reads_reverse.fastq`) e um arquivo com o genoma de referência (`genoma.fasta`). Esse sequenciamento foi do tipo “*paired end*” (dois lados de um fragmento).
6. Primeiro vamos olhar a qualidade dos reads com o programa **fastQC**, ele vai gerar várias saídas. Para ver as saídas temos uma novidade. Na biodados (<http://biodados.icb.ufmg.br> [you@pinguim](mailto:you@pinguim)) há um link para `public_html`, que mostra na web o conteúdo de todas as pastas em bioufmg. Assim, toda figura gerada lá pode ser vista com o firefox!
7. Para observar a qualidade das bases nos arquivos `reads_forward.fastq` e `reads_reverse.fastq`, crie o diretório `sem_trim` e execute o script `fastqc` (com `-t` especifique rodar com um único core) `mkdir sem_trim` (o programa exige que o diretório de output seja criado antes...) e depois:  
`fastqc -o sem_trim -t 1 reads_forward.fastq reads_reverse.fastq`
8. Veja a saída abrindo a `public_html`, abrindo sua pasta e seguindo o caminho:  
`aula_montagem/sem_trim/reads_forward_fastqc/fastqc_report.html` para informações do reads forward e  
`aula_montagem/sem_trim/reads_reverse_fastqc/fastqc_report.html` para informações do reads reverse
9. Vamos filtrar esses reads com Trimmomatic assim:  
`/usr/local/bin/trimmomatic PE -phred33 reads_forward.fastq reads_reverse.fastq  
trimmed_forward_paired.fastq trimmed_forward_unpaired.fastq trimmed_reverse_paired.fastq  
trimmed_reverse_unpaired.fastq LEADING:3 TRAILING:3 SLIDINGWINDOW:4:15 MINLEN:36`  
Os parâmetros para trimming são:  
PE: indica *paired end*  
LEADING: Remove bases com baixa qualidade no início da sequencia (qualidade abaixo de 3)  
TRAILING: Remove bases com baixa qualidade no final da sequencia (qualidade abaixo de 3)  
SLIDINGWINDOW: Utiliza uma janela deslizando com 4 bases e corta quando a qualidade média é menor que 15  
MINLEN: Remove sequencias menores que 36 bases
10. Agora refaça o processo do fastQC com os reads filtrados  
`mkdir com_trim`  
`fastqc -o com_trim -t 1 trimmed_forward_paired.fastq trimmed_reverse_paired.fastq`  
Veja o report do programa no firefox, em `public_html` abra sua pasta e siga o caminho:  
`aula_montagem/sem_trim/trimmed_forward_paired_fastqc/fastqc_report.html`  
`aula_montagem/sem_trim/trimmed_reverse_paired_fastqc/fastqc_report.html`  
Melhorou?
11. Com os reads já trimados, fazer a montagem sem referencia (do zero) com o programa **Velvet**



12. Rode o velvet assim:

Crie os índices (o parâmetro numérico refere-se ao tamanho do *k-mer* utilizado, sempre números ímpares)

```
velveth montagem 31 -fastq -shortPaired -separate trimmed_forward_paired.fastq
trimmed_reverse_paired.fastq
```

Execute a montagem

```
velvetg montagem/ -exp_cov auto -scaffolding yes
```

Após a execução, o Velvet apresenta algumas informações da montagem. Os nodes são o número de contigs gerados. O n50 diz que metade do genoma está representada em contigs maiores que esse valor.

```
[0.213473] Estimated Coverage = 25.228233
[0.213481] Estimated Coverage cutoff = 12.614117
Final graph has 1 nodes and n50 of 14900, max 14900, total 14900, using 2739/2748 reads
```

13. Verifique o arquivo de montagem

```
cd montagem
more contigs.fa
```

14. Agora vamos fazer o outro tipo de montagem que é "com genoma de referência" usando o programa Bowtie para ver os reads alinhando. Primeiro volte ao diretório aula\_montagem `cd ..`

Rode o bowtie assim:

Crie um bowtie index usando o genoma de ancoragem (cts.fasta) fornecido:

```
bowtie2-build genoma.fasta genoma.build
```

Alinhe os reads no index do genoma de referência (genoma.build), criando um arquivo de alinhamentos reads\_mapeados.sam no formato chamado SAM (-S manda criar o SAM)

```
bowtie2 -x genoma.build -1 trimmed_forward_paired.fastq -2 trimmed_reverse_paired.fastq -S
reads_mapeados.sam
```

15. Para ver o resultado teremos que abrir um programa Java na sua máquina Linux (ou na windows) chamado Tablet. Você pode rodar ele da web usando este [link](#). Ele vai abrir um ambiente gráfico. Se não funcionar na sua máquina pessoal, você pode fazer o download do programa [aqui](#).

16. Temos que pegar o arquivo de saída do Bowtie (*reads\_mapeados.sam*) e o genoma de referência (*genoma.fasta*) e trazer para **a sua máquina**. No Linux da aula, o melhor a fazer é achar o resultado

usando o [you@pinguim](mailto:you@pinguim) (link na biodados) e "copiar link", e depois, no terminal da sua máquina, dar um wget, assim:

```
wget http://143.107.223.182/public_html/eusoujacu/aula_montagem/genoma.fasta
```

```
wget http://143.107.223.182/public_html/eusoujacu/aula_montagem/reads_mapeados.sam
```

17. Dá um ls pra ver o arquivo. E quem está no Windows? Nesse caso você já sabe, é só baixar tudo como de costume e abrir pelo modo gráfico no Tablet.

18. Aberto o genoma de referencia e o arquivo de saída do Bowtie, você vai ver um monte de reads ancorados na referência. Explore ao longo do genoma a cobertura que vc tem dessa forma:

Clique em: "Open Assembly"

Na primeira janela selecione o arquivo: "reads\_mapeados.sam"

Na segunda janela selecione o genoma de referência: "genoma.fasta"

Clique em open.

19. Não é aula de transcriptômica... então vamos aprender a exportar os resultados do Bowtie usando o SAMTools. De volta à pinguim:

Converta o arquivo SAM para a versão binária BAM

```
samtools view -S reads_mapeados.sam -b -o reads_mapeados.bam
```

Ordene os reads

```
samtools sort reads_mapeados.bam reads_mapeados_ordenados
```

Crie um índice para o BAM

```
samtools index reads_mapeados_ordenados.bam
```

Crie os *contigs* que terão o consenso do mapeamento que vc viu com Bowtie

```
samtools mpileup -uf genoma.fasta reads_mapeados_ordenados.bam | bcftools view -cg - | vcfutils.pl vcf2fq > montagem_por_referencia.fastq
```

Visualize a montagem

```
more montagem_por_referencia.fastq
```

A aula de montagem traz muitas sintaxes típicas dos programas, todavia permanece a mesma rotina de trabalho de controle de programas em servidores. Vc executou dois protocolos de montagem com reads de sequenciamento Illumina *paired-end*. E pode agora anotar os contigs com Artemis.