

Metódy v bioinformatike, 1-BIN-301/2-AIN-501

Vyučujú:

Broňa Brejová, M-163, brejova@fmph.uniba.sk

Askar Gafurov, M-25, gafurov@dcs.fmph.uniba.sk

Tomáš Vinař, M-163, vinar@fmph.uniba.sk

Web: <http://compbio.fmph.uniba.sk/vyuka/mbi/>

Diskusné fórum a oznamy: MS Teams

Literatúra:

I-INF-D-23: Durbin, Eddy, Krogh, Mitchison: Biological sequence analysis.
Cambridge University Press 1998.

I-INF-Z-2: Zvelebil, Baum: Understanding Bioinformatics. Taylor&Francis 2008.

Skriptá k predmetu, poznámky a videá na webstránke.

Časy a miestnosti

- Prednáška štvrtok 15:40-17:10 F1-108
- Cvičenia informatici štvrtok 14:00-15:30 F1-108
- Cvičenia biológovia štvrtok 17:20-18:50 M-217
(ak prednáška skončí skôr, cvičenia začnú po krátkej prestávke)

“Informatici”: študenti informatiky, bioinformatiky, aplikovanej informatiky, dátovej vedy; zapíšte si 1-BIN-301

“Biológovia”: študenti z PriFUK, študenti biomedicínskej fyziky; zapíšte si 2-AIN-501

Ostatní: poraďte sa, do ktorej skupiny sa zaradiť

Ciele predmetu

- **Všetci:** Prehľad základných metód na výpočtovú analýzu biologických sekvencií a ďalších dát v molekulárnej biológii.
- **Informatici:** Algoritmy a dátové štruktúry, strojové učenie, pravdepodobnosť. Ako prejsť od problému v reálnom svete k matematickej abstrakcii.
- **Biológovia:** Matematické modely tvoriace základ populárnych bioinformatických nástrojov, používanie nástrojov, interpretácia výsledkov.
- **Všetci:** Skúsenosť s interdisciplinárnou spoluprácou.

Známkovanie

3 domáce úlohy 30% (10% každá)

Journal club 10%

Kvízy 10% (každý týždeň 1 bod)

INF: Skúška 50%

BIO: Projekt 50%

Hodnotenie: A: 90+, B: 80+, C: 70+, D: 60+, E: 50+

INF: Zo skúšky treba aspoň polovicu bodov

BIO: Aktívna účasť na cvičeniach

- Dve verzie DÚ: biologická a informatická
- Journal club: čítanie 1 článku v skupine a správa (prípadne nepovinná prezentácia)
- Na skúške povolený ťahák 2 listy A4
- Neodpisovať!

Čo nás v tomto predmete čaká

Typická prednáška

- Biologické pozadie problému
- Formulácia ako informatický problém
- Idea algoritmu (riešenia problému)

Typické cvičenia

- Informatici: ďalšie detaily algoritmov, potrebné poznatky z biológie
- Biológovia: aplikácia na konkrétne dáta, význam rôznych parametrov, potrebné poznatky z informatiky

Týždenné kvízy

- Cca 5 krátkych otázok týkajúcich sa prednášky aj cvičení
- Vypĺňajte od štvrtka 19:00 do ďalšej stredy 22:00
- Linku na Moodle s kvízmi nájdete na stránke predmetu
- Cieľ: pripomenúť si aspoň základné pojmy z prednášky a cvičení
- **Prvý kvíz už tento týždeň**

Príklad z nášho výskumu

Kosmáč bielofúzy

(common marmoset, *Callithrix jacchus*, štvrt' kila, 18cm)



Genóm osekvenovaný 2007

(Washington University St. Louis a Baylor College of Medicine, USA)

Analýza publikovaná v roku 2014

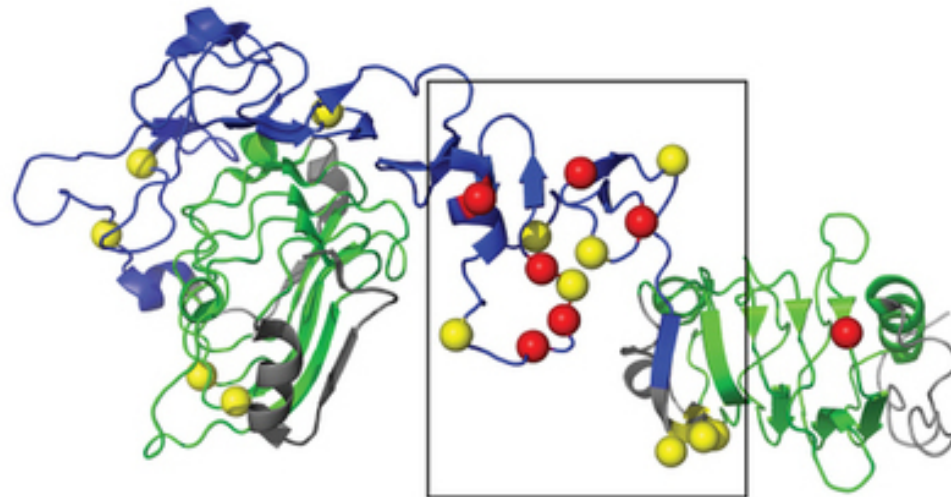
IGF1R: Insulin-like growth factor 1 receptor

Proteín prechádza cez cytoplazmatickú membránu na povrchu bunky

Po naviazaní hormónov IGF1, IGF2 signalizuje dovnútra bunky

Súvisí s rastom a delením bunky, rastom organizmu, rakovinou

human	RDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQSMYCIPCEGPCPKVC-EEEKKTK
chimp	RDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQSMYCIPCEGPCPKVC-EEEKKTK
orang	RDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQSMYCIPCEGPCPKVC-EEEKKTK
macaque	RDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQSMYCIPCEGPCPKVC-EEEKKTK
marmoset	RQFCASIVSSSENENKGFVIHDGECMQDCPSGFIRDTHSMQCIPCKGPCPKVC-D-EQMAK
mouse	RDFCANIPNAESSDSDGFVIHDDECMQECPSGFIRNSTQSMYCIPCEGPCPKVCGDEEKKTK
rat	RDFCANIPNAESSDSDGFVIHDGECMQECPSGFIRNSTQSMYCIPCEGPCPKVCGDEEKKTK
dog	RDFCANIPSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQSMYCIPCEGPCPKVC-EEEKKTK



Aké bioinformatické nástroje boli potrebné k tomuto výsledku?

1. Zostavenie genómu
2. Nájdenie zarovnaní s inými genómami
3. Hľadanie génov kódujúcich proteíny
4. Hľadanie génov s pozitívnym výberom
5. Určovanie štruktúry a funkcie proteínov

1. Zostavenie genómu

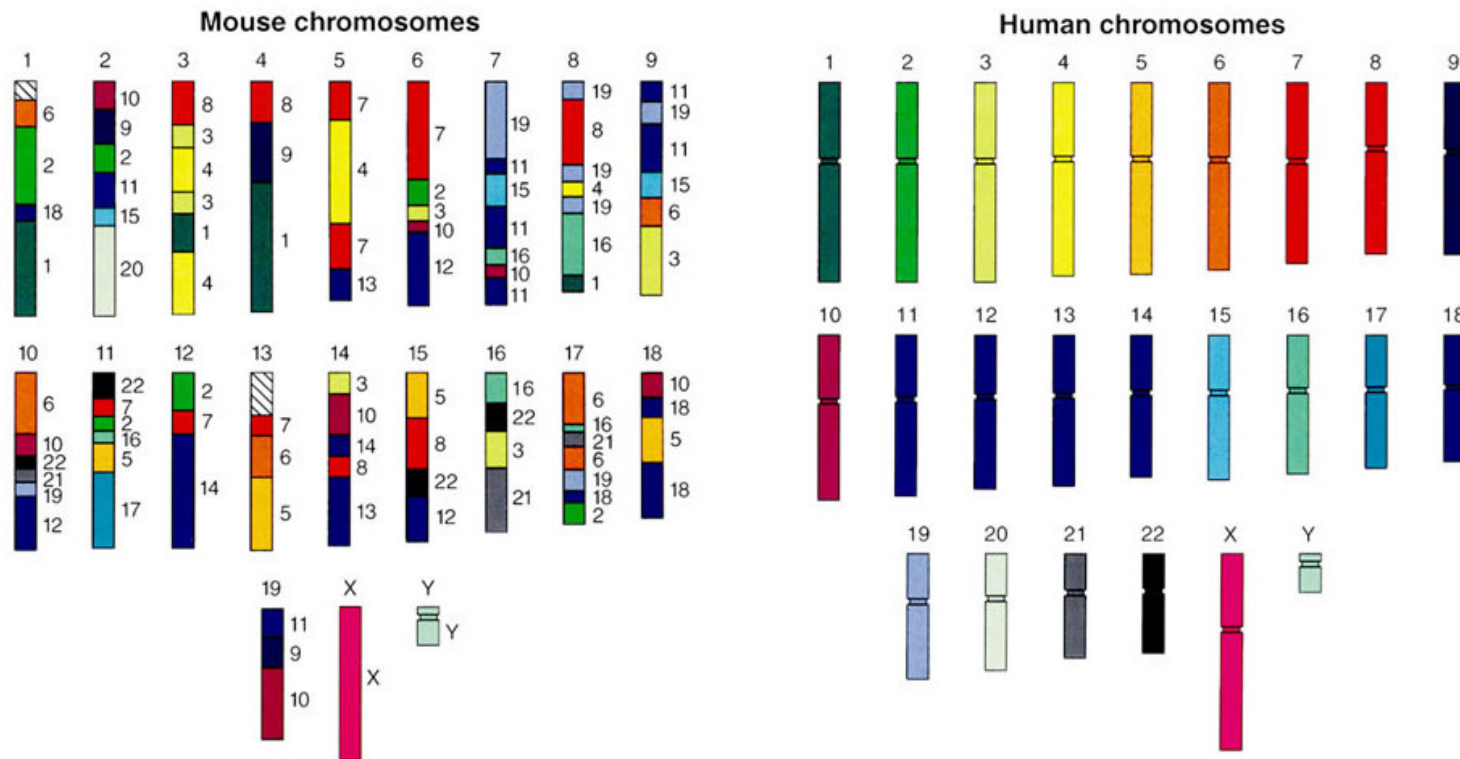
- Pri sekvenovaní DNA vieme čítať len krátke kúsky (napr. dĺžky 1000)
- Každé miesto v genóme prečítame viackrát (u kosmáča priemer $6\times$)



- Čítania “zliepame” na základe prekryvov
- Veľmi veľa dát $\Rightarrow$ potreba veľmi efektívnych programov

2. Nájdenie zarovnaní s inými genómami

Ku každému miestu v genóme kosmáča chceme nájsť zodpovedajúce časti iných genómov (napr. človek, šimpanz, myš, ...)

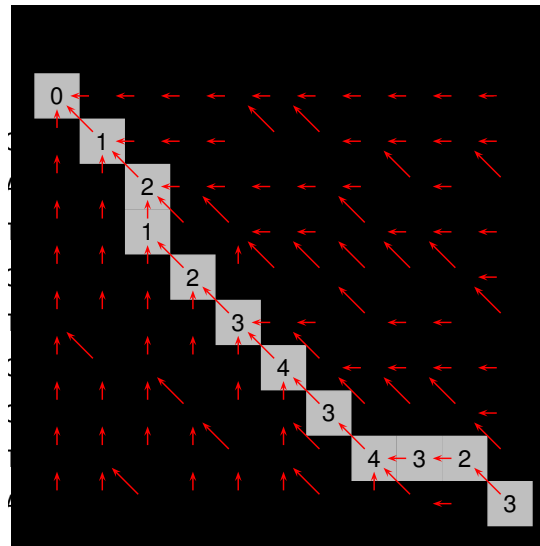


2. Nájdenie zarovnaní s inými genómami

- Hľadáme podobnosti medzi DNA sekvenciami

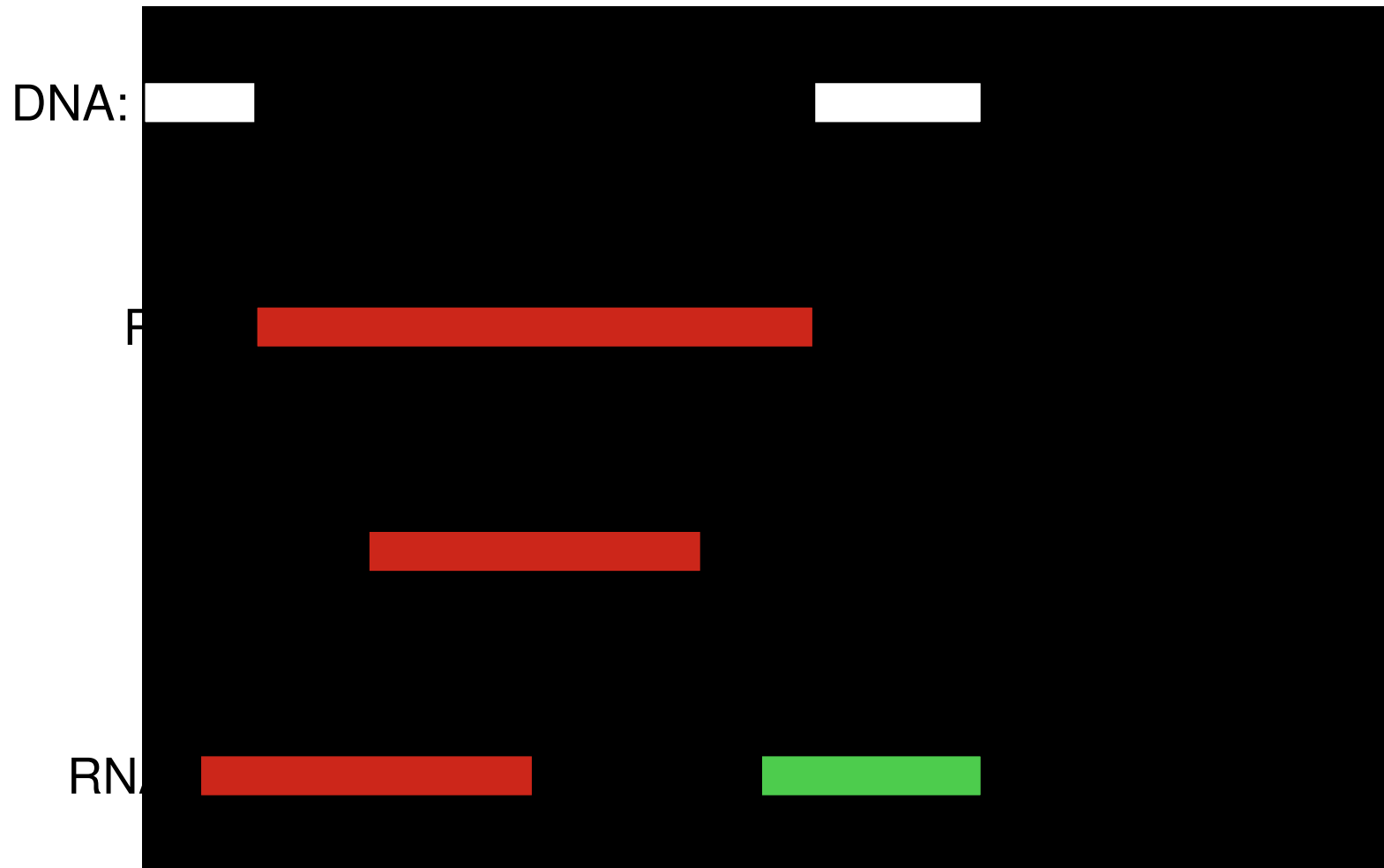
```
Human  AGTGGCTGCCAGGCTG---GGATGCTGAGGCCTTGTTTGCAGGGA
Rhesus  AGTGGCTGCCAGGCTG---GGTTGCTGAGGCCTTGTTTGCCGGGA
Mouse   GGTGGCTGCCGGGCTG---GGTGGCTGAGGCCTTGTTGGTGGGGT
Dog      AGTGGCTGCCCGGCTG---GGTGGCTGAGGCCTTATTTGCAGGGA
Chicken AGTGGCTGCCAGTCTGCGCCGTGGCCGACGTCTTGCTCGGGGGAA
```

- Základ je technika **dynamického programovania**, ktorá veľký problém rozkladá na veľa malých podproblémov



- Tabuľka je veľmi veľká, v praxi treba pridať veľa vylepšení

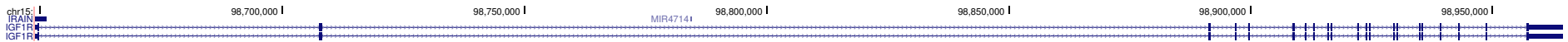
3. Hľadanie génov kódujúcich proteíny



Ktoré časti osekvenovaného genómu kódujú proteíny?

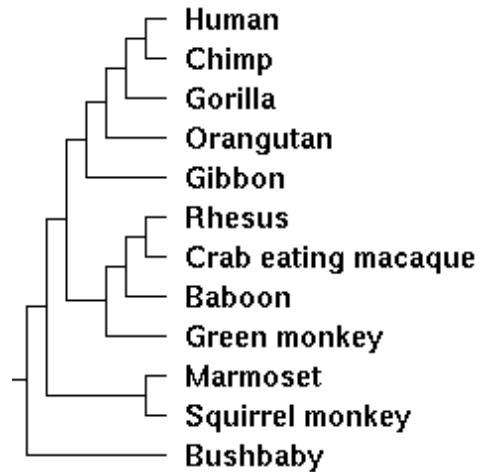
3. Hľadanie génov kódujúcich proteíny

- Hľadanie ihly v kope sena: iba cca 1% ľudského genómu kóduje proteíny
- Kód pre jeden proteín rozbitý do veľa krátkych exónov
- Napr. IGF1R zaberá 315 569nt, z toho kóduje 4101nt v 21 exónoch



- Zoberieme známe gény, spravíme rôzne štatistiky
potom hľadáme iné oblasti s podobným štatistickým profilom

4. Hľadanie génov s pozitívnym výberom



- Štúdium evolučných procesov
- V DNA vznikajú mutácie, tie však podliehajú prirodzenému výberu
- Väčšina náhodných zmien v proteíne je škodlivých, preto sa proteíny menia pomerne pomaly

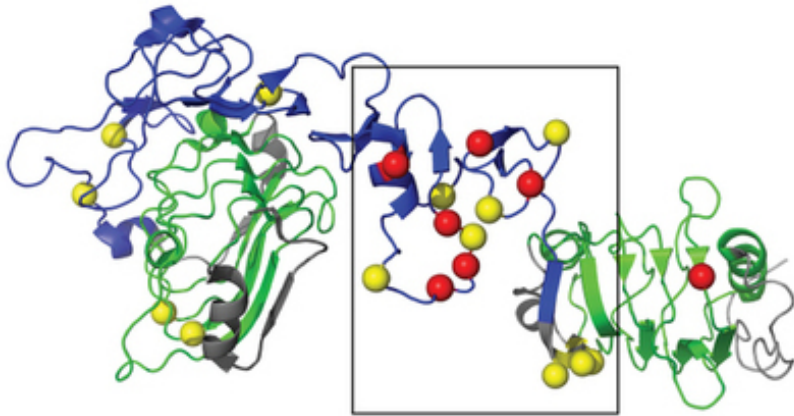
4. Hľadanie génov s pozitívnym výberom

- Niekedy sa však proteín mení rýchlejšie, nakoľko náhodné zmeny sú užitočné (pozitívny výber)
- Veľké množstvo zmien v proteíne môže znamenať zmeny vo funkcii

human	R	D	F	C	A	N	I	L	S	A	E	S	S	D	S	E	G	F	V	I	H	D	G	E	C	M	Q	E	C	P	S	G	F	I	R	N	G	S	Q	S	M	Y	C	I	P	C	E	G	P	C	P	K	V	C	-	E	E	E	K	K	T	K
chimp	R	D	F	C	A	N	I	L	S	A	E	S	S	D	S	E	G	F	V	I	H	D	G	E	C	M	Q	E	C	P	S	G	F	I	R	N	G	S	Q	S	M	Y	C	I	P	C	E	G	P	C	P	K	V	C	-	E	E	E	K	K	T	K
orang	R	D	F	C	A	N	I	L	S	A	E	S	S	D	S	E	G	F	V	I	H	D	G	E	C	M	Q	E	C	P	S	G	F	I	R	N	G	S	Q	S	M	Y	C	I	P	C	E	G	P	C	P	K	V	C	-	E	E	E	K	K	T	K
macaque	R	D	F	C	A	N	I	L	S	A	E	S	S	D	S	E	G	F	V	I	H	D	G	E	C	M	Q	E	C	P	S	G	F	I	R	N	G	S	Q	S	M	Y	C	I	P	C	E	G	P	C	P	K	V	C	-	E	E	E	K	K	T	K
marmoset	R	Q	F	C	A	S	I	V	S	S	E	N	S	E	N	N	K	F	V	I	H	D	G	E	C	M	Q	D	C	P	S	G	F	I	R	D	T	T	H	S	M	Q	C	I	P	C	K	G	P	C	P	K	V	C	-	D	-	E	Q	M	A	K
mouse	R	D	F	C	A	N	I	P	N	A	E	S	S	D	S	D	G	F	V	I	H	D	D	E	C	M	Q	E	C	P	S	G	F	I	R	N	S	T	Q	S	M	Y	C	I	P	C	E	G	P	C	P	K	V	C	G	D	E	E	K	K	T	K
rat	R	D	F	C	A	N	I	P	N	A	E	S	S	D	S	D	G	F	V	I	H	D	G	E	C	M	Q	E	C	P	S	G	F	I	R	N	S	T	Q	S	M	Y	C	I	P	C	E	G	P	C	P	K	V	C	G	D	E	E	K	K	T	K
dog	R	D	F	C	A	N	I	P	S	A	E	S	S	D	S	E	G	F	V	I	H	D	G	E	C	M	Q	E	C	P	S	G	F	I	R	N	G	S	Q	S	M	Y	C	I	P	C	E	G	P	C	P	K	V	C	-	E	E	E	K	K	T	K

5. Určovanie štruktúry a funkcie proteínov

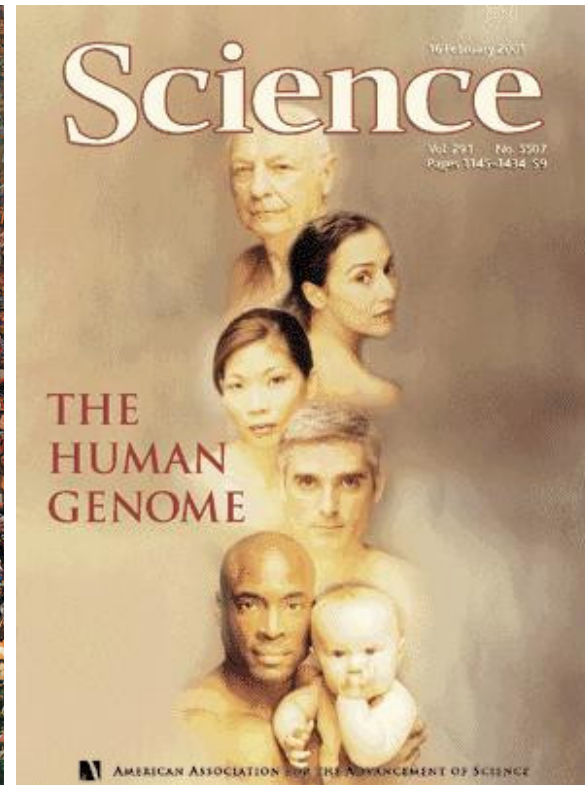
- Spravili sme kroky 1-4 a dostali sme zoznam 37 génov pod vplyvom pozitívneho výberu v kosmáči
- Čo tie gény robia, ktoré by mohli súvisieť s veľkosťou?
- Aký má daný proteín tvar, kde sú pozície, ktoré sa v evolúcii zmenili?
- Štruktúra (tvar) proteínov sa dá určovať experimentálne je to drahé, namiesto toho predikcia 3D štruktúry



Sekvenovanie a zostavovanie genómov (genome sequencing and assembly)

Broňa Brejová

22.9.2022



Typický priebeh sekvenovania

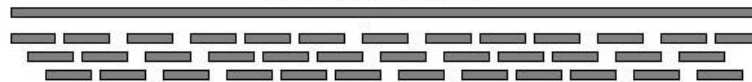
1. Chromozómy náhodne rozsekáme na menšie kúsky
(napr. pomocou sonikácie)
2. Menšie kúsky namnožíme
(napr. pomocou PCR, bakteriálneho klonovania a pod.)
3. Konce týchto kúskov osekvenujeme niektorou zo sekvenovacích technológií
⇒ mnoho krátkych reťazcov, ktoré nazývame **čítania**
4. Čítania **výpočtovo zostavíme** späť do chromozómov

Prehľad sekvenovacích technológií

Technológia	Dĺžka čítania	Chybovosť	Za deň	Cena za MB
1. generácia				
Sanger	do 1000 bp	$< 1\%$	3 MB	\$4000
2. (next) generácia (cca od 2004)				
Illumina	250bp	$< 0.1\%$	150 GB	\$0.03
3. generácia (cca od 2018)				
PacBio	cca 15 Kbp	$\approx 10\%$	700 GB	\$0.02
PacBio HiFi	cca 15 Kbp	$< 1\%$	70 GB	\$0.20
Oxford Nanopore	5-100+kbp	do 10%	50 GB	\$0.02

Bioinformatický problém: Zostavenie genómu (sequence assembly)

- **Vstup:** krátke čítania sekvenovanej DNA
- **Cieľ:** zostaviť pôvodnú DNA
 - riadime sa zhodou v prekrývajúcich častiach čítaní
- Dôležité faktory:
 - **dĺžka genómu**
 - **dĺžka jednotlivých čítaní**
 - **pokrytie** (coverage) – koľko krát čítania pokrývajú genóm?



Formulácia problému (jednoduchá, ale nerealistická)

Najkratšie spoločné nadslovo (shortest common superstring)

Úloha: Daných je niekoľko reťazcov $S_1, S_2, \dots, S_n$ (čítania), nájdite **najkratší** reťazec S , ktorý obsahuje **každý** vstupný reťazec S_i ako (súvislý) **podreťazec**.

Motivácia: čo najviac využiť prekryvy medzi čítaniami

Príklad:

Vstup: $S_1 = \text{GCCAAC}$, $S_2 = \text{CCTGCC}$, $S_3 = \text{ACCTTC}$

Výstup: $S = \text{CCTGCCAACCTTC}$

(čítania spojené v poradí S_2, S_1, S_3)

Najkratšie spoločné nadslovo

- **Problém je NP ťažký**

takže nepoznáme rýchly algoritmus, ktorý vždy nájde najlepšie riešenie

- **Jednoduchá heuristika:** opakovane nájdí dva reťazce, ktoré sa prekrývajú najviac a zlúč ich do jedného reťazca

- Príklad: CATATAT, TATATA, ATATATC

Optimum: CATATATATC, dĺžka 10

Heuristika: CATATATCTATATA, dĺžka 14

- V skutočnosti táto heuristika **aproximačný algoritmus:**

Nájdene riešenie je najviac $3,5 \times$ horšie ako optimálne

T.j. je to 3,5-aproximačný algoritmus

(možno aj 2-aproximačný, otvorený problém)

- Existuje aj 2,5-aproximačný algoritmus

Najkratšie spoločné nadslovo: Čo sme nezahrnuli do formulácie

- V sekvenovaní sa vyskytujú chyby
- Polymorfizmus
- Orientácia čítaní (vlákno, strand)
- Kontaminácia cudzou sekvenciou (napr. baktérie, v ktorých sa segmenty DNA klonovali), chiméry
- Viac chromozómov, neúplné pokrytie čítaniami
- Repetitívna sekvencia (sequence repeats, opakovania)
cca 50% ľudského genómu

Príklad: 10xTTAATA, 10xATATTA, 3xTTAGCT

TTAATATTAGCT?

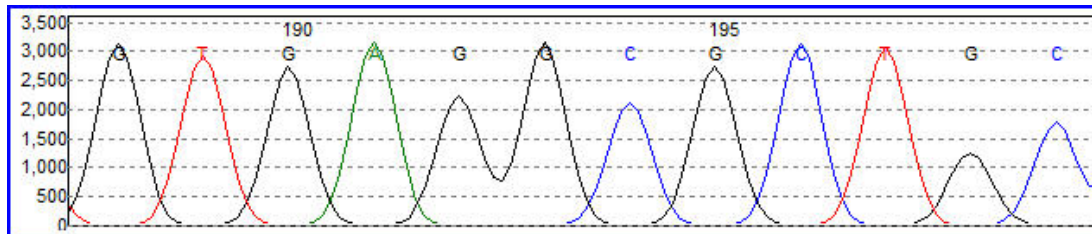
TTAATATTAATATTAATATTAATATTAGCT?

TTAATATTA + ATATTAGCT?

Čo sme nezahrnuli do formulácie: kvalita báz

- K čítaniam máme väčšinou informáciu o **kvalite báz**
Aká je pravdepodobnosť, že daná báza je správna?
- Báza s kvalitou $q \Rightarrow$ pravdepodobnosť chyby $10^{-q/10}$
napr. báza s $q = 40$ je správna s pr. 99.99%

Príklad výsledku Sangervho sekvenovania (trace):



Najkratšie spoločné nadslovo: Zľahčujúce faktory

Prídavná informácia: spárované čítania (pair-end reads)



Zjednodušenie: nemusíme spojiť všetko do jedného reťazca,
spájame len časti spojené viacerými čítaniami

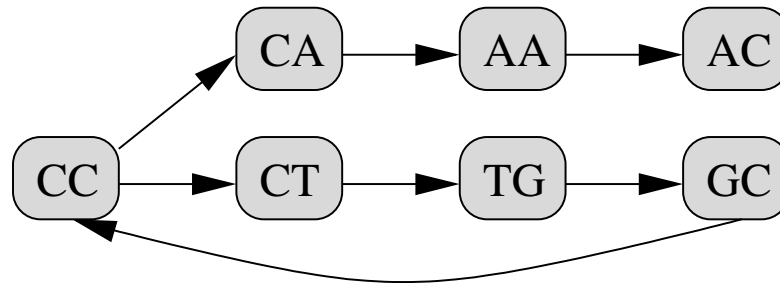
Konzervatívny prístup (radšej menej pospájať, ale nerobiť chyby)

Najkratšie spoločné nadslovo: Zhrnutie

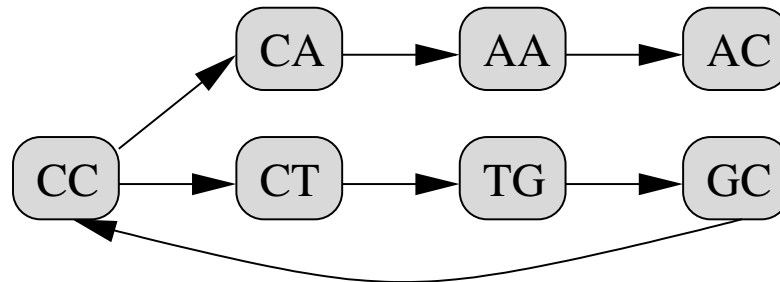
- Nerealistická formulácia, ťažký výpočtový problém
- Ale teoretický problém môže poskytnúť nejaký posun k pochopeniu skutočného problému
- Overlap-Layout-Consensus prístup
motivovaný greedy algoritmami pre najkratšie spoločné nadslovo
(budúci týždeň)

Skladanie krátkych čítaní: de Bruijnov grafy

- Nasekajme čítania na (prekrývajúce sa) kúsky dĺžky k
- Zostavme z nich **de Bruijnov graf**
 - **vrcholy**: podreťazce dĺžky k všetkých čítaní
 - **hrany**: nadväzujúce k -tice v rámci každého čítania (s prekryvom $k - 1$)
 - Graf je orientovaný (hrany majú smer)
- **Príklad**: $k = 2$, čítania: CCTGCC, GCCAAC

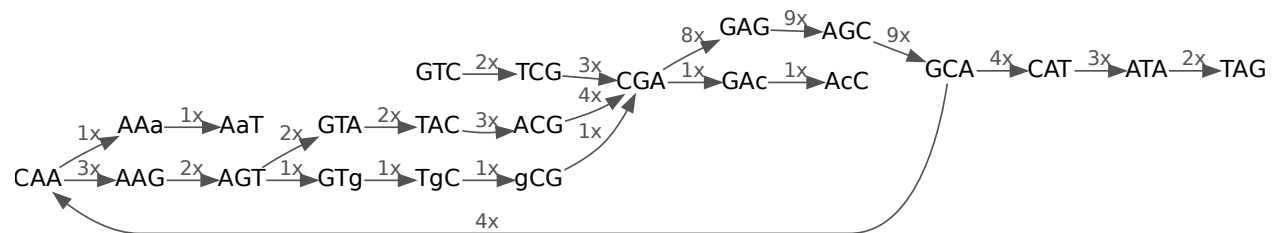


Ako použiť de Bruijnovu grafy?

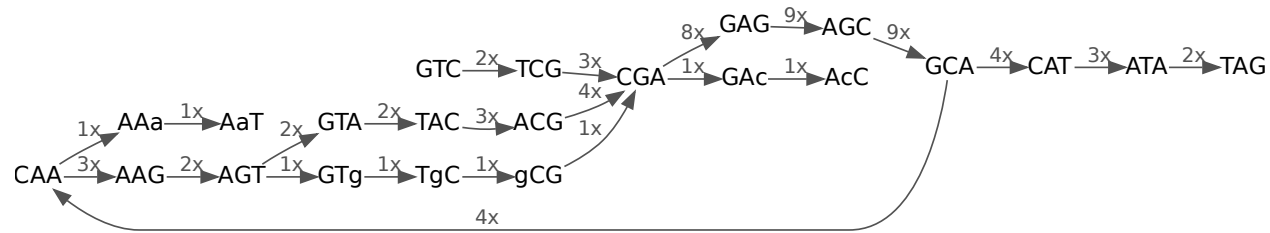


- jediný chromozóm a žiadne “nejednoznačné” k -tice
⇒ zostavenie = **Eulerovská cesta**
(cesta v grafe, ktorá použije každú hranu práve raz)
- Eulerovskú cestu možno nájsť v čase $O(m + n)$
- v realistickom prípade:
zostavenie genómu zodpovedá niekoľkým
pochôdzkam v de Bruijnovom grafe (nazývame **kontigy**),
ktoré dohromady pokrývajú veľkú časť hrán

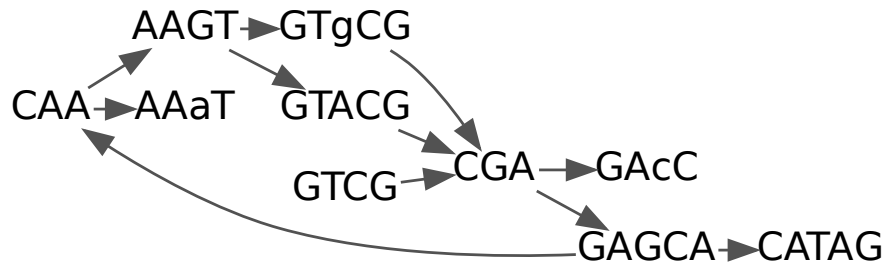
Príklad: sada čítaní a zodpovedajúci deBruijnov graf



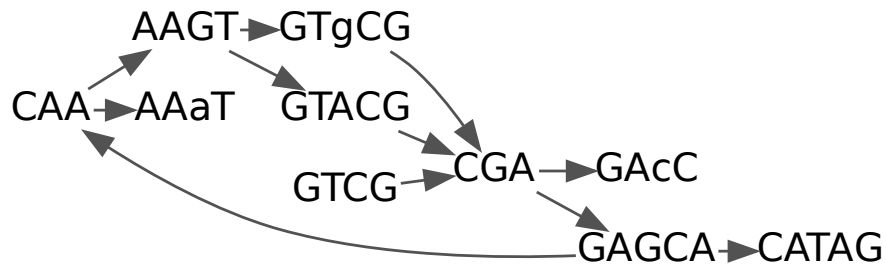
Príklad: zjednodušovanie de Bruijnovho grafu



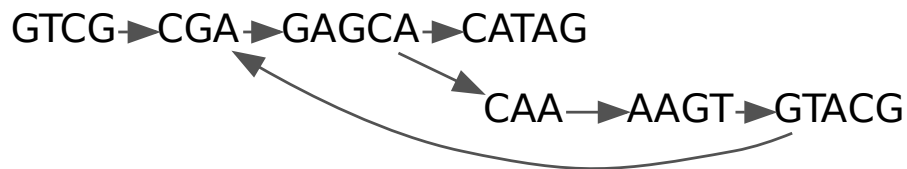
Spojíme jednoznačné cesty do vrcholov



Príklad: odstraňovanie chýb z de Bruijnovho grafu



Odstránenie chýb (výbežkov a bublín s nízkym pokrytím)



Spájaním dostaneme 4 kontigy (pôv. GTCGAGCAAAGTACCGAGCATAG)



Typické výsledky zostavovania genómov

- Veľa **kratších kontigov**,
niekedy spájané do väčších celkov (**scaffolds**) pomocou ďalšej informácie (napr. spárované čítania, čítania 3. generácie)
- Niektoré časti nemožno jednoznačne zostaviť z dôvodu **dlhých opakujúcich sa sekvencií**

Príklad: človek chr14, 88 Mbp, 70× pokrytie

Metóda	Počet kontigov	Chýb	N50 po korekcii
Velvet (základný de Bruijn)	>45000	4910	2.1 kbp
Velvet (scaffolding)	3565	9156	27 kbp
AllPaths-LG	225	45	4.7 Mbp

N50: kontigy s touto alebo dlhšou dĺžkou pokrývajú 50% genómu

korekcia: rozsekneme všetky zle spojené kontigy

Zhrnutie

- Sekvenovanie genómu je zložitý proces, v ktorom hrá bioinformatika dôležitú úlohu
- Illumina nízka cena, krátke čítania
- Problém zostavovania genómu, najkratšie spoločné nadslovo
- Praktické riešenie pre krátke čítania: de Bruijnove grafy
- V zostavenej sekvencii môžu byť chyby, medzery, viaceré kontigy
- Na budúce: ako sa vysporiadať s dlhými čítaniami 3. generácie?
- Pokrytie genómu a veľkosť čítania hrajú najdôležitejšiu úlohu pri tom, ako fragmentovaný bude výsledok:
 - pre Sanger: 7-10× pokrytie
 - pre NGS: 40-70× pokrytie
 - pre 3. generáciu: 30× pokrytie

História sekvenovania genómov

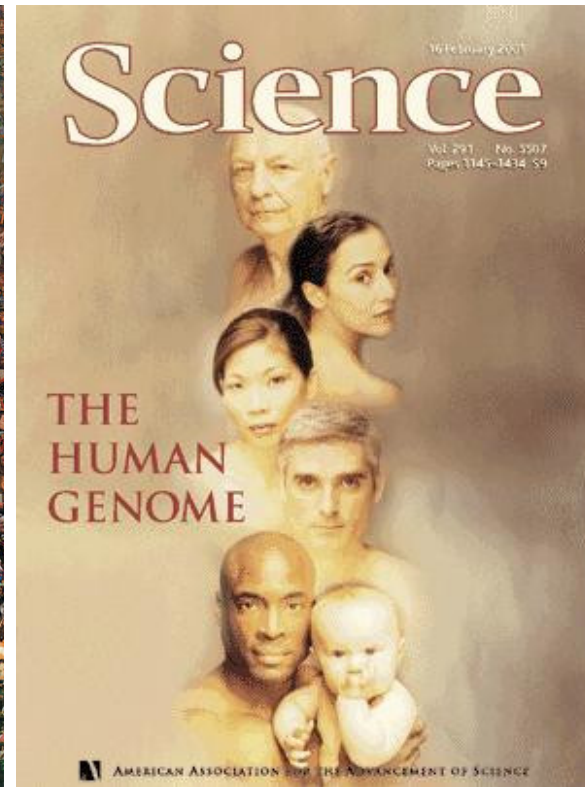
1976	MS2 (RNA vírus) 40 kB
1988	projekt sekvenovania ľudského genómu (15 rokov)
1995	baktéria <i>H. influenzae</i> 2 MB, shotgun (TIGR)
1996	<i>S. cerevisiae</i> 10 MB, BAC-by-BAC (Belgicko, Británia)
1998	<i>C. elegans</i> 100 MB, BAC-by-BAC (Wellcome Trust)
1998	Celera: ľudský genóm do troch rokov!
2000	<i>D. melanogaster</i> 180 MB, shotgun (Celera, Berkeley)
2001	2x ľudský genóm 3 GB (NIH, Celera)
po 2001	Myš, potkan, kura, šimpanz, pes, . . .
2007	Watsonov a Venterov genóm (454)
2012	1000 ľudských genómov
čoskoro	10k genómov stavovcov, sekvenovanie ako diagnostický nástroj
2021	3,5 milióna genómov SARS-CoV-2
2022	Naozaj dokončený ľudský genóm (telomere to telomere)

Sekvenovanie a zostavovanie genómov

(časť 2 - dlhé čítania)

Broňa Brejová

29.9.2022



Prehľad sekvenovacích technológií

Technológia	Dĺžka čítania	Chybovosť	Za deň	Cena za MB
1. generácia				
Sanger	do 1000 bp	$< 1\%$	3 MB	\$4000
2. (next) generácia (cca od 2004)				
Illumina	$2 \times 150\text{bp}$ (250bp)	$< 0.1\%$	150 GB	\$0.03
3. generácia (cca od 2018)				
PacBio	cca 15 Kbp	$\approx 10\%$	700 GB	\$0.02
PacBio HiFi	cca 15 Kbp	$< 1\%$	70 GB	\$0.20
Oxford Nanopore	5-100+ kbp	do 10%	50 GB	\$0.02

Na minulej prednáške

- Genóm je potrebné zostaviť zo sekvenačných čítaní
- Zostavovanie genómov pomocou de Bruijnových grafov
- Nie je vhodné pre najnovšie technológie s dlhými a chybovými čítaniami
 - Rozklad na k -mery zahadzuje príliš veľa informácie
(dĺžka čítania 10000+, k obvykle medzi 30 a 70)
 - Chybovosť okolo 10% robí de Bruijnov graf neprehľadným
(pre $k = 31$, **každý** k -mer v priemere 3 chyby)

Prístup Overlap–Layout–Consensus

- **Overlap:** Nájdí prekryvy medzi čítaniami a zostav tzv. **graf prekryvov**
- **Layout:** Zjednoduš graf prekryvov a nájdí v ňom cesty, ktoré budú zodpovedať **kontigom**
- **Consensus:** Ku každému kontigu zostav sekvenciu, ktorá je konsenzom sekvencií čítaní, ktoré kontig tvoria (opravovanie lokálnych chýb)

Overlap: hľadanie prekryvov

CATCTCTAGGCCAGC

| | | | | | |

TAGGCCTGCTTCTTG

- špeciálny prípad zarovnávanie sekvencií (nasledujúca prednáška)
- prekryvy **budú obsahovať chyby**
(v našom prípade cca 1 chyba na 10 báz prekryvu)
- **čítaní je veľa:** $30\times$ pokrytie ľudského genómu
 $\Rightarrow$ cca 9 mil. čítaní dĺžky 10000
nemôžeme porovnávať každé čítanie s každým
- praktický prístup:
 - rýchle predfiltrovanie **vhodných kandidátskych párov čítaní**
(napríklad musia obsahovať dosť dlhý spoločný k -mer)
 - pomalšie zarovnávanie len pre kandidátske páry

Zostavenie grafu prekryvov

- Výsledok predchádzajúcej fázy:
CATCTCTAGGCCAGC / TAGGCCTGCTTCTTG, prekryv 9 báz
...
- Zostavíme **graf prekryvov**:
vrcholy: čítania ohodnotené hrany: prekryvy s dĺžkami

Príklad:

`to_every_thing_turn_turn_turn_there_is_a_season`

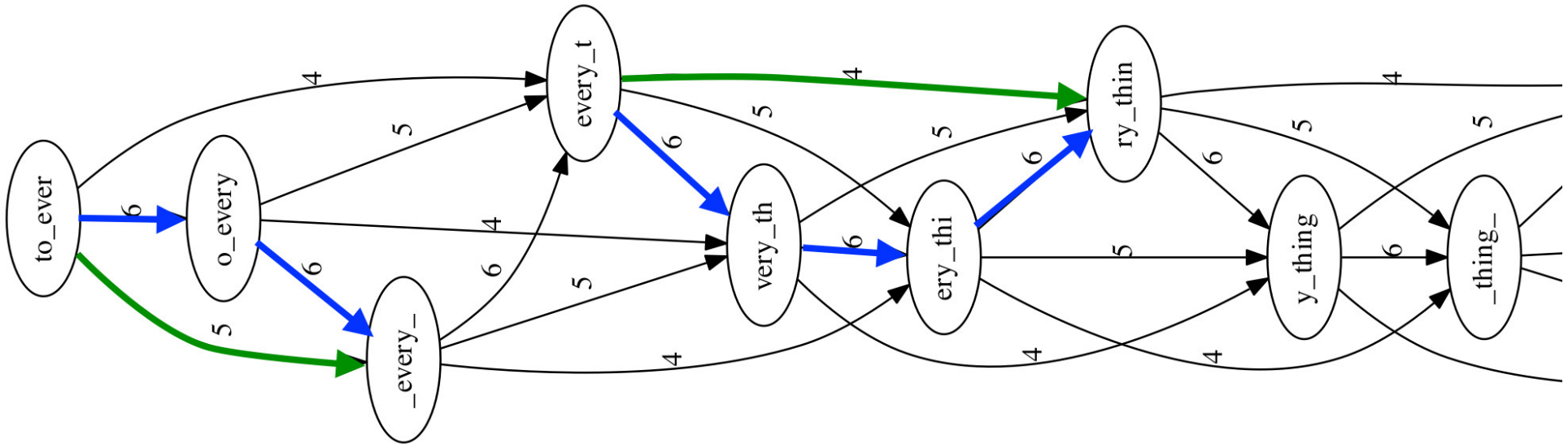
čítania dĺžky 7, minimálny prekryv 4

to_every_turn_turn_turn_there_is_a_season
čítania dĺžky 7, minimálny prekryv 4

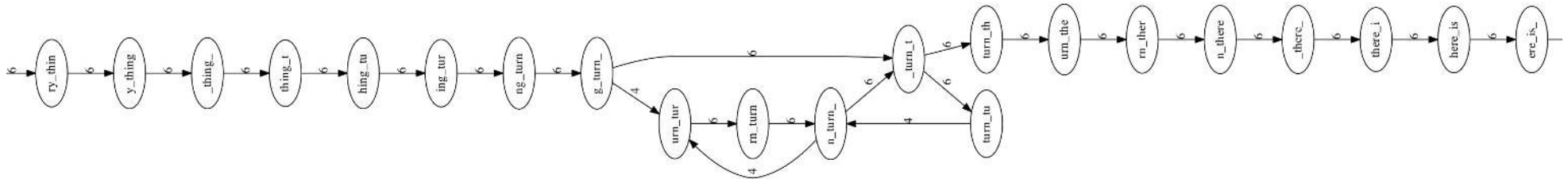
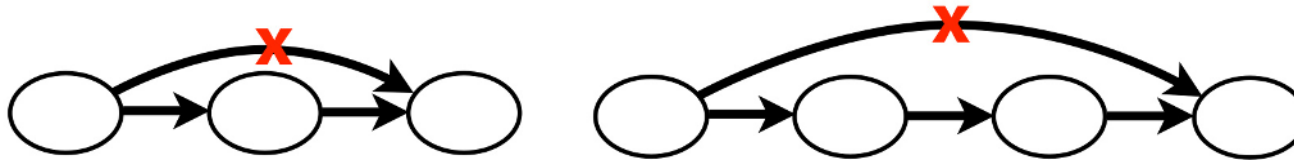
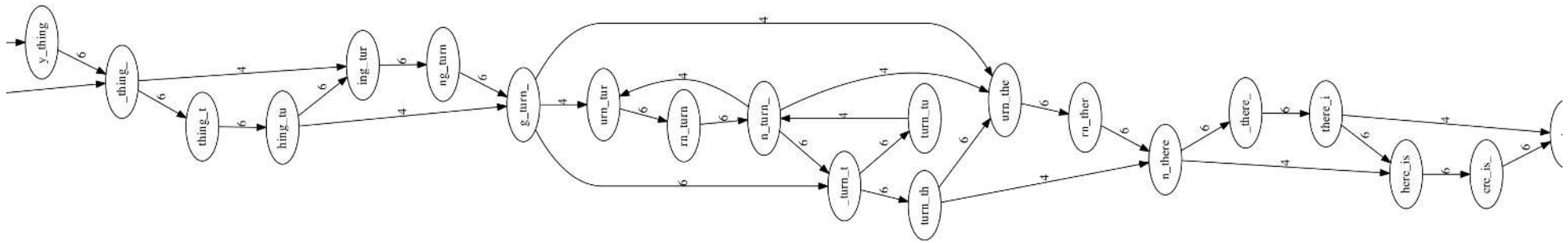
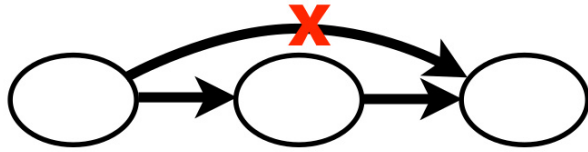


Layout: Tranzitívne hrany

- Niektoré hrany sú nadbytočné, lebo hovoria to isté ako cesty z iných hrán



Layout: Odstránenie tranzitívnych hrán

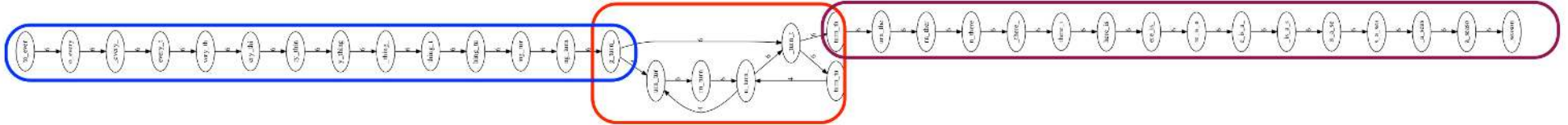


Layout: Rozdelenie na kontigy

Pôvodná sekvencia:

to_every_thing_turn_turn_turn_there_is_a_season

Nerozvetvujúce sa cesty reprezentujú kontigy



Výsledok:

Contig 1

to_every_thing_turn_

Contig 2

turn_there_is_a_season

┌────────┐
Unresolvable repeat

Consensus: Získanie finálnej sekvencie

TAGATTACACAGATTACTGA TTGATGGCGTAA CTA
TAGATTACACAGATTACTGACTTGATGGCGTAAACTA
TAG TTACACAGATTATTGACTTCATGGCGTAA CTA
TAGATTACACAGATTACTGACTTGATGGCGTAA CTA
TAGATTACACAGATTACTGACTTGATGGCGTAA CTA

↓ ↓ ↓ ↓ ↓
TAGATTACACAGATTACTGACTTGATGGCGTAA CTA

Take reads that make
up a contig and line
them up

Take *consensus*, i.e.
majority vote

Ako sa líši de Bruijnov graf od grafu prekryvov?

de Bruijnov graf

- fixná dĺžka prekryvov
- zahadzujeme informáciu o kontinuite presahujúcej k znakov
- cesty reprezentujú genóm
- chyby $\Rightarrow$ bubliny a výbežky
- riešia sa v predspracovaní
- kontigy pokrývajú takmer všetky hrany

Graf prekryvov

- variabilná dĺžka prekryvov
- maximálne využitie informácie o prekryvoch
- cesty reprezentujú genóm
- chyby sú zväčša “schované”
- riešia sa dodatočne (consensus)
- treba odstraňovať tranzitívne hrany

Príklad: Skladanie genómu *Magnusiomyces capitatus*

(dĺžka genómu 19.6 Mbp, 4 chromozómy + mtDNA)

Technológia	Pokrytie	# kontigov	najväčší	avg	N50
Illumina / Spades	250x	1102	172.6 Kbp	17.6 Kbp	62.0 Kbp
PacBio / Canu	37x	17	4.7 Mbp	1.2 Mbp	1.7 Mbp
PacBio + MinION	65x	11	4.4 Mbp	1.8 Mbp	2.0 Mbp

Zhrnutie

- Dlhé čítania nám umožňujú poskladať genómy do podstatne menej fragmentovanej podoby ako krátke čítania
- Na hľadanie prekryvov medzi čítaniami sú potrebné rýchle algoritmy (niektoré si ukážeme o dve prednášky)
- Grafy prekryvov a de Bruijnové grafy sa podobajú, existujú snahy o zjednotenie týchto dvoch konceptov

História sekvenovania genómov

1976	MS2 (RNA vírus) 40 kB
1988	projekt sekvenovania ľudského genómu (15 rokov)
1995	baktéria <i>H. influenzae</i> 2 MB, shotgun (TIGR)
1996	<i>S. cerevisiae</i> 10 MB, BAC-by-BAC (Belgicko, Británia)
1998	<i>C. elegans</i> 100 MB, BAC-by-BAC (Wellcome Trust)
1998	Celera: ľudský genóm do troch rokov!
2000	<i>D. melanogaster</i> 180 MB, shotgun (Celera, Berkeley)
2001	2x ľudský genóm 3 GB (NIH, Celera)
po 2001	Myš, potkan, kura, šimpanz, pes, . . .
2007	Watsonov a Venterov genóm (454)
2012	1000 ľudských genómov
čoskoro	10k genómov stavovcov, sekvenovanie ako diagnostický nástroj
2021	3,5 milióna genómov SARS-CoV-2
2022	Naozaj dokončený ľudský genóm (telomere to telomere)

Použitie NGS: Populačná genetika

- Sekvenujeme krátke čítania z genómu určitého človeka
- Ako sa môj vlastný genóm líši od genómu “priemerného” človeka?
- Ako jednoduché genetické rozdiely ovplyvňujú fenotyp?
- Personalizovaná medicína
- Populačná štruktúra, história ľudstva
- Etické otázky

Problémy:

- Mapovanie krátkych čítaní na referenčnú sekvenciu
- Identifikácia rozdielov (malých a väčších)

Použitie NGS: Environmentálne sekvenovanie – Metagenomika

- Aké mikroorganizmy žijú v našich telách?
črevná a žalúdočná flóra, ústna dutina, koža, ...
- Diverzita mikroorganizmov v rôznych ekosystémoch
- Ťažké izolovať jednotlivé organizmy
- Sekvenujeme zmes čítania z rôznych genómov
- Snažíme sa zostaviť aspoň krátke kontigy

Problémy:

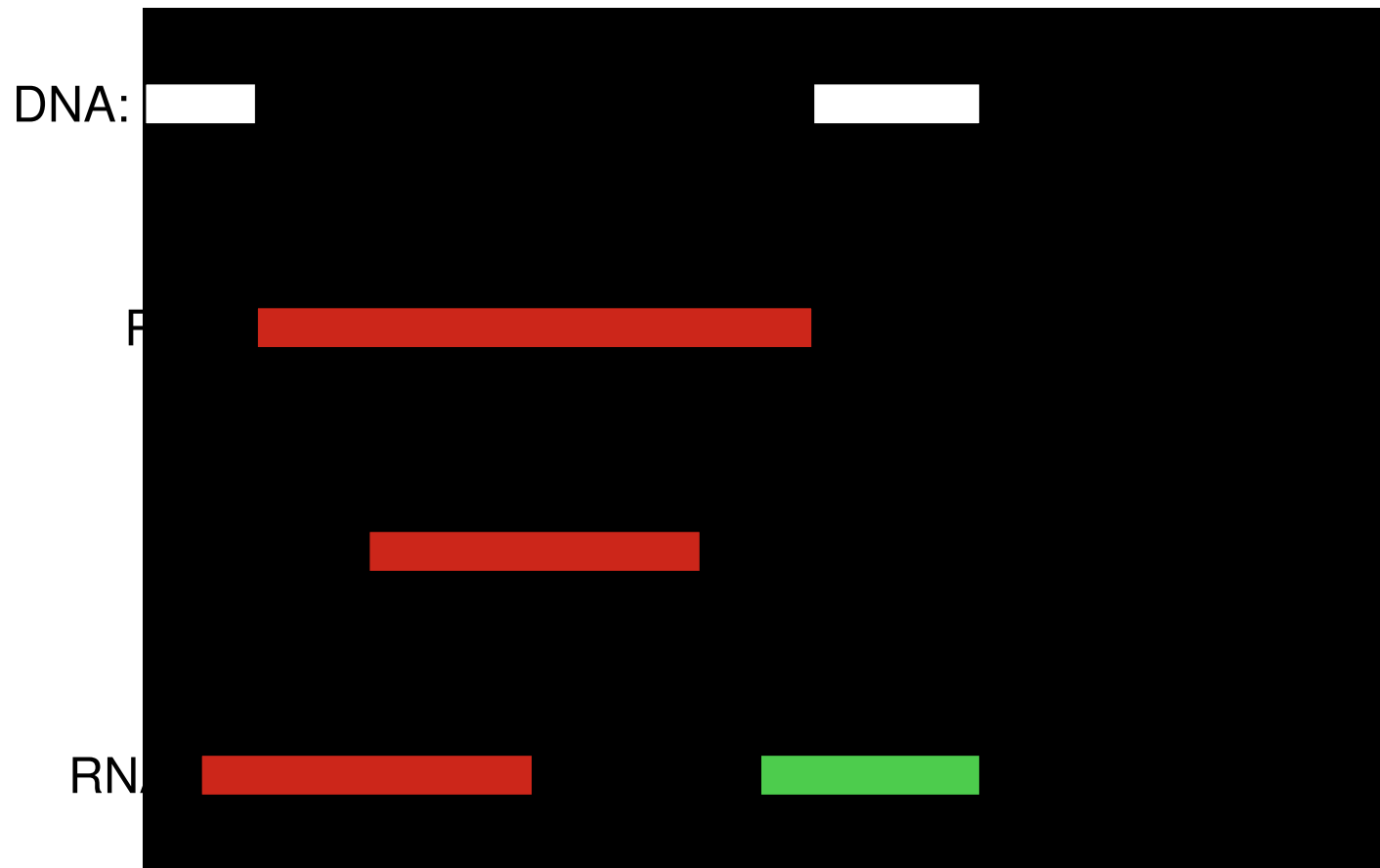
- Oddelenie čítaní/kontigov patriacich do rôznych genómov

Použitie NGS: Hľadanie génov, väzobných miest,...

- Sekvenovať môžeme aj RNA, dostávame gény v genóme
- Chip-Seq: vyfiltrujeme kúsky DNA, na ktoré je naviazaný určitý proteín, sekvenujeme, mapujeme na genóm

Problémy:

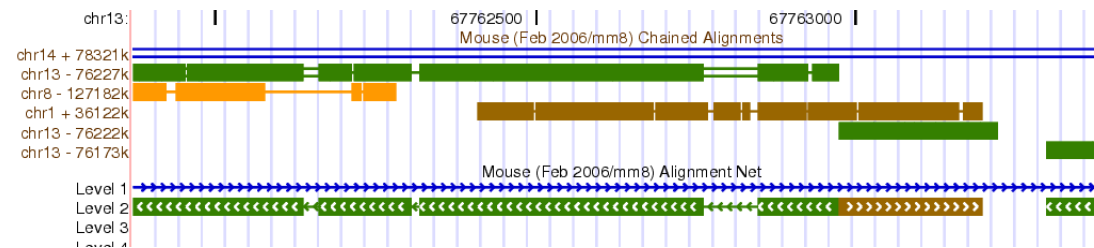
- Identifikácia miest zotrihu
- Identifikácia väzobných miest podľa hĺbky pokrytia



Zarovňavanie sekvencií (sequence alignment) 1/2

Tomáš Vinař

6.10.2022



Problém: Lokálne zarovnávanie (local alignment)

ggcccttgaggttgactgtcctgctgctccttgagg
ccattctcagagagaggaagtggcctcatTTtaac
cgcttcccacagccttgctcctttccagacccatggg
agagggaggggctgaggggtgtggctgagcccacca
agtcacgcgtcactctgcaggtccctctccccaag
gccgtggccttgggagcccgtggatcccagtgagtg
acgcctccaccccccgccctactcgggcagtttaac
ccttggtgttcaacttgacagacatcgtgaacacggcc
cggcccgacgagaaggccataatgacctatgtgtcc
agcttctaccatgccttttcaggagcgcagaaggta
ccgagcagggccaggcaggccctcctcgccgccacc
gcgcaatgccgccgtgcctctcgctcccggtgctc
acctcatttctcttgacagacggcagtggcctctctc
caactggaagccacccccagctccct...

tgatgccgaggatgtgttcgtcgagcatccggacga
gaagtccatcacctacgtggtcacctactatcacta
ctttagcaaactcaagcaggagacgggtgcagggcat
aagcgtatcggtaagggtggtcggcattgccatggag
aacgacaaaatgggtccacgactacgagaacttcaca
agcgatctgctcaagtggatcgaaacgaccatccag
tcgctgggcgagcgggagttcgaaaactcgctggcc
ggcgtccaagggcagttggcccagttctccaactac
cgcaccatcgagaagccgcccaagtttgtggaaaag
ggcaacctcgaggtgctccttttcaccctgcagtcc
aagatgcgggccaacaaccagaagccctacacaccc
aaagagggcaagatgatttcggacatcaacaaggcc
tgggagcgtctggagaaggccgagcacgaacgcgaa
ttggccctgcgcgaggagctcatccg...

Vstup: dve sekvencie

Problém: Lokálne zarovnávanie (local alignment)

```
ggcccttggagttgactgtcctgctgctccttgagg
ccattctcagagagaggaagtggcctcatTTtaatc
cgcttcccacagccttgtcctttccagacccatggg
agagggaggggctgaggggtgtggctgagcccaccca
agtcacgcgtcactctgcaggtccctctccccaag
gccgtggccttgggagcccgatcccagtgagtg
acgcctccaccccccgccctactcgggcagtttaac
ccttgttgttcacttgcagacatcgtgaacacggcc
cggcccgacgagaaggccataatgacctatgtgtcc
agcttctaccatgccttttcaggagcgcagaaggta
ccgagcagggccaggcaggccctcctcgccgccacc
gcgcaatgccgccgctgcctctgcctcccgctgctc
acctcatttctcttgagacggcagtggcctctctc
caactggaagccacccccagctccct...
```

```
tgatgccgaggatgtgttcgtcgagcatccggacga
gaagtccatcacctacgtgggtcacctactatcacta
cttttagcaaactcaagcaggagacgggtgcagggcat
aagcgtatcggtaaggtggtcggcattgccatggag
aacgacaaaatgggtccacgactacgagaacttcaca
agcgatctgctcaagtggatcgaaacgaccatccag
tcgctgggagcagcgggagttcgaaaactcgctggcc
ggcgtccaagggcagttggcccagttctccaactac
cgccaccatcgagaagccgcccaagtttgtggaaaag
ggcaacctcgaggtgctccttttcacctgcagtcc
aagatgcgggccaacaaccagaagccctacacaccc
aaagagggcaagatgatttcggacatcaacaaggcc
tgggagcgtctggagaaggccgagcacgaacgcgaa
ttggccctgcgcgaggagctcatccg...
```

Výstup: podobné úseky (zarovnanie, alignments).

```
CCCGACGAGAAGGCCATAATGACCTATGTGTCCAGCTTCTACCATGCCTTT
||  |||||  |||  |||||  |||  ||  ||  |||  ||  |||
CCGGACGAGAAGTCCAT---CACCTACGTGGTCACCTACTATCACTACTTT
```

Vlož pomlčky (medzery, gaps) tak, aby rovnaké bázy boli pod sebou.

Dobré zarovnanie má veľa zarovnaných rovnakých báz, málo medzier.

Na čo sú dobré zarovnanie?

- **Orientácia v obrovských databázach.**

Genbank WGS má vyše 3 TB sekvencií.

Napr. z ktorého genómu (a odkiaľ) pochádza daná sekvencia?

- **Určovanie funkcie (napr. proteínu).**

Podobné sekvencie často majú rovnakú/podobnú funkciu.

- **Štúdium evolúcie.**

Hľadáme homológy: sekvencie, ktoré sa vyvinuli z toho istého spoločného predka.

V ideálnom prípade medzery zodpovedajú inzerciam a deléciám, zarovnané bázy zachovaným bázam a substitúciám.

- **Hľadanie génov a iných funkčných prvkov.**

Menia sa pomalšie ako ostatné sekvencie.

Zarovnávanie sekvencií ako optimalizačný problém

Cieľ: nájsť páry homologických sekvencií
(tých, čo pochádzajú z rovnakého spoločného predka)

Modelovacia fáza: vytvor skórovaciu schému, ktorá

- skutočným homologickým párom dáva vysoké skóre
- falošne pozitívnym párom dáva nízke skóre

Optimalizačná fáza:

pre dané dve vstupné sekvencie, nájsť zarovnanie s najlepším skóre
dôležitá je výpočtová a pamäťová zložitosť algoritmu

Formulácia problému

Skórovanie zarovnania: napr. zhoda +1, nezhoda -1, medzera -1.

```
GAGAAGGCCATAATGACCTATGTGTCCAGCT
|||||  |||      ||||  ||  ||  ||
GAGAAGTCCAT---CACCTACGTGGTCACCT
```

22 zhôd, 6 nezhôd, 3 medzery → skóre 13.

V praxi zložitejšie skórovanie.

Problém 1: globálne zarovnanie (global alignment)

Vstup: sekvencie $X = x_1x_2 \dots x_n$ a $Y = y_1y_2 \dots y_m$.

Výstup: zarovnanie X a Y s najvyšším skóre.

Problém 2: lokálne zarovnanie (local alignment)

Vstup: sekvencie $X = x_1x_2 \dots x_n$ a $Y = y_1y_2 \dots y_m$.

Výstup: zarovnania podreťazcov $x_i \dots x_j$ a $y_k \dots y_\ell$ s najvyšším skóre.

Dynamické programovanie pre globálne zarovnanie (Needleman, Wunsch 1970)

Podproblém: $A[i, j]$: najvyššie skóre globálneho zarovnania reťazcov $x_1 x_2 \dots x_i$ a $y_1 y_2 \dots y_j$.

Jeden z reťazcov dĺžky 0: druhý reťazec je zarovnaný s medzerou.

$$A[0, j] = -j, A[i, 0] = -i.$$

Všeobecný prípad, $i > 0, j > 0$:

ak $x_i = y_j$ sú zarovnané $A[i, j] = A[i - 1, j - 1] + 1$

ak $x_i \neq y_j$ sú zarovnané $A[i, j] = A[i - 1, j - 1] - 1$

ak x_i je zarovnané s medzerou $A[i, j] = A[i - 1, j] - 1$

ak y_j je zarovnané s medzerou $A[i, j] = A[i, j - 1] - 1$

Dynamické programovanie pre globálne zarovnanie

Podproblém: $A[i, j]$: najvyššie skóre globálneho zarovnaní reťazcov $x_1 x_2 \dots x_i$ a $y_1 y_2 \dots y_j$.

Všeobecný prípad, $i > 0, j > 0$:

ak $x_i = y_j$ sú zarovnané $A[i, j] = A[i - 1, j - 1] + 1$

ak $x_i \neq y_j$ sú zarovnané $A[i, j] = A[i - 1, j - 1] - 1$

ak x_i je zarovnané s medzerou $A[i, j] = A[i - 1, j] - 1$

ak y_j je zarovnané s medzerou $A[i, j] = A[i, j - 1] - 1$

Rekurencia:

$$A[i, j] = \max \begin{cases} A[i - 1, j - 1] + s(x_i, y_j), \\ A[i - 1, j] - 1, \\ A[i, j - 1] - 1 \end{cases}$$

kde $s(x, y) = 1$ ak $x = y$ $s(x, y) = -1$ ak $x \neq y$

Príklad globálneho zarovnania

CATGTCGTA vs CAGTCCTAGA

		C	A	G	T	C	C	T	A	G	A
	0	-1	-2	-3	-4	-5	-6	-7	-8	-9	-10
C	-1	1	0	-1	-2	-3	-4	-5	-6	-7	-8
A	-2	0	2	1	0	-1	-2	-3	-4	-5	-6
T	-3	-1	1	1	?						
G	-4										
T	-5										
C	-6										
G	-7										
T	-8										
A	-9										

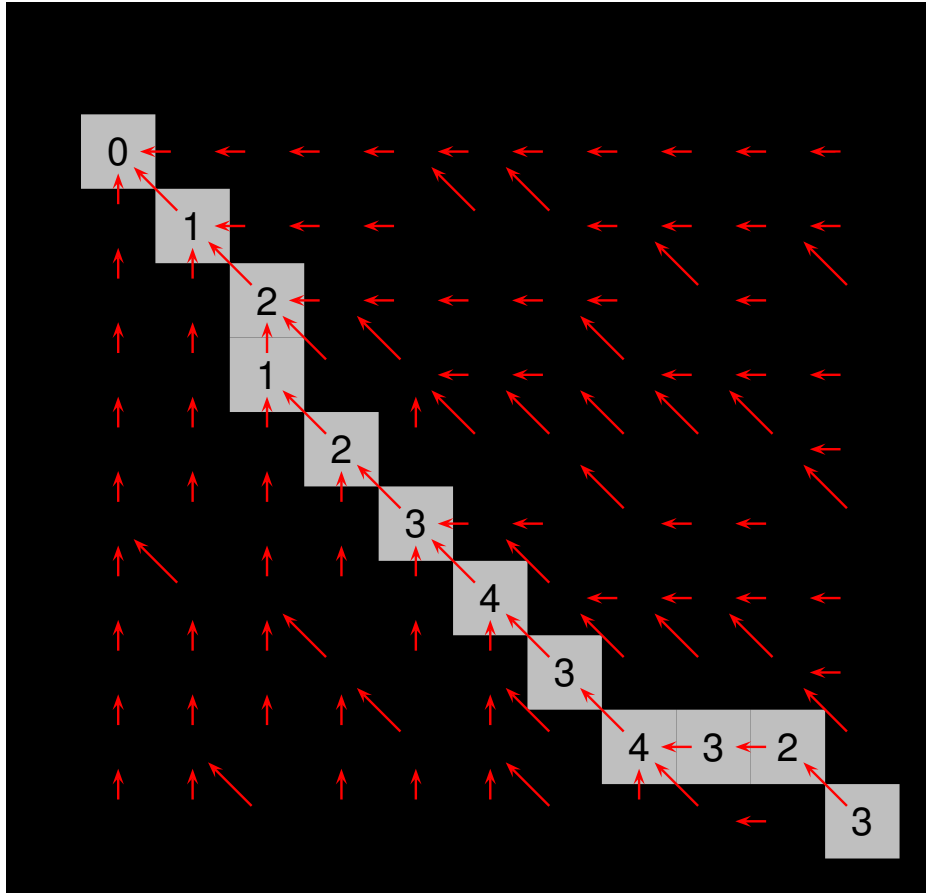
$$A[i, j] = \max \begin{cases} A[i-1, j-1] + s(x_i, y_j), \\ A[i-1, j] - 1, \\ A[i, j-1] - 1 \end{cases}$$

Príklad globálneho zarovnania

CATGTCGTA vs CAGTCCTAGA

		C	A	G	T	C	C	T	A	G	A
	0	-1	-2	-3	-4	-5	-6	-7	-8	-9	-10
C	-1	1	0	-1	-2	-3	-4	-5	-6	-7	-8
A	-2	0	2	1	0	-1	-2	-3	-4	-5	-6
T	-3	-1	1	1	2	1	0	-1	-2	-3	-4
G	-4	-2	0	2	1	1	0	-1	-2	-1	-2
T	-5	-3	-1	1	3	2	1	1	0	-1	-2
C	-6	-4	-2	0	2	4	3	2	1	0	-1
G	-7	-5	-3	-1	1	3	3	2	1	2	1
T	-8	-6	-4	-2	0	2	2	4	3	2	1
A	-9	-7	-5	-3	-1	1	1	3	5	4	3

Ako získať zarovnanie?



CA-GTCCTAGA

CATGTCGT--A

Dynamické programovanie pre lokálne zarovnanie

(Smith, Waterman 1981)

Podproblém: $A[i, j]$: najvyššie skóre lokálneho zarovnanie reťazcov $x_1 x_2 \dots x_i$ a $y_1 y_2 \dots y_j$, ktoré obsahuje bázy x_i a y_j , alebo je prázdne.

Jeden z reťazcov dĺžky 0: prázdne zarovnanie $A[0, j] = A[i, 0] = 0$

Všeobecný prípad, $i > 0, j > 0$:

ak x_i a y_j sú zarovnané $A[i, j] = A[i - 1, j - 1] + s(x_i, y_j)$

ak x_i je zarovnané s medzerou $A[i, j] = A[i - 1, j] - 1$

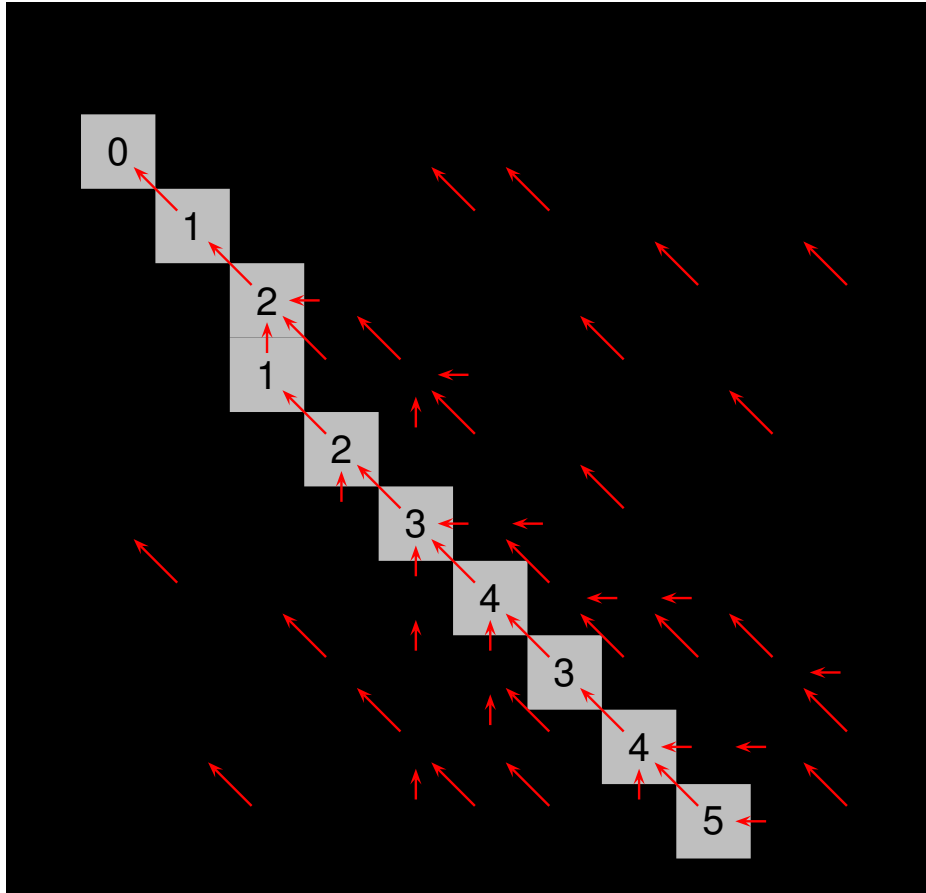
ak y_j je zarovnané s medzerou $A[i, j] = A[i, j - 1] - 1$

ak x_i a y_j nie sú časťou zarovnaní s kladným skóre $A[i, j] = 0$

Rekurencia:

$$A[i, j] = \max \begin{cases} 0, \\ A[i - 1, j - 1] + s(x_i, y_j), \\ A[i - 1, j] - 1, \\ A[i, j - 1] - 1 \end{cases}$$

Príklad lokálneho zarovnania



CA-GTCCTA

CATGTCGTA

Zložitejšie skórovanie

Problémy $+1, -1$ skórovania:

- Je skutočne jedna nezhoda alebo medzera až taká zlá v porovnaní s jednou zhodou?
- Čo urobíme pre zarovnávanie proteínov?
(20 prvková abeceda $\approx$ 200 parametrov)

Úloha skórovacej schémy:

- Chceme vedieť rozlíšiť **lepšie zarovnanie** od **horších zarovnaní**:
 - Ktoré usporiadania pomlčiek dávajú väčší zmysel
- Chceme vedieť, či dané zarovnanie **má biologický význam**:
 - Ide o homológy, alebo sekvencie nesúvisia?

Zložitejšie skórovanie: prvý pokus

Nech X a Y sú **správne zarovnané homológy**

a = pravdepodobnosť, že sa dve bázy **zhodujú**

b = pravdepodobnosť, že sa **nezhodujú**

c = pravdepodobnosť, že báza je **zarovnaná s medzerou**

$$a + b + c = 1$$

Pravdepodobnosť zarovnania A :

```
GAGAAGGCCATAATGACCTATGTGTCCAGCT
|||||  |||  |||||  |||  ||  ||
GAGAAGTCCAT---CACCTACGTGGTCACCT
```

$$\Pr(A) = a^{22}b^6c^3$$

Ktoré je pravdepodobnejšie?

CACA

| |

CCAA

$$\Pr(A) = a^2b^2$$

CACA-

| |

C-CAA

$$\Pr(A) = a^3c^2$$

Zložitejšie skórovanie: prvý pokus

Zlogaritmujeme: násobenie sa zmení na sčítavanie
môžeme použiť S.-W. alebo N.-W. dyn. prog. algoritmy

$$\Pr(A) = a^{22}b^6c^3$$

$$\log \Pr(A) = 22 \log a + 6 \log b + 3 \log c$$

Skóre: Zhoda: $\log a$ Nezhoda: $\log b$ Medzera: $\log c$

Nevýhody takejto schémy:

- Vždy záporné skóre $\Rightarrow$ čo s lokálnymi zarovnaniami?
- Neužitočné pre porovnávanie rôznych párov sekvencií

Skórovanie založené na dvoch pravdepodobnostných modeloch

Porovnávame dva modely H a R : logaritmus podielu

$$\log \frac{\Pr(X, Y \mid H)}{\Pr(X, Y \mid R)}$$

- Ak sú sekvencie X a Y **homológy**
 $\Rightarrow$ logaritmus podielu oveľa väčší ako 1 $\Rightarrow$ **veľmi pozitívne skóre**
- Ak sekvencie X a Y **nesúvisia**
 $\Rightarrow$ logaritmus podielu oveľa menší ako 1 $\Rightarrow$ **veľmi negatívne skóre**

Zložitejšie skórovanie: dva pravdepodobnostné modely

(Pre jednoduchosť teraz neuvažujme medzery)

Model H: Sekvencie X a Y sú **správne zarovnané homológy**

$$\Pr(X, Y \mid H) = \prod_{i=1}^n p(x_i, y_i)$$

$p(x_i, y_i)$: pravdepodobnosť, že vidíme zarovnané práve bázy x_i a y_i

Model R: Sekvencie X a Y **nijako spolu nesúvisia**

$$\Pr(X, Y \mid R) = \left(\prod_{i=1}^n p(x_i)\right) \left(\prod_{i=1}^n p(y_i)\right)$$

$p(x_i)$: pravdepodobnosť výskytu bázy x_i

Porovnávame dva modely H a R : logaritmus podielu

$$\log \frac{\Pr(X, Y \mid H)}{\Pr(X, Y \mid R)}$$

$$\Pr(X, Y | H) = \prod_{i=1}^n p(x_i, y_i)$$

$$\Pr(X, Y | R) = (\prod_{i=1}^n p(x_i)) (\prod_{i=1}^n p(y_i))$$

$$\log \frac{\Pr(X, Y | H)}{\Pr(X, Y | R)} = \log \frac{\prod_{i=1}^n p(x_i, y_i)}{(\prod_{i=1}^n p(x_i)) (\prod_{i=1}^n p(y_i))} = \sum_{i=1}^n \log \frac{p(x_i, y_i)}{p(x_i)p(y_i)}$$

Skóre zarovnanie bázy x a bázy y :

$$s(x, y) = \log \frac{p(x, y)}{p(x)p(y)}$$

BLOSUM62 skórovacia matica pre proteíny

BLOcks of aminoacid **SU**bstitution **M**atrix; Henikoff, Henikoff 1992

	A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	L	...
A	4	-1	-2	-2	0	-1	-1	0	-2	-1	-1	
R	-1	5	0	-2	-3	1	0	-2	0	-3	-2	
N	-2	0	6	1	-3	0	0	0	1	-3	-3	
D	-2	-2	1	6	-3	0	2	-1	-1	-3	-4	
C	0	-3	-3	-3	9	-3	-4	-3	-3	-1	-1	
Q	-1	1	0	0	-3	5	2	-2	0	-3	-2	
E	-1	0	0	2	-4	2	5	-2	0	-3	-3	
G	0	-2	0	-1	-3	-2	-2	6	-2	-4	-4	
H	-2	0	1	-1	-3	0	0	-2	8	-3	-3	
I	-1	-3	-3	-3	-1	-3	-3	-4	-3	4	2	
L	-1	-2	-3	-4	-1	-2	-3	-4	-3	2	4	
...												

- Vyber **biologicky relevantné zarovnania** proteínov (BLOCKS)
- Páry s nanajvýš 62% identitou
- $p(x, y)$: ako často vidíme aminokyseliny x a y zarovnané
- $p(x)$: ako často sa vyskytuje aminokyselina x

- **skóre pre dvojicu aminokyselín x a y** : $\log \frac{p(x, y)}{p(x)p(y)}$
- prenásobíme konštantou a zaokrúhlime:
 - aby sme neurobili príliš veľkú chybu
 - aby sa s číslami lepšie počítalo

Zložitejšie skórovanie: afínne skóre medzier

```
CCCGACGAGAAGGCCATAATGACCTATGTGTCCAGCTTCTACCATGCCTTT
||  ||||| ||||  ||||| |||  ||  ||  |||  ||  ||||
CCGGACGAGAAGTCCAT---CACCTACGTGGTCACCTACTATCACTACTTT
```

Niekoľko medzier za sebou asi nevzniklo nezávisle, možno jedna mutácia.

Penalta za začatie medzery (gap opening cost) o ,

Penalta za rozšírenie medzery o jedna (gap extension cost) e .

Medzera dĺžky g má penaltu $o + e(g - 1)$.

Zvolíme $o < e$ (t.j. $|o| > |e|$).

Základné nastavenia blastn: zhoda +2, nezhoda -3, $o = -5$, $e = -2$.

Príklad vyššie: 22 zhôd, 6 nezhôd, 1 medzera dĺžky 3

→ skóre $2 \cdot 22 - 3 \cdot 6 - 5 - 2 \cdot 2 = 16$.

Zhrnutie

- Globálne a lokálne zarovania
- Needleman-Wunschov a Smith-Watermanov algoritmus
- Skórovanie zarovnaní pomocou porovnávania modelov
- Proteínové BLOSUM matice
- Afínne skórovanie medzier

Problémy na zamyslenie

1. **Časová zložitosť Smith-Waterman:** $O(nm)$

n - veľkosť prvej sekvencie

m - veľkosť druhej sekvencie

Čo robiť ak chceme porovnať ľudský genóm s myšacím genómom?

2. Povedzme, že nájdeme zarovnanie so skóre 14

Je toto skóre dobré, alebo ide o niečo, čo vidíme náhodou?

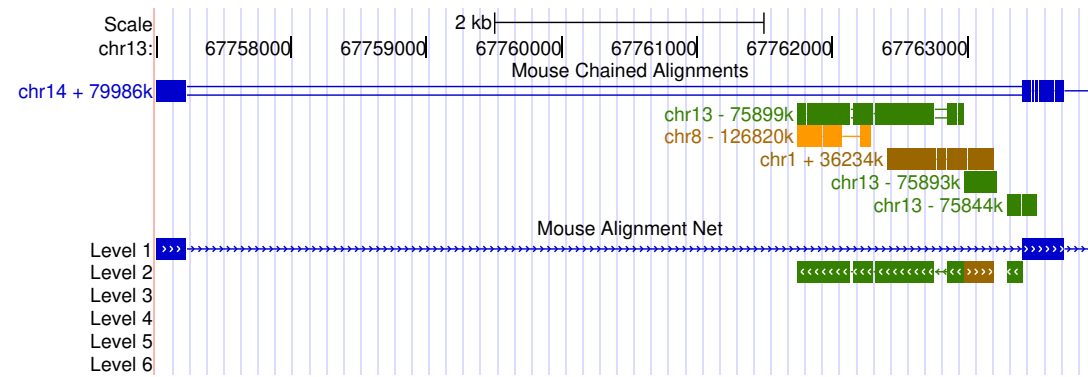
Oznamy

- Výber článku na journal club formulárom na stránke do budúcej stredy 19.10. 22:00.
- Domáca úloha 1 je zverejnená na stránke, odovzdávajújte do utorka 8.11. (pdf cez Moodle)
- Domáce úlohy neodpisujte. Môžete sa rozprávať, ale nerobte si pritom poznámky, neukazujte si navzájom svoje riešenia. Každý by mal napísať riešenie samostatne.
- Otázky k zadaniam a všeobecnú diskusiu k predmetu píšete do MS Teams (kanál General), môžete spolužiakom aj odpovedať. Otázky k vašim riešeniam posielajte vyučujúcim e-mailom alebo cez MS Teams.
- Nezabudnite na pravidelné kvízy, ak je niečo nejasné, pýtajte sa.

Zarovňavanie sekvencií 2/2 (sequence alignment)

Askar Gafurov

13.10.2022



Zhrnutie z minulej prednášky

- **Problém globálneho a lokálneho zarovnania**

Vstup: sekvencie $X = x_1x_2 \dots x_n$ a $Y = y_1y_2 \dots y_m$.

Výstup: zarovnanie X a Y s najvyšším skóre

resp. zarovnania podreťazcov $x_i \dots x_j$ a $y_k \dots y_\ell$ s najvyšším skóre.

- **Správny algoritmus na riešenie**

dynamické programovanie

- **Realistické skórovacie schémy**

Máme správny algoritmus na zarovnávanie, čo viac nám chýba?

Časová zložitosť: $O(nm)$ na sekvenciách dĺžky n a m .

Koľko je to času v skutočnosti?

(jednoduchá implementácia, náhodné sekvencie dĺžky n ,
bežný počítač)

n	čas výpočtu
100	0.0008s
1,000	0.08s
10,000	8s
100,000	13 minút (*)
1,000,000	22 hodín (*)
10,000,000	3 mesiace (*)
100,000,000	25 rokov (*)

Potrebujeme efektívnejší algoritmus,

najmä ak chceme pracovať s celými genómami

Pamäť: základný algoritmus $O(n^2)$, dá sa zlepšiť na $O(n)$.

Heuristické lokálne zarovnávanie

- Nie je zaručené, že nájdeme najlepšie zarovnanie, ale program pobeží rýchlejšie.
- Prehľadá iba “sľubné” časti dyn. prog. matice.

Napríklad: BLASTN [Altschul et al., 1990],
FASTA [Pearson and Lipman, 1988]

- Nájdí krátke zhodujúce sa úseky dĺžky w (jadrá zarovnaní).
- Rozšír každé jadro pozdĺž uhlopriečky na zarovnanie bez medzier.
- Spoj zarovnaní na neďalekých uhlopriečkach medzerami.
- Lokálne vylepši zarovnanie dynamickým programovaním (možno vynechať).

Ako nájdeme zhodujúce sa úseky?

- Vybudujeme “slovník” úsekov dĺžky w z prvej sekvencie.
- Nájdeme každý úsek z druhej sekvencie v slovníku.

Príklad: CAGTCCTAGA vs CATGTCATA

Slovník:

AG	2, 8
CA	1
CC	5
CT	6
GA	9
GT	3
TA	7
TC	4

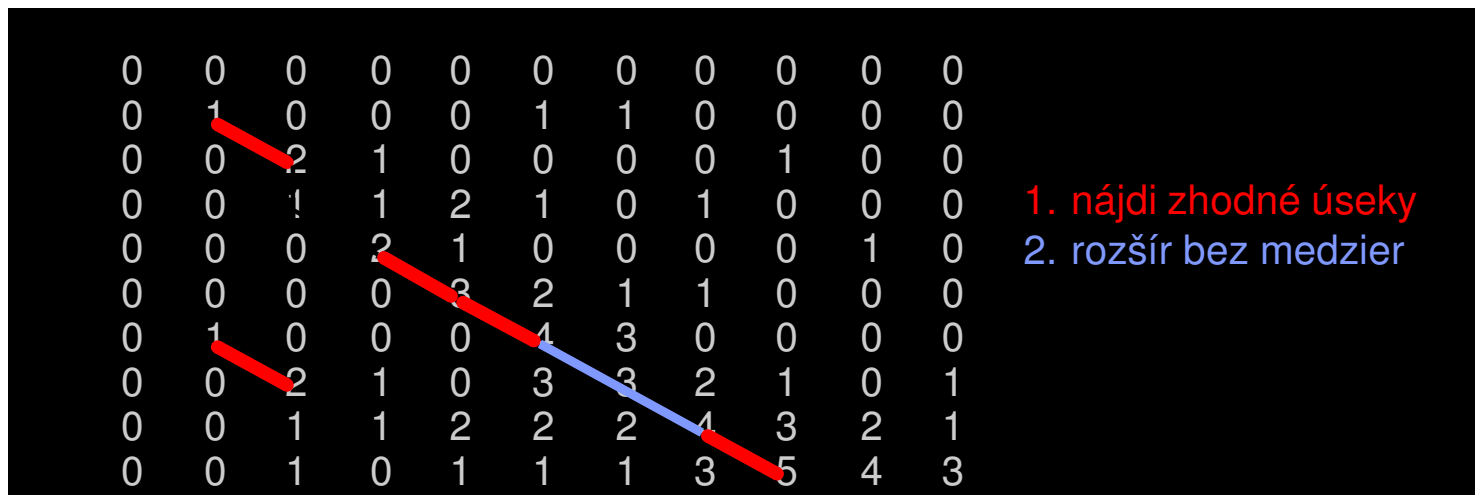
Hľadá:

CA	→	1
AT	→	–
TG	→	–
GT	→	3
TC	→	4
CA	→	1
AT	→	–
TA	→	7

Heuristické lokálne zarovnávanie

Príklad: začíname z jadier dĺžky $w = 2$

(V praxi sa používa $w = 10$ a viac.)



Rýchlosť heuristického algoritmu

Algoritmus:

- Nájdi jadrá zarovnaní (krátke zhodujúce sa úseky dĺžky w).
- **Drahý krok:** Rozširovanie/spájanie jadier do väčších zarovnaní.

Náhodné zhody dĺžky w : nie sú časťou zarovnania s vysokým skóre.
Vyfiltrujeme ich pri rozširovaní, ale spomaľujú program.

Koľko náhodných zhôd?

Dva nukleotidy sa zhodujú s pravdepodobnosťou $1/4$.

w zhôd za sebou s pravdepodobnosťou 4^{-w} .

Stredná hodnota počtu zhôd $nm4^{-w}$.

Zvýšenie w o 1 zníži počet zhôd cca 4 krát.

Senzitivita heuristického algoritmu

Algoritmus:

- Nájdi jadrá zarovnaní (krátke zhodujúce sa úseky dĺžky w).
- **Drahý krok:** Rozširovanie/spájanie jadier do väčších zarovnaní.

Nenájdene zarovania: vysoké skóre, ale **nemajú jadro dĺžky w**

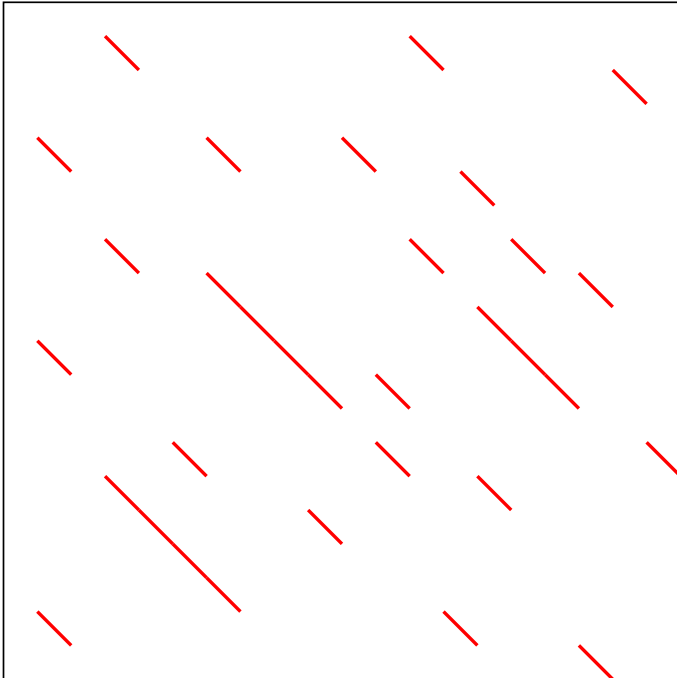
Príklad: CA-GTCCTA nenájdeme pre $w \geq 4$
 CATGTCATA

Senzitivita: aká časť **skutočných zarovnaní** obsahuje zhodu dĺžky w

Rýchlosť vs. senzitivita

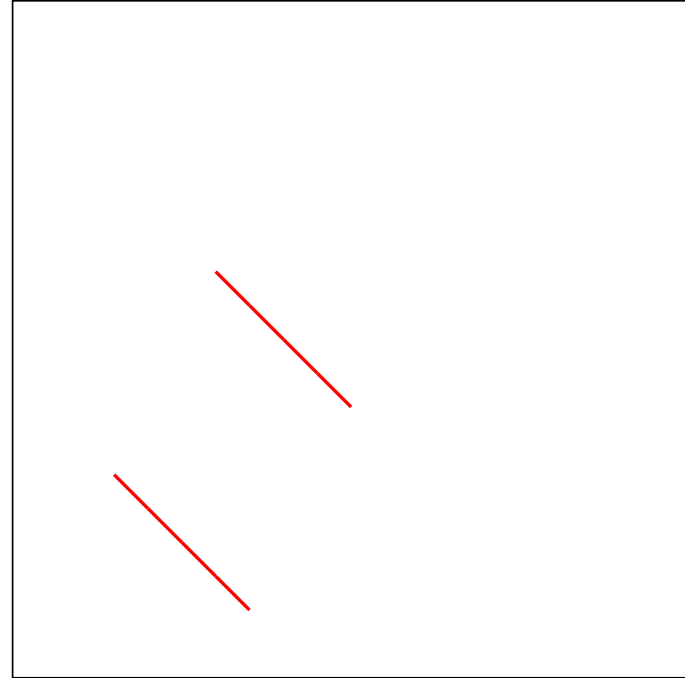
Malé w

veľa náhodných zhôd, pomalé



Veľké w

nenájdeme veľa zarovnaní



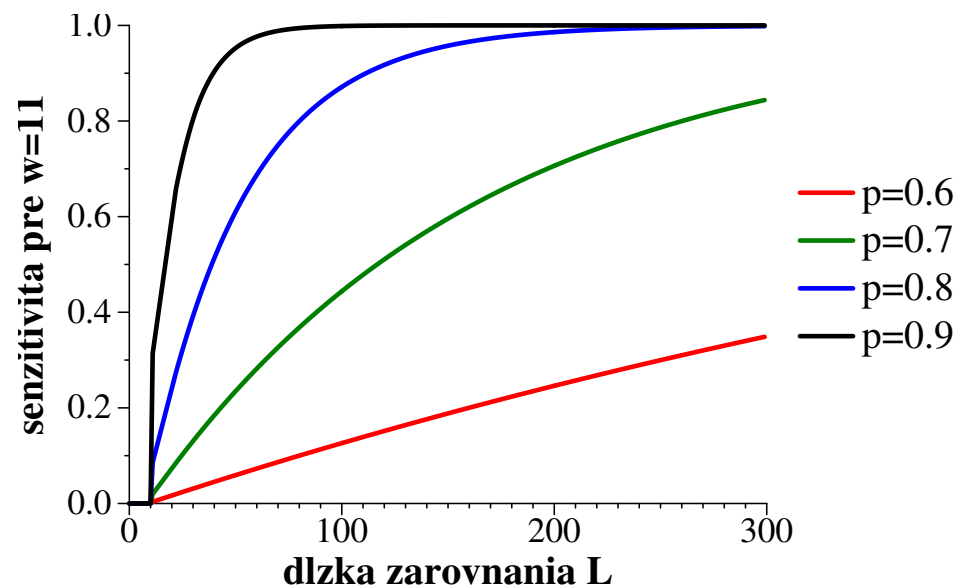
Senzitivita heuristického algoritmu

Odhad senzitivity:

Predpokladáme zarovnanie bez medzier, dĺžky L

Každá pozícia je zhoda s pravdepodobnosťou p

$$f(L, p) = \Pr(\text{zarovnanie obsahuje } w \text{ zhôd za sebou})$$



(človek-myš: $p \approx 0.7$)

BLAST algoritmus pre proteíny

BLOSUM62 skórovacia matica pre proteíny

	A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	...
A	4	-1	-2	-2	0	-1	-1	0	-2	-1	
R	-1	5	0	-2	-3	1	0	-2	0	-3	
N	-2	0	6	1	-3	0	0	0	1	-3	
D	-2	-2	1	6	-3	0	2	-1	-1	-3	
C	0	-3	-3	-3	9	-3	-4	-3	-3	-1	
Q	-1	1	0	0	-3	5	2	-2	0	-3	
E	-1	0	0	2	-4	2	5	-2	0	-3	
G	0	-2	0	-1	-3	-2	-2	6	-2	-4	
H	-2	0	1	-1	-3	0	0	-2	8	-3	
I	-1	-3	-3	-3	-1	-3	-3	-4	-3	4	

Proteínový BLAST namiesto zhody dĺžky w vyžaduje 3 aminokyseliny so skóre aspoň 13

Áno: N I R
N L R

$$6+2+5=13$$

Nie: A I L
A I L

$$4+4+4=12$$

Príklady programov

NCBI BLAST: `blastn` pre DNA/RNA, `blastp` pre proteíny,
`tblastx` preloží DNA do proteínu a použije `blastp`

UCSC Blat: veľmi rýchle vyhľadávanie veľmi podobných sekvencií, napr. sekvenčné čítania ku genómu

- používa veľké w
- vie nájsť zarovnania s veľkými medzerami (napr. intróny pri mRNA)

← → ↺ ↻ 🏠 🔍 http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi ★ 📄			
📁 Most Visited 📁 Smart Bookmarks 📁 Getting Started 📁 Latest BBC Head... 📧 Gmail 🔍 Entrez PubM			
Sequences producing significant alignments:			
		Score (Bits)	E Value
ref XP_002345317.1 	PREDICTED: similar to protein tyrosine ph...	28.2	108 UG
ref XP_001726210.1 	PREDICTED: similar to protein tyrosine ph...	28.2	108 G
ref ZP_03264973.1 	isocitrate dehydrogenase, NADP-dependent [...]	27.4	194
ref XP_001225150.1 	hypothetical protein CHGG_07494 [Chaetomi...	27.4	194 G
ref YP_002967336.1 	hypothetical protein MexAM1_META2p1254 [M...	26.9	261 G
ref ZP_03013307.1 	hypothetical protein BACINT_00864 [Bactero...	26.9	261
ref YP_001834672.1 	phospholipid/glycerol acyltransferase [Be...	26.9	261 G
ref ZP_04426281.1 	NADH dehydrogenase subunit L [Planctomyces...	26.1	469
ref YP_003129642.1 	putative exonuclease RecJ [Halorhabdus ut...	26.1	469 G
ref ZP_02926313.1 	multidrug efflux pump, AcrB/AcrD/AcrF fami...	26.1	469
ref ZP_02044690.1 	hypothetical protein ACTODO_01565 [Actinom...	26.1	469
ref XP_001153320.1 	PREDICTED: similar to tyrosine phosphatas...	26.1	469 G
ref YP_001958968.1 	inner-membrane translocator [Chlorobium p...	26.1	469 G
ref YP_003133865.1 	hypothetical protein Svir_20200 [Saccharo...	25.7	630 G

← → ▾ ↻ × 🏠 <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> ☆ ▾ G ▾ Google

📁 Most Visited ▾ 📁 Smart Bookmarks ▾ 🚫 Getting Started 📡 Latest BBC Head... ▾ 📧 Gmail 🔗 Entrez PubMed

▼ **Alignments** ☐ Select All [Get selected sequences](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#) **NEW**

> ☐ [ref|XP_002345317.1|](#) **UG** PREDICTED: similar to protein tyrosine phosphatase 4a1 isoform
2 [Homo sapiens]
Length=139

[GENE ID: 730167 LOC730167](#) | similar to protein tyrosine phosphatase 4a1
[Homo sapiens]

Score = 28.2 bits (59), Expect = 108
Identities = 9/10 (90%), Positives = 10/10 (100%), Gaps = 0/10 (0%)

Query	1	VIVALASVEG	10
		V+VALASVEG	
Sbjct	79	VLVALASVEG	88

> ☐ [ref|XP_001726210.1|](#) **G** PREDICTED: similar to protein tyrosine phosphatase 4a1 isoform
1 [Homo sapiens]
Length=170

[GENE ID: 730167 LOC730167](#) | similar to protein tyrosine phosphatase 4a1
[Homo sapiens]

Score = 28.2 bits (59), Expect = 108
Identities = 9/10 (90%), Positives = 10/10 (100%), Gaps = 0/10 (0%)

Query	1	VIVALASVEG	10
		V+VALASVEG	
Sbjct	110	VLVALASVEG	119

Ako rozlíšiť, či ide o významné zarovnanie?

Dĺžka dotazu m . Veľkosť databázy n .

Zarovnanie so skóre S .

P -hodnota: Pravdepodobnosť, že pre náhodný dotaz dĺžky m v náhodnej databáze dĺžky n nájdeme zarovnanie so skóre aspoň S .

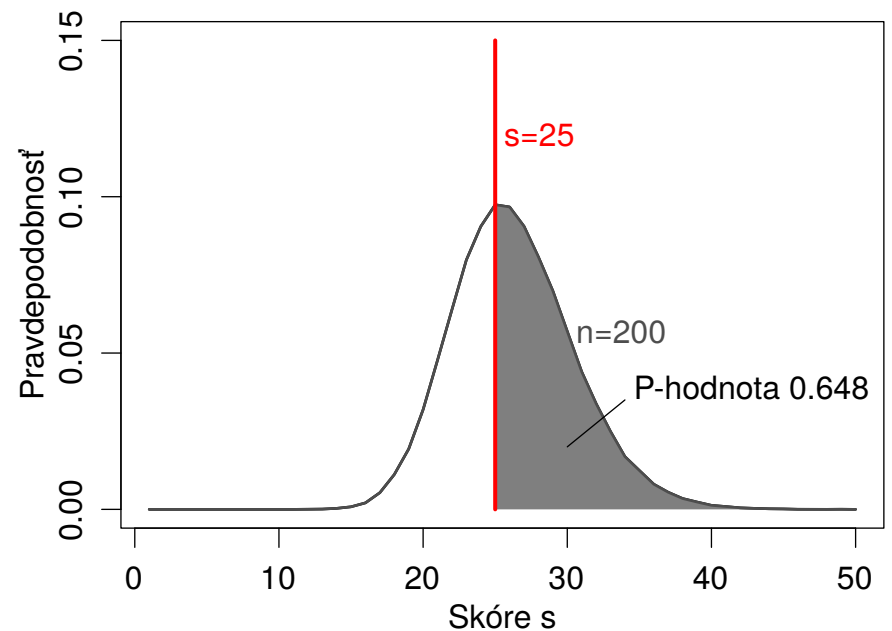
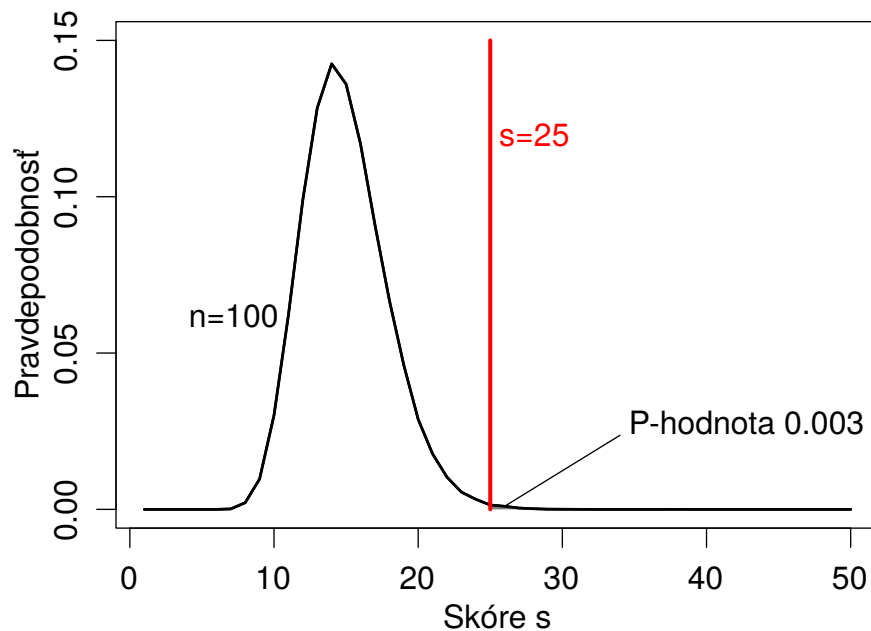
E -hodnota: Očakávaný počet zarovnaní so skóre aspoň S nájdených pre náhodný dotaz dĺžky m v náhodnej databáze dĺžky n .

Pri veľmi malých hodnotách sú E -hodnota a P -hodnota takmer identické.

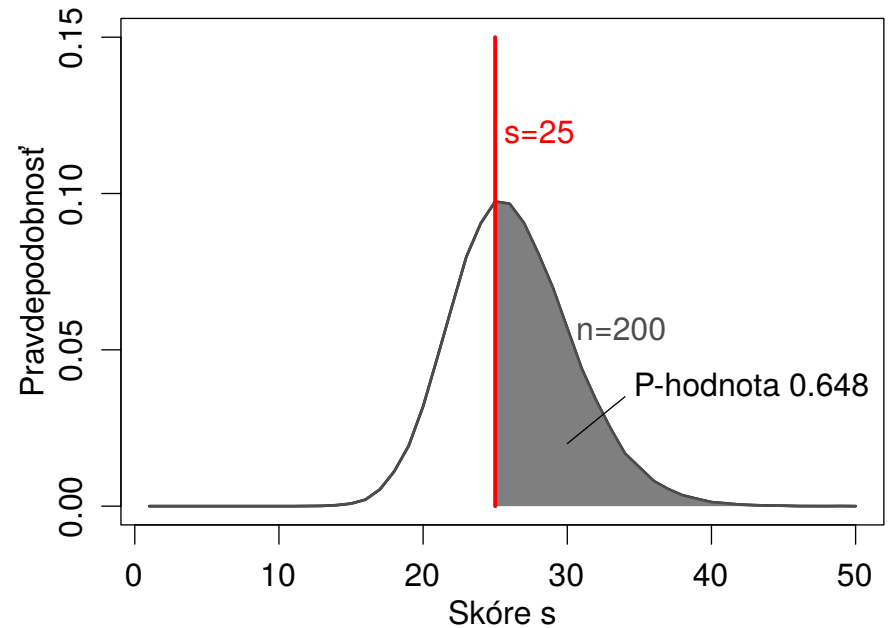
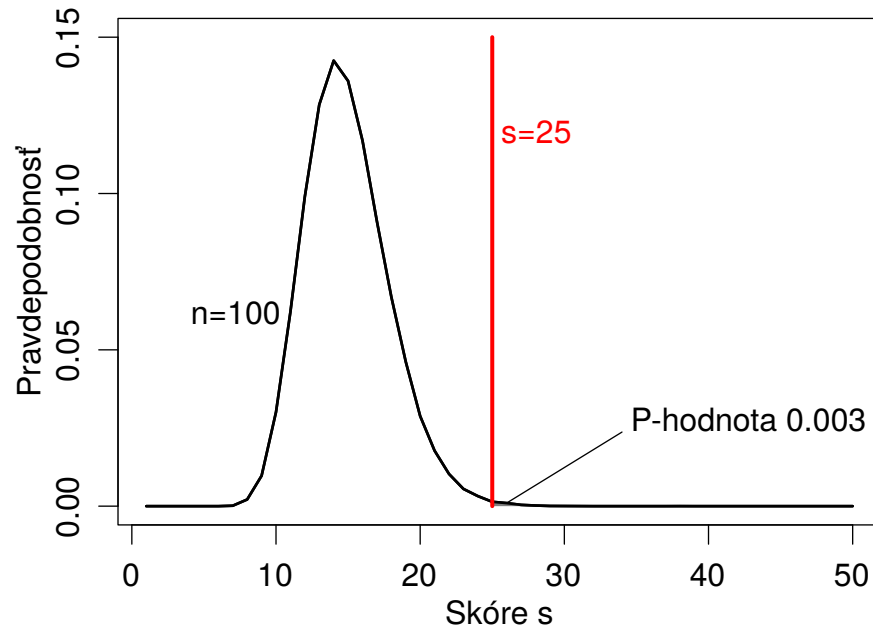
[Karlin and Altschul, 1990, Dembo et al., 1994]

Výpočet P-hodnoty simuláciou

- Vygenerujeme náhodne dve sekvencie dĺžky n
- Spočítame ich najlepšie lokálne zarovnanie (schéma +1/-1)
- Zaznamenáme si výsledné skóre
- Opakujeme veľa krát



Výpočet P-hodnoty simuláciou (pokr.)



P-hodnota pre skóre 25:

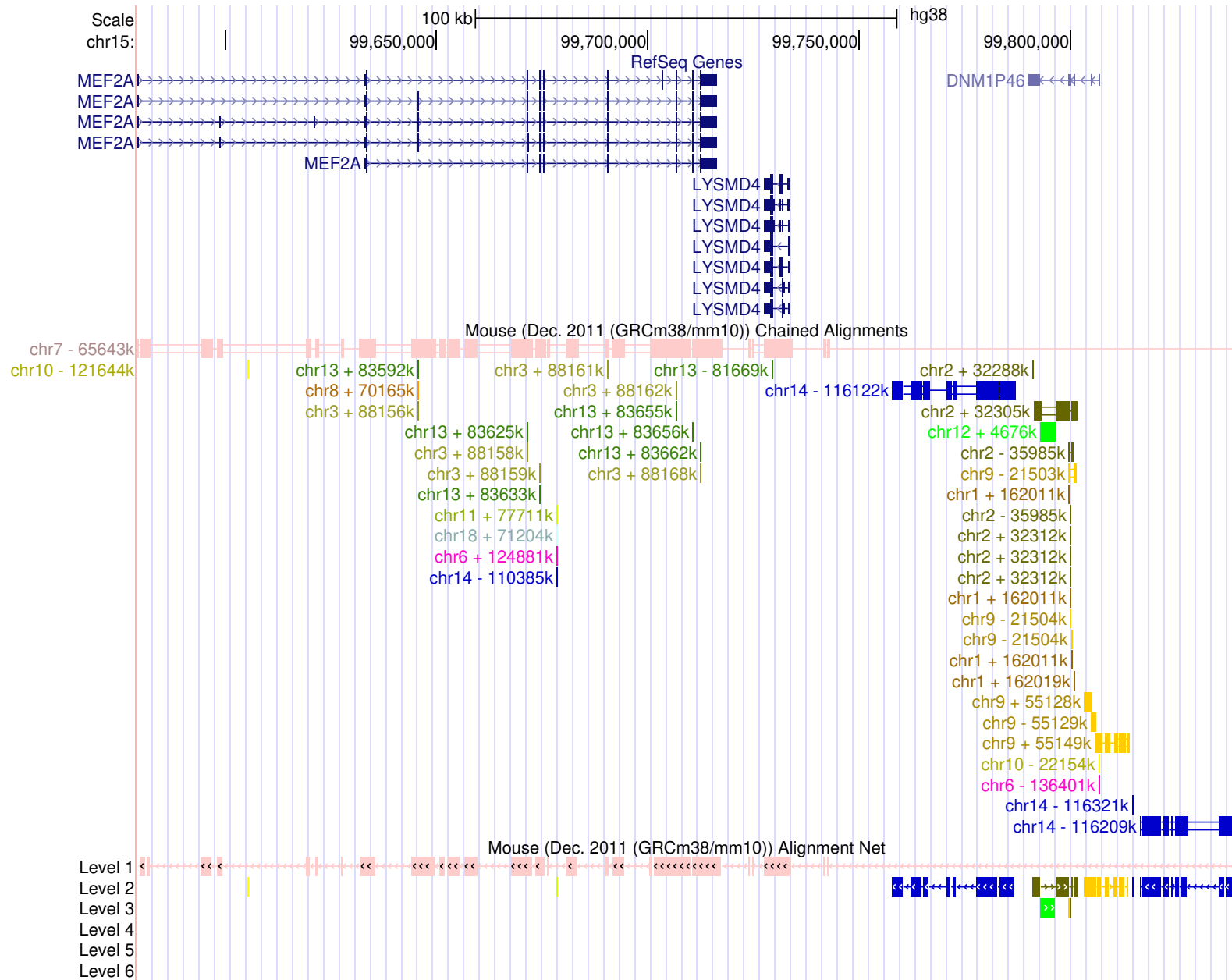
Aká časť zarovnaní má skóre 25 alebo vyššie?

(V praxi je simulácia pomalá, existujú odhady rozdelenia.)

Genomické zarovnanie (whole-genome alignments)

Ku každému úseku ľudského genómu nájsť zodpovedajúcu časť z myši, psa, sliepky, atď. (predpočítané v UCSC browseri)

- Lokálne zarovnanie nájdu exóny a iné zachované časti, sú však úseky, ktoré sa príliš zmenili.
- Pri duplikovaných úsekoch nevieme rozhodnúť, ktoré dvojice úsekov patria k sebe.
- **Synténia (synteny):** lokálne zarovnanie, ktoré sa nachádzajú v dvoch genómoch v tom istom poradí a orientácii.
Pomáha nám určiť, ktoré dvojice úsekov vznikli z tej istej oblasti v spoločnom predkovi (ortológ)



Viacnásobné zarovnanie, multiple sequence alignment

Zarovnaj viacero sekvencií.

Zložitost': $O(2^k n^k)$ pre k sekvencií dĺžky n

Pre všeobecné k NP-ťažké.

Human	ctccatagcaatgt-cagagatagggcagagcggat-----ggtggtgac
Rhesus	ctccatggcaatgt-cagagatagggcagagcggat-----gctggtgac
Mouse	ttt--tgacaaca--tagagac-tgagatagaaaat-----atgctgac
Dog	-tccccgctaatagtacaaagatggggcag-gaaga--a----tgtgctgaa
Horse	-tccacggcaatac-tggagatggggcagagcaga--agat-ggtgatgaa
Armadillo	ctgcatagaaatct-cagagatgggggaaagcaga-----agacattcat
Opossum	atccatggaaacat-cagaagtgggagaaatagaaga----tggcaatga-
Platypus	accgggggaagggg-aagaggaagggccggccg-----

Heuristické algoritmy, napr. CLUSTAL-W [Higgins et al., 1996], MUSCLE [Edgar, 2004] a TBA [Blanchette et al., 2004].

Zhrnutie

- Zarovnávanie (alignment) je základný nástroj bioinformatiky
- Formulácia problému: voľba skórovacej schémy
- Riešenie problému: presné ale pomalé algoritmy a rýchlejšie heuristiky, ktoré nie vždy nájdu všetko
- Odhad štatistickej významnosti (E-hodnota, P-hodnota) je dôležitý nástroj na rozpoznávanie reálnych zarovnaní od tých, čo sa vyskytli náhodou
- Špecializované programy na rôzne úlohy súvisiace so zarovnávaním
 - Informatici na ďalších cvičeniach ďalšie finty na zlepšenie jadier
 - Biológovia ukážky použitia programov

Literatúra

- [Altschul et al., 1990] Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., and Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3):403–410.
- [Blanchette et al., 2004] Blanchette, M., Kent, W. J., Riemer, C., Elnitski, L., Smit, A. F. A., Roskin, K. M., Baertsch, R., Rosenbloom, K., Clawson, H., Green, E. D., Haussler, D., and Miller, W. (2004). Aligning multiple genomic sequences with the threaded blockset aligner. *Genome research*, 14(4):708–715.
- [Dembo et al., 1994] Dembo, A., Karlin, S., and Zeitouni, O. (1994). Limit distributions of maximal non-aligned two-sequence segmental score. *The Annals of Probability*, 22:2022–2039.
- [Edgar, 2004] Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: a multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity. *BMC bioinformatics*, 5:113.
- [Higgins et al., 1996] Higgins, D. G., Thompson, J. D., and Gibson, T. J. (1996).

Using CLUSTAL for multiple sequence alignments. *Methods in enzymology*, 266:383–402.

[Karlin and Altschul, 1990] Karlin, S. and Altschul, S. F. (1990). Methods for assessing the statistical significance of molecular sequence features by using general scoring schemes. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 87(6):2264–2268.

[Pearson and Lipman, 1988] Pearson, W. R. and Lipman, D. J. (1988). Improved tools for biological sequence comparison. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 85(8):2444–2448.

Organizačné poznámky

- DÚ1 je zverejnená, odovzdávanie do utorka 8.11. 22:00

Journal club: skupiny

- V MS teams kanál pre každý článok, podľa toho uvidíte, ktorý článok máte priradený a kto ďalší je v skupine
- Kanál využite na komunikáciu v rámci skupiny, zdieľanie dokumentov a pod.

Journal club: stretnutie

- Každý si najprv prečíta článok,
potom sa koná stretnutie, kde o článku diskutujete, vysvetlíte si navzájom nejasnosti, plánujete písanie správy
- Prvé stretnutie skupiny najneskôr 22.11. osobne / cez MS Teams
- Po stretnutí napíšte krátku správu zo stretnutia do diskusie kanálu
(kto sa zúčastnil, čo sa dohodlo, či sú nejaké problémy, stačí pár viet)
- Ak treba, dohodnite si s nami konzultácie

Správa zo journal clubu

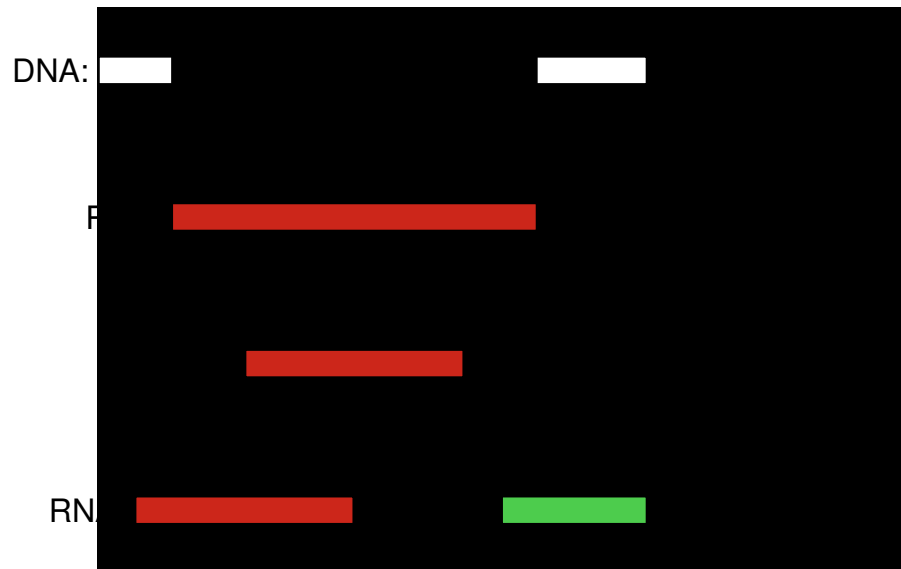
- Vlastnými slovami hlavné metódy a výsledky článku
- Pochopiteľná pre študentov tohto predmetu (inf aj bio)
- Netreba pokryť všetko a naopak, môžete využiť aj iné zdroje
- Skúste vložiť vlastný pohľad na tému
- Rozsah cca 1-2 strany na osobu, jeden ucelený text
- V správe vymenujte členov skupiny, ktorí sa podieľali na jej spísaní, dostanú rovnako bodov

Hľadanie génov

Tomáš Vinař

20.10.2022

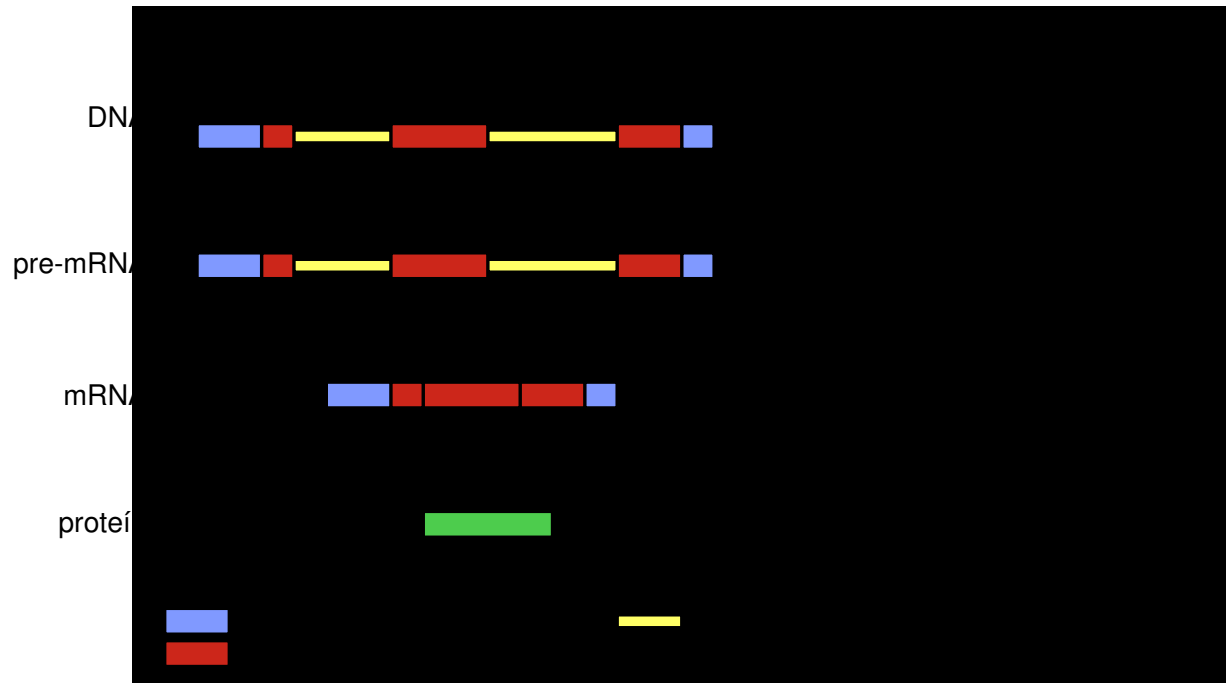
Čo s osekvenovanými genómami?



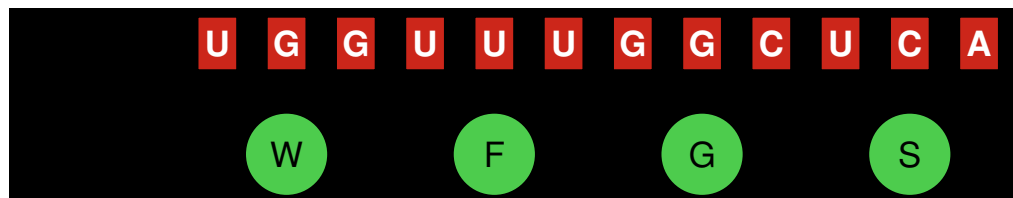
- gény kódujúce proteíny (dnešná prednáška)
- RNA gény
- signály pre reguláciu transkripcie, zostrihu, atď
- pseudogény (nefunkčné kópie génov)
- repetitívne sekvencie, opakovania (sequence repeats)

Štruktúra eukaryotických génov

Proces syntézy proteínov:



Translácia: tri bázy mRNA (kodón) → aminokyselina proteínu



L'udský genóm

- gény kódujúce proteíny
 - cca 20,000, pokrývajú 40% genómu
 - cca 10 exónov v géne
 - exóny pokrývajú 2% genómu
 - kódujúce exóny 1.2% genómu
- repetitívne sekvencie
 - pokrývajú 49% genómu

Bioinformatický problém: hľadanie génov

Cieľ: nájsť všetky gény kódujúce proteíny v genóme.

Tým získame katalóg všetkých proteínov.

Zjednodušenia:

- neuvažujeme alternatívny zostrih, prekrývajúce sa gény
- nehľadáme neprekladané oblasti (UTRs) na začiatku a konci génu

Bioinformatický problém: hľadanie génov

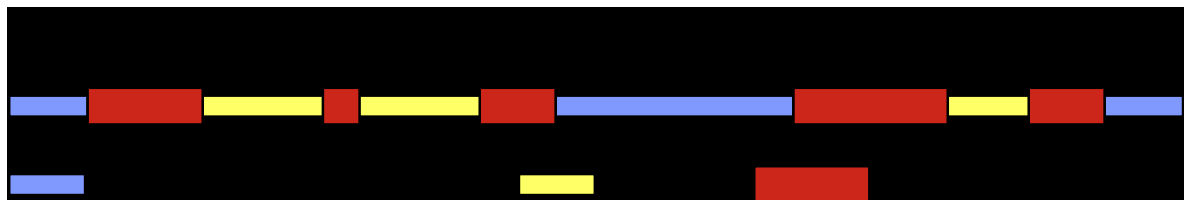
Vstup: sekvencia DNA

cgggtgaaactgcacgattggtgctggcttaaagatagaccaatcagagtgtgtaacgtca
tatttagcgtcttctatcatccaatcactgcactttacacactataaatagagcagctca
tgggcgtatttgcgctagtgttgggtgttccgctgtgctgtttttccgtcatggctcgca
ctaagcaaactgctcggaagtctactggtggcaaggcgccacgcaaacagttggccacta
aggcagcccgcaaaagcgctccggccaccggcggtgaaaaagccccaccgctaccggc
cgggcaccgtggctctgcgcgagatccgccgttatcagaagtccactgaactgcttattc
gtaaactacctttccagcgcctggtgcgcgagattgcgcgaggactttaaacagacctgc
gtttccagagctccgctgtgatggctctgcaggaggcggtgcgaggcctacttggtagggc
tatttgaggacactaacctgtgcgccatccacgccaagcgcgctcactatcatgccaagg
acatccagctcgcccgccgcatccgcgagagagggcggtgattactgtggtctctctgac

Bioinformatický problém: Hľadanie génov

Cieľ: označ každú bázu ako intrón/exón/medzigénovú oblasť

cgggtgaaactgcacgattggtgctggcttaaagatagaccaatcagagtgtgtaacgtca
tatttagcgtcttctatcatccaatcactgcactttacacactataaatagagcagctca
tgggcgtatttgcgctagtgttgggtgttccgctgtgctgtttttccgtcatggctcgca
ctaagcaaactgctcggaagtctactggtggcaaggcgccacgcaaacagttggccacta
aggcagcccgcaaaagcgctccggccaccggcggtgaaaaagccccaccgctaccggc
cgggcaccgtggctctgcgcgagatccgccgttatcagaagtccactgaactgcttattc
gtaaactacctttccagcgcctgtgcgcgagattgcgcgaggactttaaaacagacctgc
gtttccagagctccgctgtgatggctctgcaggaggcggtgcgaggcctacttggtagggc
tatttgaggacactaacctgtgcgccatccacgccaagcgcgctcactatcatgccaagg
acatccagctcgcccgccgcatccgcgagagagggcggtgattactgtgggtctctctgac



Bioinformatický problém: hľadanie génov

Vstup: sekvencia DNA

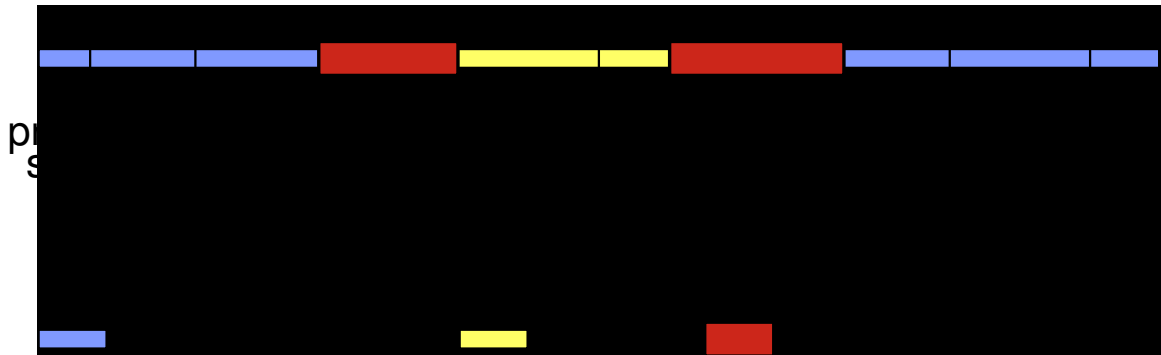
Cieľ: označ každú bázu ako intrón/exón/medzigénovú oblasť (anotácia)

- Toto nie je dobre definovaný problém!
Ako spoznáme, čo je gén?

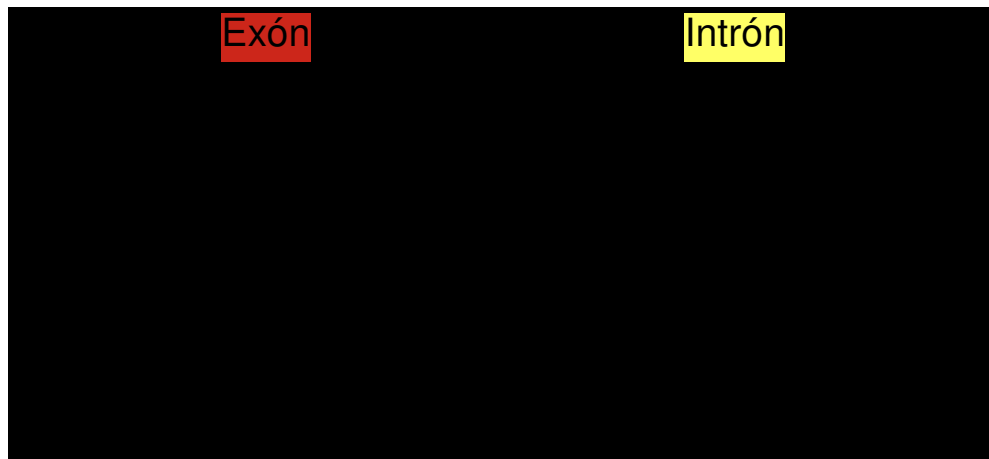
Ako spoznáme gény?

Signály na hraniciach exónov:

krátke reťazce, kde sa viažu komplexy zúčastňujúce sa na expresii génu



Príklad signálu: miesto zostrihu



Ako spoznáme gény?

Zloženie sekvencie:

- iná frekvencia k -tic báz v kódujúcich a nekódujúcich oblastiach,
- kódujúce oblasti sú 3-periodické,
- stop kodóny (TAA, TGA, TAG) len na konci posledného kódujúceho exónu.

Príklad: ak uvažujeme len jednotlivé bázy, exóny majú viac C a G (ľudský genóm)

		a	c	g	t
kódujúci exón	0	0.26	0.26	0.32	0.16
	1	0.30	0.24	0.20	0.26
	2	0.17	0.32	0.31	0.20
intrón		0.26	0.22	0.22	0.30
medzig.		0.27	0.23	0.23	0.27

Bioinformatický problém: hľadanie génov

Vstup: sekvencia DNA

Cieľ: označ každú bázu ako intrón/exón/medzigénovú oblasť (anotácia)

- Toto nie je dobre definovaný problém!
Ako spoznáme, čo je gén?
- Žiadna informácia nám neumožňuje jednoznačne určiť, čo je gén.
- Chceme **skórovací systém**, ktorý povie, ako dobre potenciálna anotácia zodpovedá našim znalostiam.
- Potom hľadáme anotáciu (alebo: segmentáciu pôvodnej sekvencie na neprekrývajúce sa regióny, ktoré reprezentujú intróny, exóny a medzigénové úseky) **s maximálnym skóre.**
- Na definíciu skórovacieho systému použijeme **pravdepodobnostné modely.**

Pravdepodobnostný model génov

Žiadna informácia nám neumožňuje jednoznačne určiť, čo je gén.

Skombinujeme dostupnú informáciu pravdepodobnostným modelom.



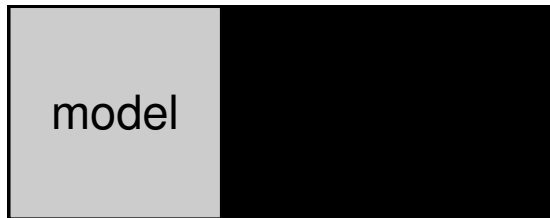
$\Pr(S, A)$ – pravdepodobnosť, že model vygeneruje pár (S, A) .

Model zostavíme tak, aby páry s vlastnosťami podobnými skutočným génom mali veľkú pravdepodobnosť.

Použitie: pre novú sekvenciu S nájdí najpravdepodobnejšiu anotáciu

$$A = \arg \max_A \Pr(A|S)$$

Pravdepodobnostný model génov



NA sekvencia S , náhod

Použitie: pre sekvenciu S nájdí najpravdepodobnejšiu anotáciu A

Hračársky príklad modelu: sekvencie dĺžky 2

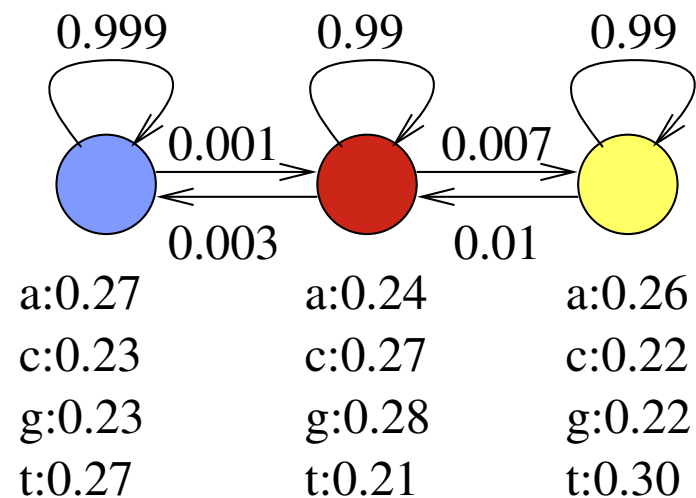
Tabuľka pravdepodobností pre 16 sekvencií, 9 anotácií (súčet 1)

Najpravdepodobnejšia anotácia pre $S = aa$ je $a\bar{a}$.

$a\bar{a}$	0.008	$a\bar{c}$	0.009	$a\bar{g}$	0.0085	...
$a\bar{a}$	0	$a\bar{c}$	0	...		
$a\bar{a}$	0.011	...				
$a\bar{a}$	0					
$a\bar{a}$	0.009					
$a\bar{a}$	0					
$a\bar{a}$	0.007					
$a\bar{a}$	0					
$a\bar{a}$	0.010					

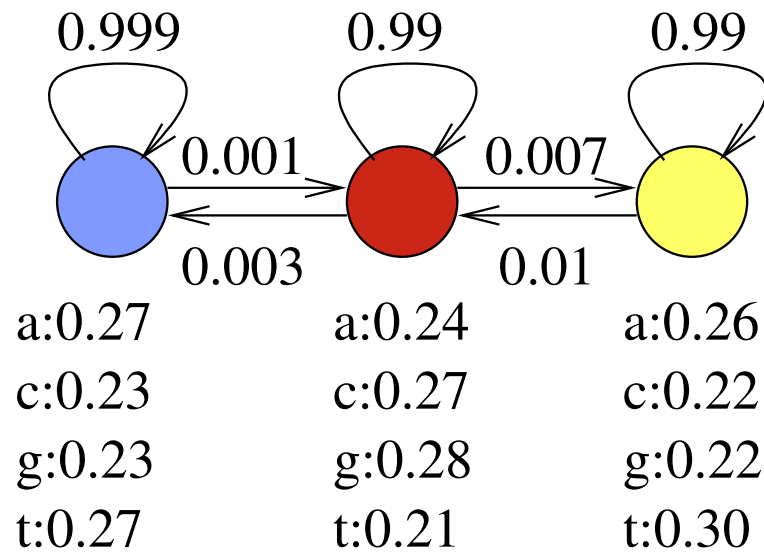
Skrytý Markovov model, hidden Markov model (HMM)

Spôsob, ako zdefinovať model pre dlhšie sekvencie.



- Konečný automat, stavy napr. exón, intrón, medzigénová oblasť
- Sekvenciu aj anotáciu generuje bázu po báze
- V každom kroku je v jednom stave a náhodne vygeneruje jednu bázu podľa tabuľky v stave
- Potom sa presunie do ďalšieho stavu podľa pravdepodobností na hranách

Skrytý Markovov model (HMM)



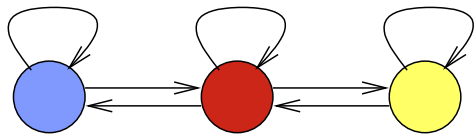
Predpokladajme, že model vždy začína v modrom stave.

Príklad:

$$\Pr(\text{aca}) = 0.27 \cdot 0.001 \cdot 0.27 \cdot 0.99 \cdot 0.24 = 0.000017$$

$$\Pr(\text{aca}) = 0.27 \cdot 0.999 \cdot 0.23 \cdot 0.999 \cdot 0.27 = 0.017$$

Matematické označenie



Sekvencia $S_1, \dots, S_n$

Anotácia $A_1, \dots, A_n$

Parametre modelu:

Prechodová pravdepodobnosť $a(u, v) = \Pr(A_{i+1} = v | A_i = u)$,

Emisná pravdepodobnosť $e(u, x) = \Pr(S_i = x | A_i = u)$,

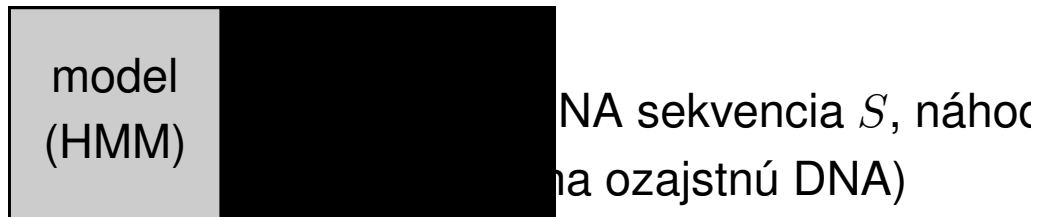
Počiatočná pravdepodobnosť $\pi(u) = \Pr(A_1 = u)$.

a			
	0.99	0.007	0.003
	0.01	0.99	0
	0.001	0	0.999

e	a	c	g	t
	0.24	0.27	0.28	0.21
	0.26	0.22	0.22	0.30
	0.27	0.23	0.23	0.27

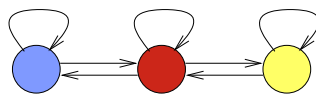
Výsledná pravdepodobnosť: $\Pr(A_1, \dots, A_n, S_1, \dots, S_n) = \pi(A_1)e(A_1, S_1) \prod_{i=2}^n a(A_{i-1}, A_i)e(A_i, S_i)$

Hľadanie génov s HMM



$\Pr(S, A)$ – pravdepodobnosť, že model vygeneruje pár (S, A) .

- **Určenie stavov a prechodov v modeli:** ručne, na základe poznatkov o

štruktúre génu. 

- **Trénovanie parametrov:** emisné a prechodové pravdepodobnosti určíme na základe sekvencií so známymi génmi (**trénovacia množina**).

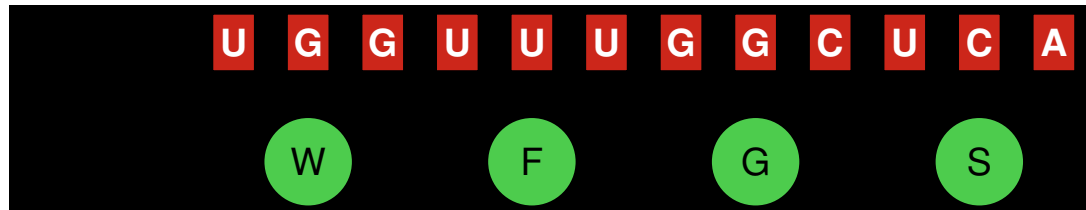
- **Použitie:** pre novú sekvenciu S nájdí najpravdepodobnejšiu anotáciu

$$A = \arg \max_A \Pr(A|S)$$

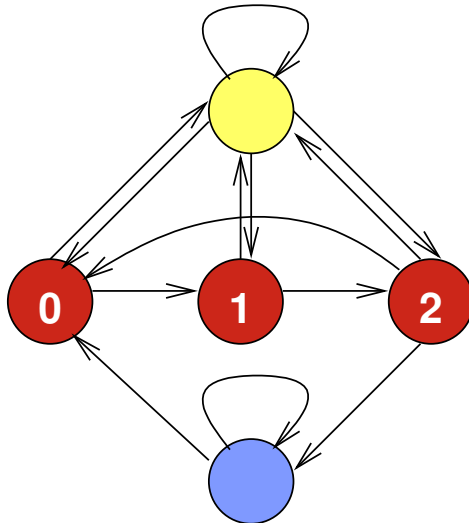
Viterbiho algoritmus v čase $O(nm^2)$ (dynamické programovanie)

HMM na hľadanie génov: 3-periodické exóny

Kodón (trojica báz) $\rightarrow$ jedna aminokyselina



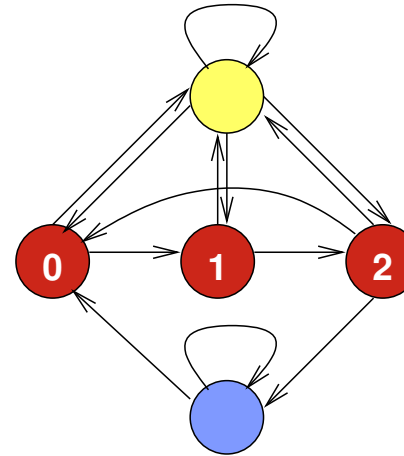
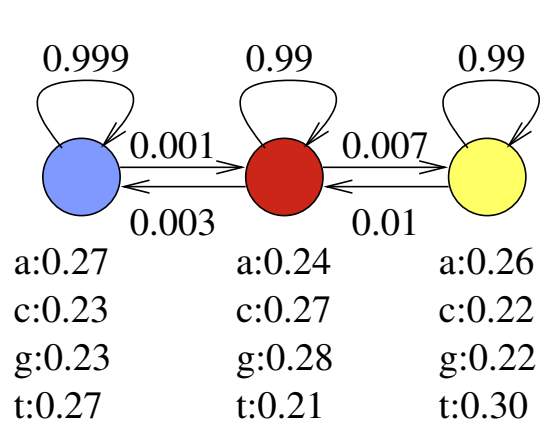
Namiesto jedného stavu pre exón použijeme tri stavy v cykle.



a	0	1	2		
0	0		0		0
1	0	0			0
2		0	0		
					0
		0	0	0	

$\Pr(A_i | A_{i-1})$

Nové stavy mají odlišné emisné pravdepodobnosti

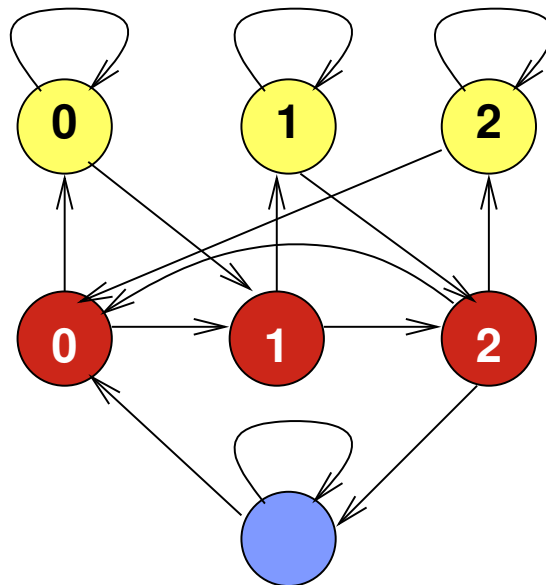


<i>e</i>	a	c	g	t
■	0.24	0.27	0.28	0.21
■	0.26	0.22	0.22	0.30
■	0.27	0.23	0.23	0.27

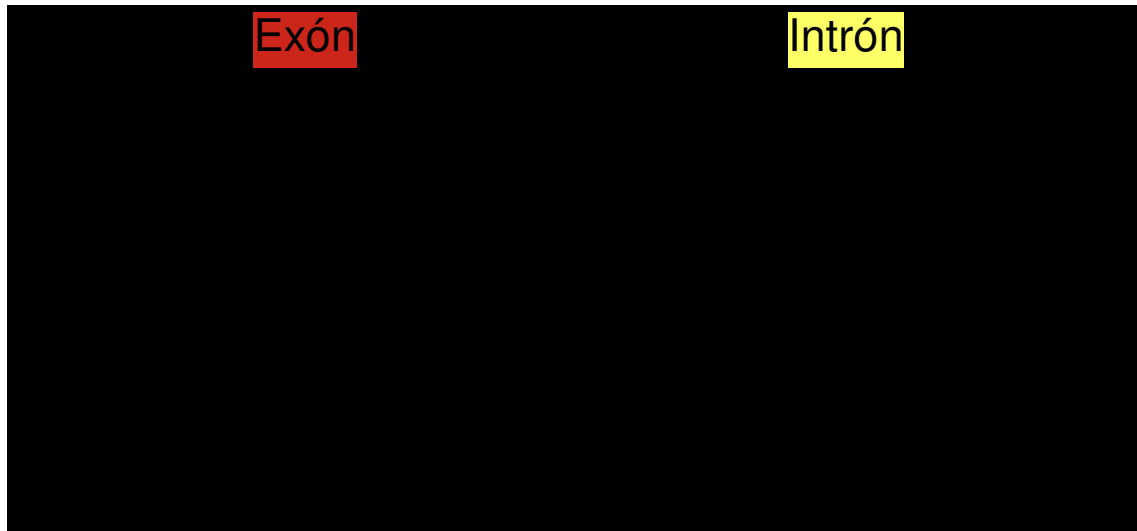
<i>e</i>	a	c	g	t
0	0.26	0.26	0.32	0.16
1	0.30	0.24	0.20	0.26
2	0.17	0.32	0.31	0.20
■	0.26	0.22	0.22	0.30
■	0.27	0.23	0.23	0.27

HMM na hľadanie génov: konzistentné kodóny

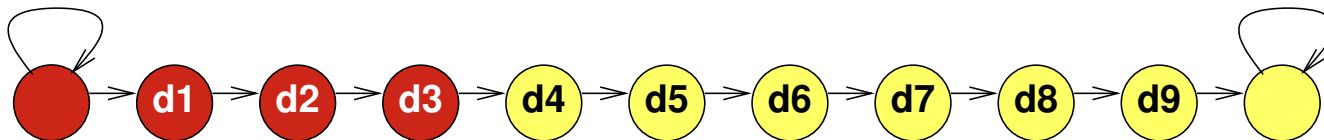
Intrón môže prerušiť kodón uprostred, chceme pokračovať, kde sme prestali.



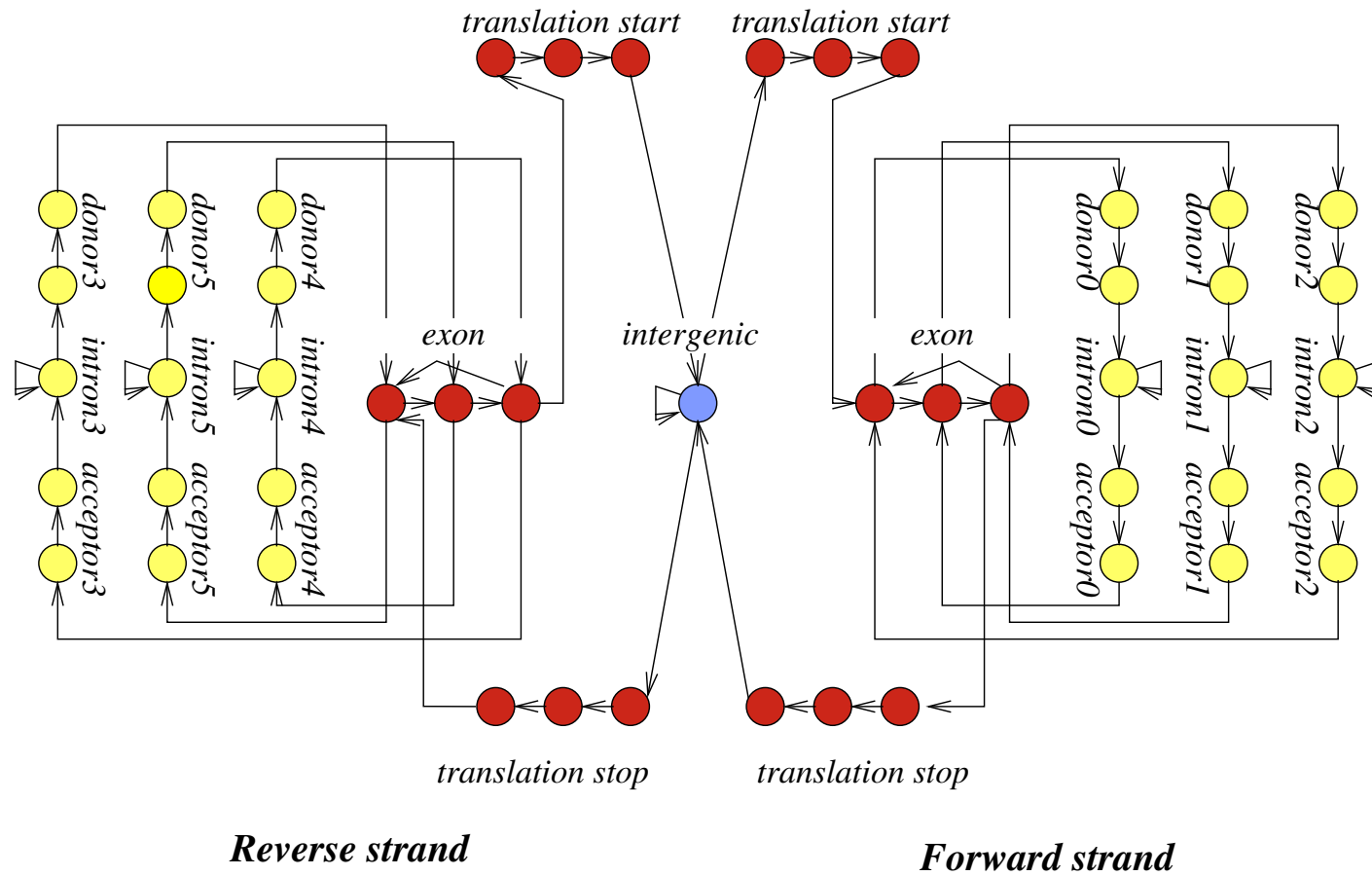
HMM na hľadanie génov: signály



Pridaj sériu stavov medzi exón a intrón:



HMM na hľadanie génov: celkový model



Stavy vyšších rádov

Rád 0: emisná tabuľka e určuje $\Pr(S_i|A_i)$

Rád 1: e určuje $\Pr(S_i|A_i, S_{i-1})$

A_i	S_{i-1}	a	c	g	t
	a	0.24	0.23	0.34	0.19
	c	0.30	0.31	0.13	0.26
	g	0.27	0.28	0.28	0.17
	t	0.13	0.28	0.38	0.21
	a	0.30	0.18	0.27	0.25
	c	0.32	0.28	0.06	0.35
	g	0.27	0.22	0.27	0.24
	t	0.20	0.21	0.26	0.33

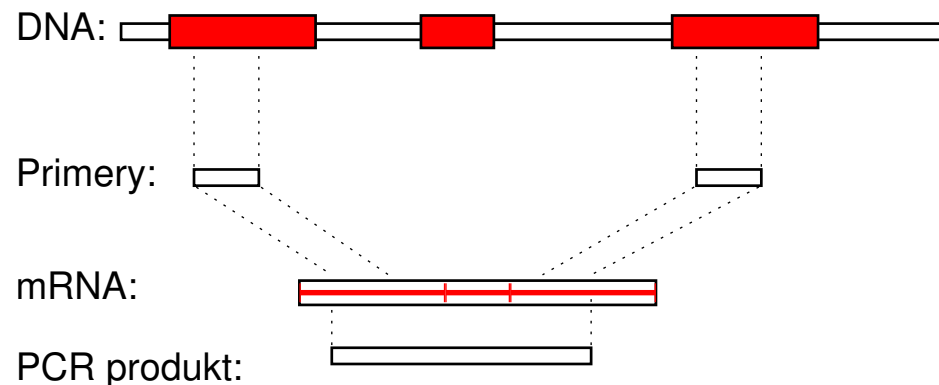
...

Na charakterizovanie exónov, intrónov atď' používame rád 4-5.

Experimentálne overovanie génov

Overenie transkripcie a zotrihu

- RNA-Seq: sekvenovanie častí mRNA extrahovaných z bunky. Nie je cielené na konkrétny gén.
- RT PCR: cielené over konkrétny predpovedaný gén pomocou špecifických primerov.



Problémy: ťažko nájsť gény s expresiou iba za zvláštnych podmienok (napr. v embryu), kontaminácia genómovou DNA, nejednoznačné namapovanie na genóm.

Experimentálne overovanie génov

Overenie translácie, prítomnosti proteínu

- Hmotnostná spektrometria (mass spectrometry) dokáže detegovať prítomnosť proteínu izolovaného napr. z 2D gélu.
- Metódy založené na protilátkach (antibody), prípadne špecifické techniky podľa typu proteínu.

Príklady programov na hľadanie génov

Len na základe sekvencie DNA:

HMMGene [Krogh 1997] (autor je priekopníkom HMM v bioinf.),
Genscan [Burge a Karlin 1997] (po mnohé roky štandard),
GeneZilla [Majoros a kol. 2004], ExonHunter [Brejova a kol. 2005], Augustus [Stanke a Waack 2003] (novšie programy založené na zovšeobecnených HMM).
CONTRAST [Gross 2007], CONRAD [DeCaprio 2007] (programy založené na conditional random fields, obmena HMM)

Prokaryotické genómy:

GeneMark [Lukashin a Borodovsky 1998], Glimmer [Delcher a kol. 1999] a ďalšie.

Vybrané programy na hľadanie génov

Porovnávaním viacerých sekvencií:

Twinscan [Korf a kol. 2001]

(prvý úspešný gene finder s dvoma genómami),

Exoniphy [Siepel a Haussler 2004]

(viacero genómov, nehľadá celé gény),

N-SCAN [Gross a Brent 2006]

(rozšírenie Twinscanu na viacero genómov).

Iná informácia: (napr. RNA-seq, príbuzné proteíny a pod.)

ExonHunter [Brejova a kol. 2005], Augustus [Stanke a kol. 2006], Jigsaw [Allen a Salzberg 2005],

Fgenes++ [Solovyev 2006].

Obmedzenia hľadačov génov

- Alternatívny zostrih (alternative splicing): jeden gén môže vyprodukovať viacero mRNA molekúl. Programy väčšinou hľadajú iba jednu.

Retained intron:



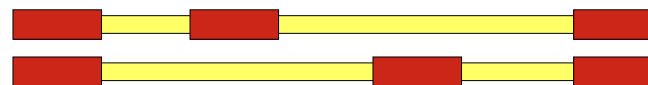
Skipped exon:



Alternative donor or acceptor:



Mutually exclusive exons:



- Pretínajúce sa gény, resp. gény v intrónoch.
- Netypické gény (neobvyklé signály, veľmi krátke alebo dlhé exóny alebo intróny atď.)
- Hľadanie UTR a začiatku/konca transkripcie.

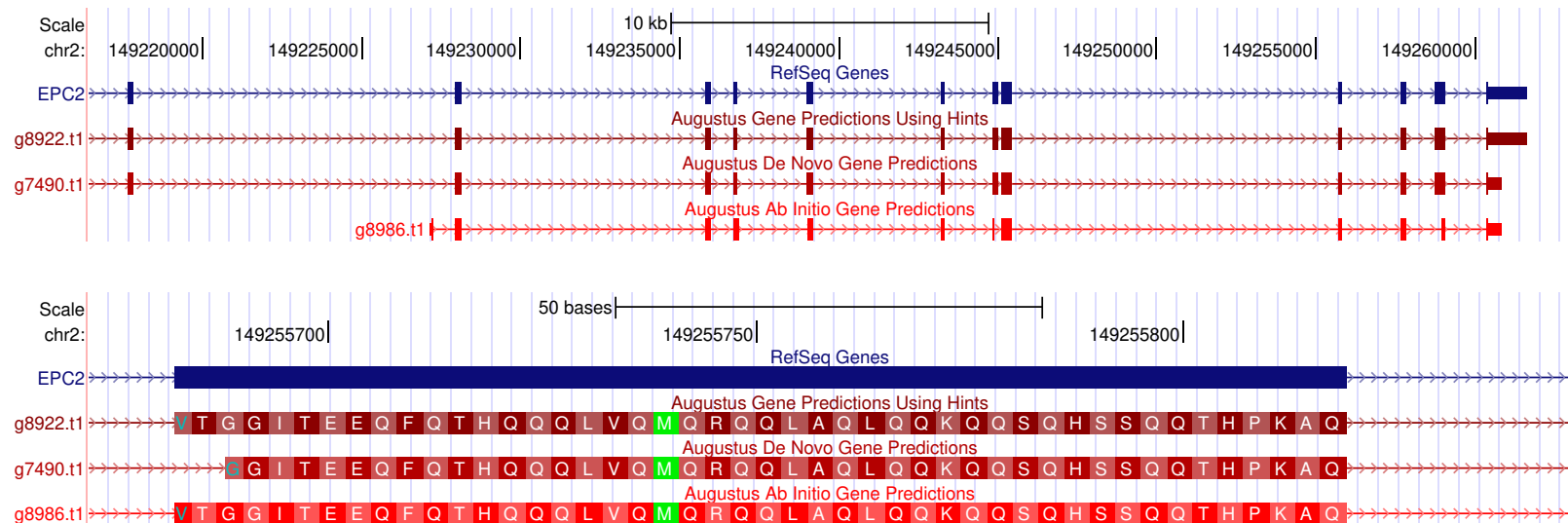
Hľadače génov robia často chyby

Najlepšie metódy v 2005 na ľudskom genóme: [Guigo et al 2006]

20% génov, 60% exónov správne iba na základe DNA

35% génov, 65% exónov správne komparatívne

70% génov, 85% exónov správne s ďalšou informáciou



Koľko génov má človek?

Do 2001: Rôzne odhady: **50 000–140 000** génov

2001: predbežná verzia ľudského genómu: **30 000–40 000** génov

2004: sekvencia ľudského genómu: **20 000–25 000** génov

2007: v katalógoch Ensembl, RefSeq a VEGA spolu **24 500** génov

[Clamp a kol. 2007] tvrdia, že iba **20 500** z nich je správnych

Ale sú gény, o ktorých ešte nevieme?

2010: RefSeq má **22 333** génov

Stále neistota ± 1000 [Perteau, Salzberg 2010]

Rôzni ľudia sa môžu líšiť v desiatkach génov

2012: Projekt ENCODE odhaduje **20 687** génov kódujúcich proteíny,

v priemere 6 alternatívnych transkriptov na gén,

plus 8 800 krátkych a 9 600 dlhých RNA génov

Zhrnutie

- Novo osekvenované genómy treba anotovať:
určovať funkcie jednotlivým oblastiam sekvencie
- Príkladom anotácie je hľadanie génov kódujúcich proteíny
- Na hľadanie génov sa hodia skryté Markovove modely
- Modely robia veľa chýb, ale dajú nám základnú predstavu o polohe a počte génov, môžeme študovať ich funkciu

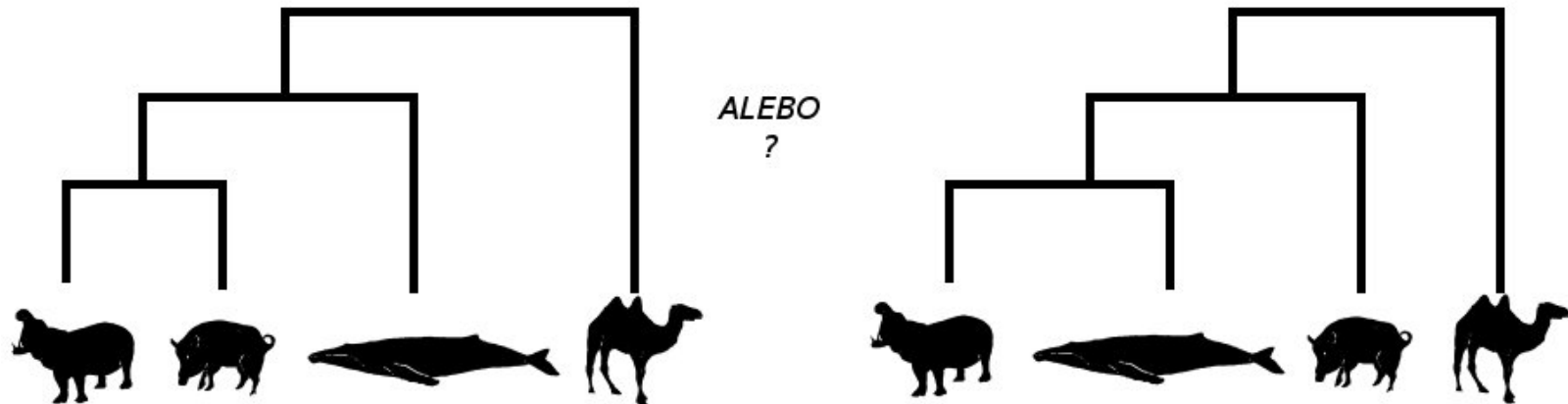
Organizačné poznámky

- Domáca úloha 1 do utorka 10.11.
Otázky k zadaniu na MS Teams
- Pracujte na journal clube
(prečítajte si článok, naplánujte si stretnutie pred 22.11.)

Evoluční modely a stromy

Tomáš Vinař

29.10.2020



Rekonštrukcia fylogenetických stromov

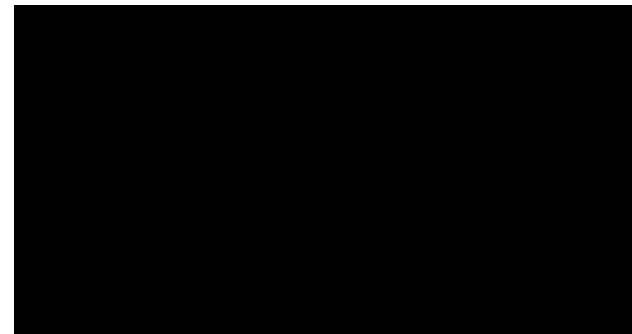
Vstup:

m **zarovnaných** sekvencií,
každá dĺžky n

človek	C	A	G	T	T	A
elf	A	A	T	A	G	A
Glum	C	C	G	A	G	A
hobit	C	C	G	T	T	C
ork	A	A	T	T	T	A

Výstup:

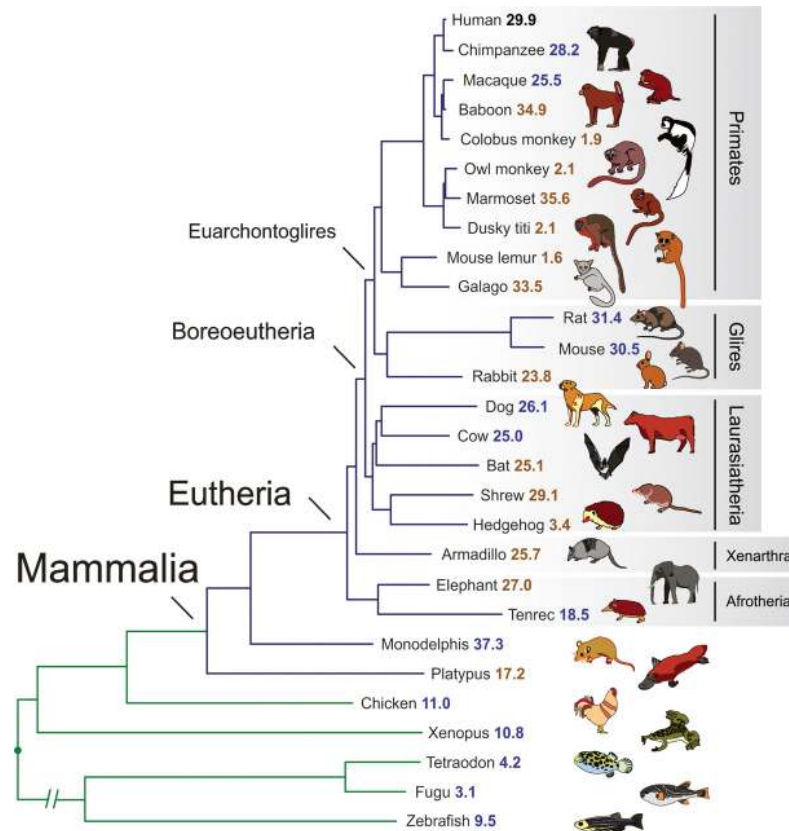
strom predstavujúci
ich evolučnú históriu



Newick format:

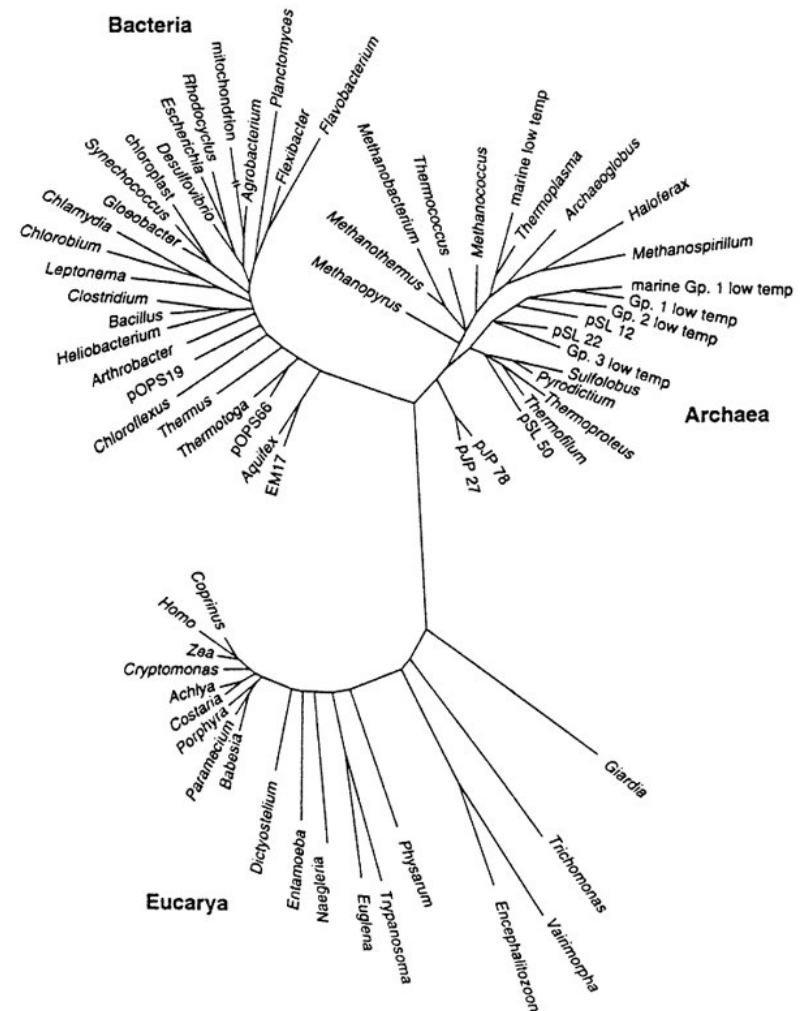
`((glum,hobit),človek),(elf,ork))`

[?]



zakorenený pomocou
“outgroup”

[?]



Maximum parsimony (úsporné stromy)

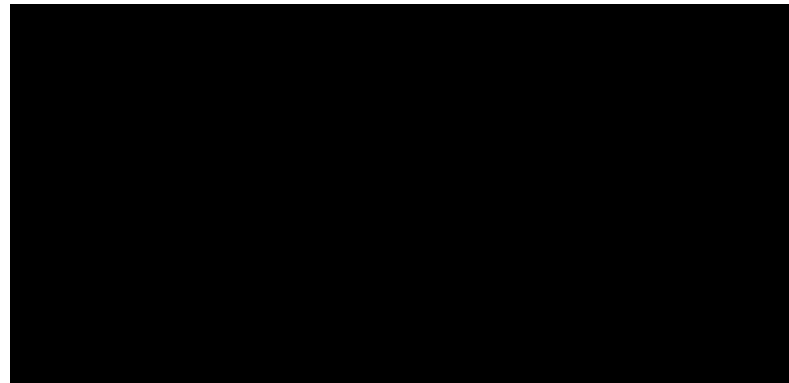
Úloha: Dané sú zarovnané sekvencie súčasných organizmov.

Chceme nájsť fylogenetický strom, ktorý vyžaduje **minimálny počet evolučných zmien**.

Evolučná zmena = mutácia jednej bázy na inú bázu

Podotázka: Pre daný fylogenetický strom, doplniť **ancestrálne sekvencie** tak, aby bol potrebný najmenší počet zmien.

glum	AGC
hobit	TAC
človek	TCC
elf	ACA
ork	TCA



5 zmien

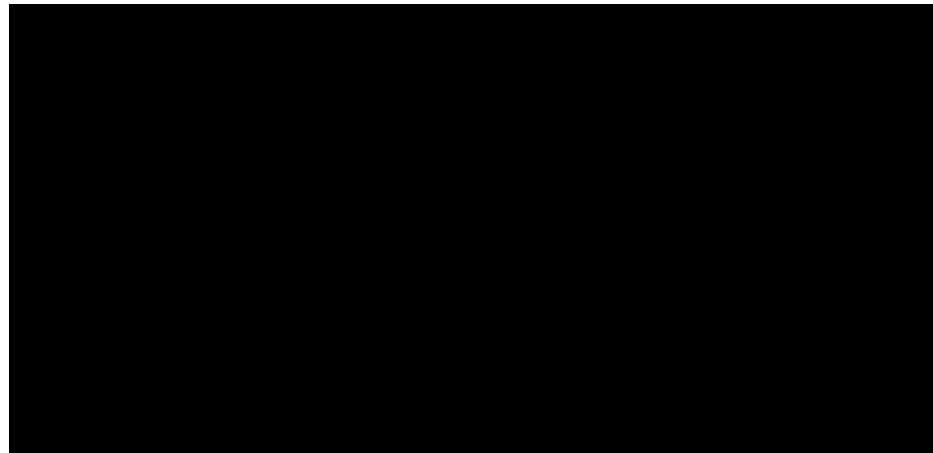
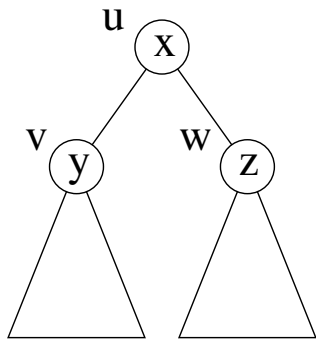
Výpočet ceny konkrétného stromu

Môžeme rátať **dynamickým programovaním** pre každý stĺpec zarovnania zvlášť.

Pre každý vnútorný vrchol u a symbol x :

$N_{u,x}$: koľko zmien treba v podstrome pod u , ak v u bude symbol x ?

$$N_{u,x} = \min_y \{N_{v,y} + [x \neq y]\} + \min_z \{N_{w,z} + [x \neq z]\}$$

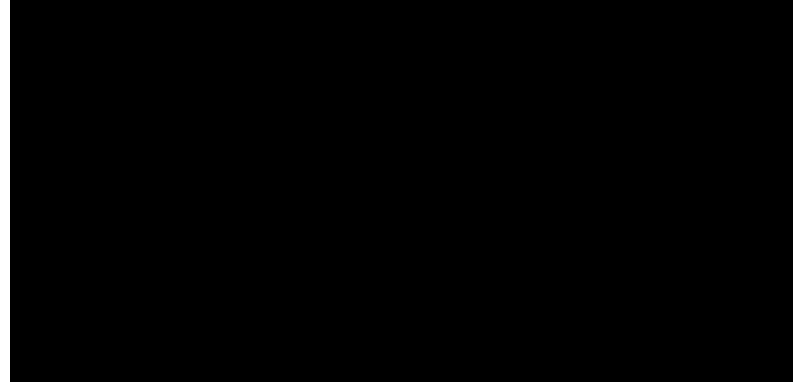


Časová zložitosť: $O(m)$, lineárna

Zopakujeme pre každý stĺpec zarovnania: $O(mn)$

Vieme: Výpočet ceny konkrétneho stromu

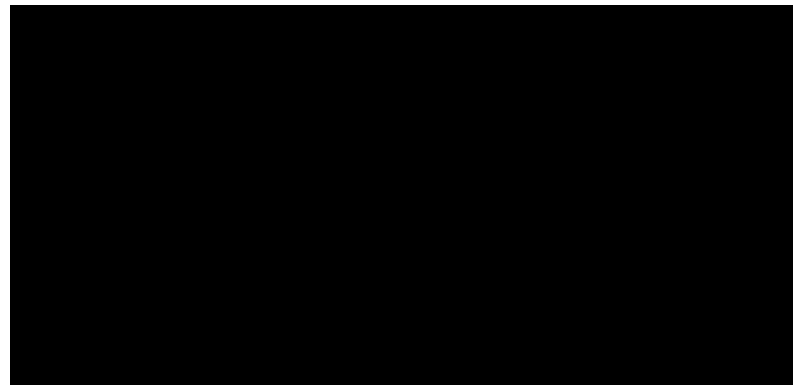
glum	AGC
hobit	TAC
človek	TCC
elf	ACA
ork	TCA



5 zmien

Chceme: Nájsť strom s najmenšou cenou

glum	AGC
hobit	TAC
človek	TCC
elf	ACA
ork	TCA



Hľadanie najúspornejšieho stromu

NP-ťažký problém

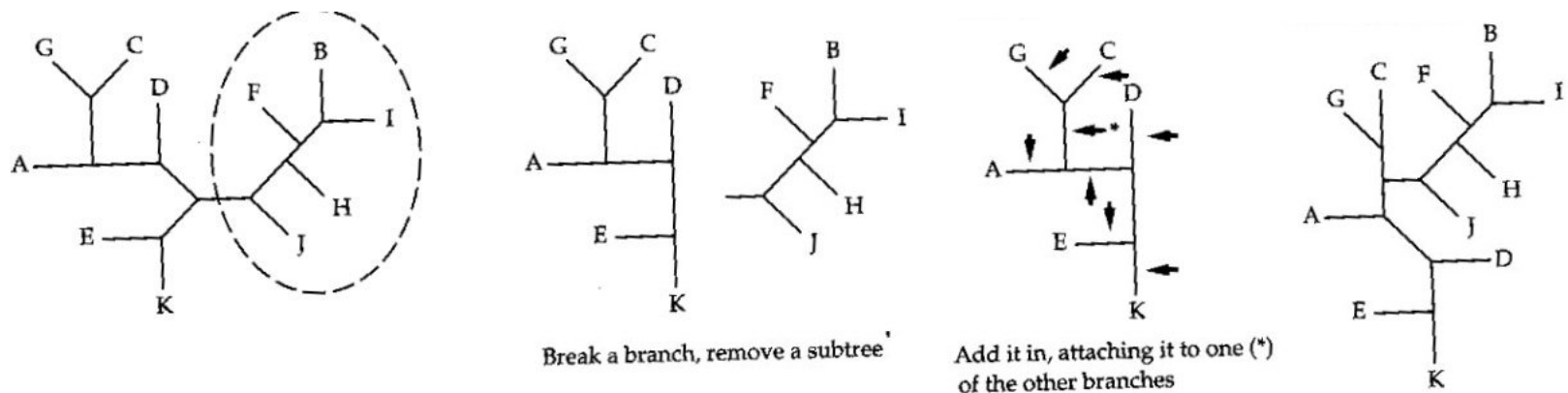
Triviálny algoritmus: vyskúšaj všetky možné stromy.

Pre m druhov $1 \cdot 3 \cdot 5 \cdots (2m - 5) = (2m - 5)!!$

Napr. pre 10 druhov cca 2 milióny, pre 20 druhov $2 \cdot 10^{20}$

Heuristické prehľadávanie:

- Začneme s “rozumným” stromom
- Pomocou stanovených operácií prehľadávame “podobné” stromy; napr.
“subtree pruning and regraft”:



Neighbor Joining (Metóda spájania susedov)

- Nevyužívame detaily rozdielov medzi sekvenciami
- Zosumarizujeme ich pomocou **matice vzdialeností** (D_{ij})

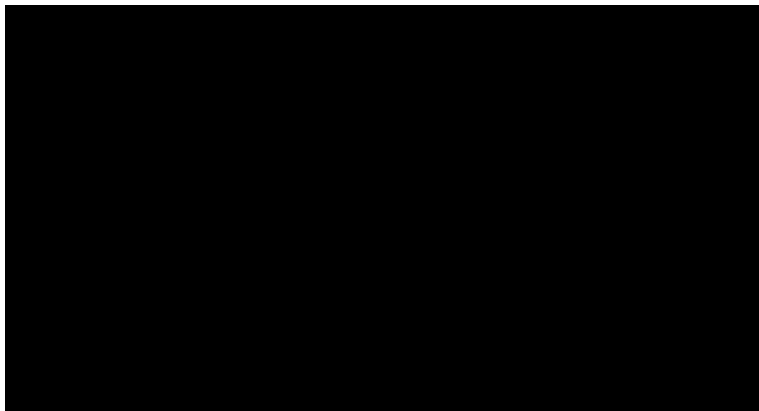
Jednoduchý príklad:

človek	C	A	G	T	T	A
elf	A	A	T	A	G	A
Glum	C	C	G	A	G	A
hobit	C	C	G	T	T	C
ork	A	A	T	T	T	A

	Č	E	G	H	O
človek	0	4	3	2	2
elf	4	0	3	6	2
Glum	3	3	0	3	5
hobit	2	6	3	0	4
ork	2	2	5	4	0

Idea spájania susedov

- Predpokladáme, že vzdialenosti $D_{i,j}$ skutočne zodpovedajú vzdialenostiam v strome (**aditivita**)



	glum	hobit	človek	elf	ork
glum	0	5	9	15	16
hobit	5	0	8	14	15
človek	9	8	0	16	17
elf	15	14	16	0	3
ork	16	15	17	3	0

$$D_{\text{hobit}, \text{človek}} = 2 + 1 + 5 = 8$$

Idea spájania susedov

- Predpokladáme, že vzdialenosti $D_{i,j}$ skutočne zodpovedajú vzdialenostiam v strome (**aditivita**)
- Nájdeme dva listy i a j , o ktorých vieme **s určitou povedať**, že majú vo výslednom strome spoločného otca
- i a j spojíme a nahradíme ich ich otcom k s novými vzdialenosťami:

$$D_{k,\ell} = \frac{D_{i,\ell} + D_{j,\ell} - D_{i,j}}{2}$$

Ako určiť dva listy na spájanie?

(Prečo nie dva najbližšie?)

minimalizujú nasledujúci výraz:

$$L_{i,j} = (m - 2)D_{i,j} - \underbrace{\sum_{k \neq i} D_{i,k}}_{r_i} - \underbrace{\sum_{k \neq j} D_{j,k}}_{r_j}$$

m : počet listov

Spájame listy i, j , ktoré minimalizujú nasledujúci výraz:

$$L_{i,j} = (m - 2)D_{i,j} - \underbrace{\sum_{k \neq i} D_{i,k}}_{r_i} - \underbrace{\sum_{k \neq j} D_{j,k}}_{r_j}$$

D							L							nové D						
	g	h	č	e	o	r_i		g	h	č	e	o			g	h	č	eo		
g	0	5	9	15	16	45	g	.	-72	-68	-58	-48		g	0	5	9	14		
h	5	0	8	14	15	42	h	-72	.	-68	-48	-48		h	5	0	8	13		
č	9	8	0	16	17	50	č	-68	-68	.	-50	-50		č	9	8	0	15		
e	15	14	16	0	3	48	e	-58	-48	-50	.	-90		eo	14	13	15	0		
o	16	15	17	3	0	51	o	-48	-48	-50	-90	.								

Časová zložitosť spájania susedov: $O(m^3)$ (m : počet listov)

Spájanie susedov: zhrnutie

- Ak je vstupná matica aditívna a zodpovedá skutočným evolučným vzdialenostiam, spájanie susedov nám dá správny strom
- Čím dlhšie sekvencie, tým spoľahlivejší odhad vzdialenosti a tým väčšia šanca dostať správny strom
- Ako však prejdeme od sekvencií k odhadu vzdialenosti?

Len počítanie rozdielov nestačí

človek	C	A	G	T	T	A
elf	A	A	T	A	G	A
Glum	C	C	G	A	G	A
hobit	C	C	G	T	T	C
ork	A	A	T	T	T	A

	Č	E	G	H	O
človek	0	4	3	2	2
elf	4	0	3	6	2
Glum	3	3	0	3	5
hobit	2	6	3	0	4
ork	2	2	5	4	0

Problém so vzdialenosťami

- Počas evolúcie sa môže stať, že tá istá báza zmutuje **viackrát** (trebárs aj späť na pôvodnú bázu)
- Pri počítaní rozdielov ale vidíme nanajvýš jednu zmenu na každej pozícii $\Rightarrow$ odhad vzdialenosti menší ako v skutočnosti
- Chceme korekciu na odhadovaný počet mutácií, ktoré sa naozaj stali

Jukesov-Cantorov model evolúcie

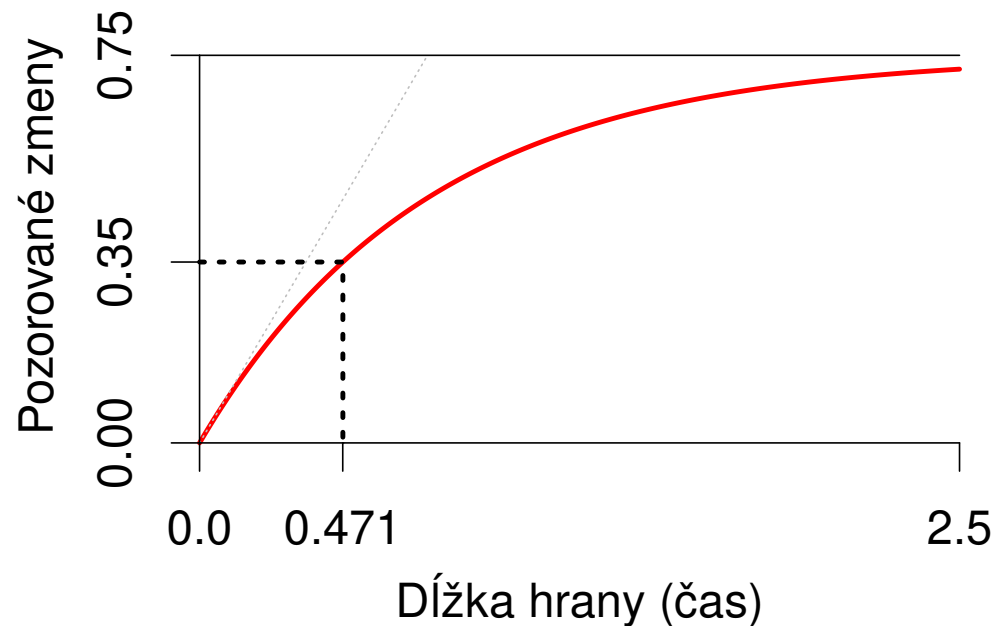
Pravdepodobnosť zmeny bázy na inú:

$$\Pr(X_{t_0+t} = C \mid X_{t_0} = A) = \frac{1}{4}(1 - e^{-\frac{4}{3}\alpha t})$$

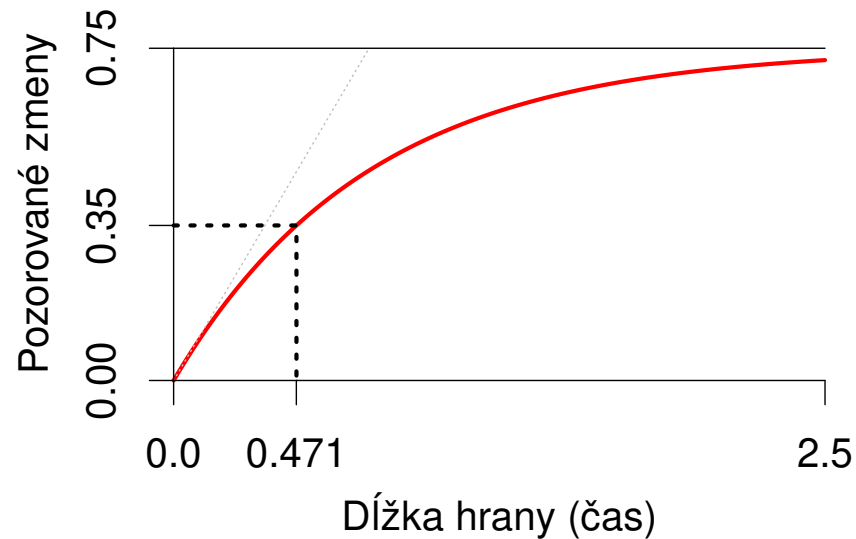
α : rýchlosť evolúcie (počet substitúcií na jednotku času)

Očakávaný počet pozorovaných zmien na bázu za čas t :

$$D(t) = \Pr(X_{t_0+t} \neq X_{t_0}) = \frac{3}{4}(1 - e^{-\frac{4}{3}\alpha t})$$



Späť ku spájaniu susedov (Neighbor Joining)



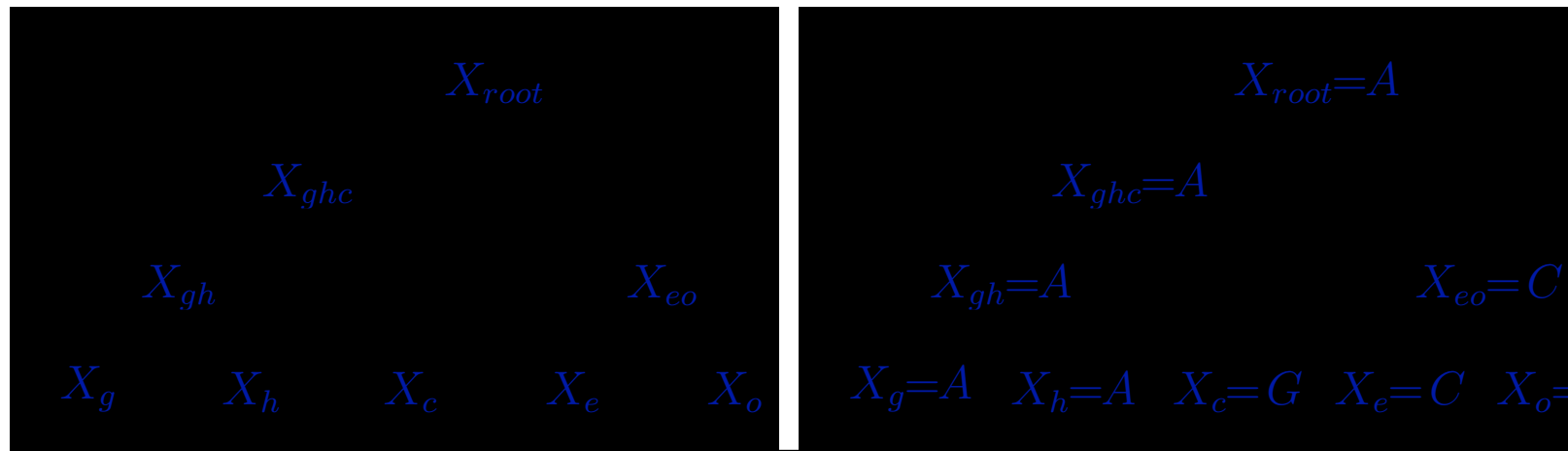
- Podľa takéhoto modelu môžeme korigovať pozorované vzdialenosti

$$D = \frac{3}{4}(1 - e^{-\frac{4}{3}\alpha t}) \quad \Rightarrow \quad \alpha t = -\frac{3}{4} \ln(1 - \frac{4}{3}D)$$

- Nabudúce uvidíme aj zložitejšie modely evolúcie

Najvierohodnejšie stromy (Maximum likelihood)

Strom s danými dĺžkami hrán môžeme chápať
ako **jednoduchý generatívny model**

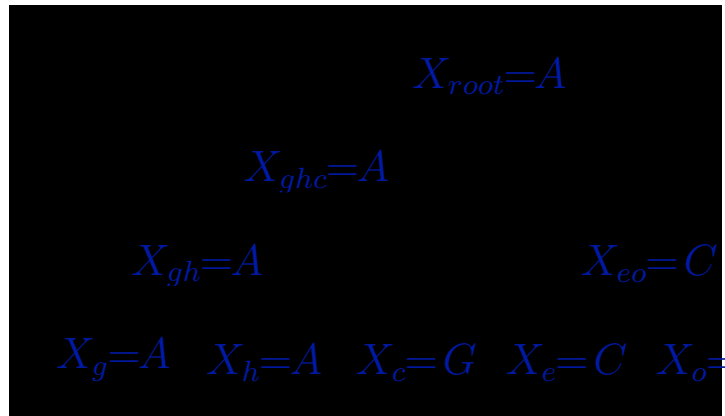


Pravdepodobnosť, že vygeneruje konkrétne bázy vo vrchoch:

$$\begin{aligned} & \Pr(X_g = A, X_h = A, X_c = G, X_e = C, X_o = C, X_{gh} = A, \\ & X_{ghc} = A, X_{eo} = C, X_{root} = A) \\ &= \Pr(X_{root} = A) \cdot \Pr(A \mid A, t_1) \cdot \Pr(C \mid A, t_2) \cdot \Pr(A \mid A, t_3) \cdot \\ & \Pr(G \mid A, t_4) \cdot \Pr(A \mid A, t_5) \cdot \Pr(A \mid A, t_6) \cdot \Pr(C \mid C, t_7) \cdot \Pr(C \mid C, t_8) \end{aligned}$$

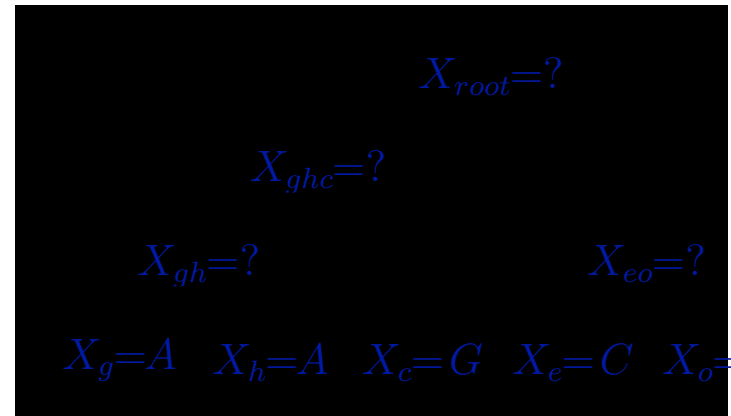
$\Pr(C \mid A, t_2)$ je skratka za $\Pr(X_{eo} = C \mid X_{root} = A)$, J.-C. model

Vieme počítať (súčin):



Chceme počítať

vierohodnosť stromu:



Vierohodnosť (likelihood) stromu:

$$\Pr(X_g = A, X_h = A, X_c = G, X_e = C, X_o = C)$$

sčítame pravdepodobnosti pre všetky kombinácie písmen v predkoch X_{gh} , X_{ghc} , X_{eo} , X_{root}

Rátame pomocou **Felsensteinovho algoritmu**

(jednoduché dynamické programovanie, podobne ako pre úspornosť)

Pre dané zarovnanie, strom a dĺžky hrán
spočíta vierohodnosť v čase $O(nm)$

Ako nájsť najvierohodnejší strom?

- Problém je NP-ťažký ;
navyše komplikovaný tým, že na výpočet vierohodnosti **potrebujeme aj dĺžky hrán**
- Opäť použijeme heuristické vyhľadávanie:
 - Začneme s “rozumným” stromom
 - Vypočítame vierohodnosť tohto stromu:
 - * Začneme s “rozumnými” dĺžkami hrán
 - * Vypočítame vierohodnosť stromu s dĺžkami
 - * Mierne zmeníme dĺžky tak, aby sa zlepšila vierohodnosť a opakujeme
 - Pomocou stanovených operácií (ako v prípade parsimony) skúšame “podobné” stromy, až kým nevieme zlepšiť

Výhody a nevýhody hľadania najvieryhodnejších stromov

- (+) v porovnaní s úspornými stromami: **konzistentné kritérium**
- (+) v porovnaní so spájaním susedov: využíva všetku informáciu obsiahnutú v zarovnaní, nie len vzdialenosti (rýchlejšie konverguje)
- (—) NP-ťažký problém
- (—) potenciálne pomalé a neoptimálne vyhľadávanie

“Správnosť” fylogenetických algoritmov: Konzistentnosť

- “Rozumne” správajúce sa algoritmy: ak množstvo dát (n) rastie, ich odpoveď by sa mala približovať ku správnej odpovedi.
- Hovoríme, že algoritmus pre hľadanie fylogenetického stromu je **konzistentný**, ak v prípade, že n ide do nekonečna, pravdepodobnosť správneho stromu konverguje k 1.

Porovnanie algoritmov

	Zložitosť	Konzistentný	Využitie dát
Parsimony (úspornosť)	NP-ťažký	NIE	celé sekvencie
Neighbor Joining	$O(m^3)$	ÁNO	iba vzdialenosti
Likelihood (vierohodnosť)	NP-ťažký	ÁNO	celé sekvencie

Odkiaľ zohnať dáta pre fylogenetiku?

Často sa používajú špeciálne sekvencie
(napr. gény ribozomálnej RNA, mitochondriálny genóm)

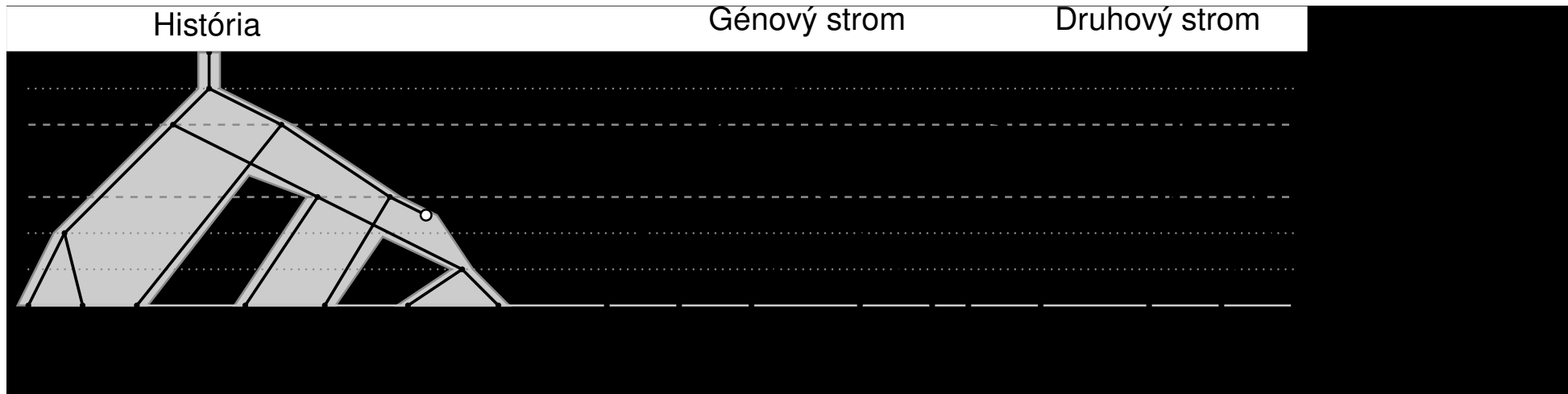
Chceme využiť aj ďalšie časti genómu. Čo tak:

- Vybrať si sympatický gén
- Nájsť jeho homológy v iných genómoch
- Použiť tieto na konštrukciu fylogenetického stromu
(DNA sekvencie alebo proteíny)

Problém: počas evolúcie sa časť genómu s vybraným génom mohla duplikovať

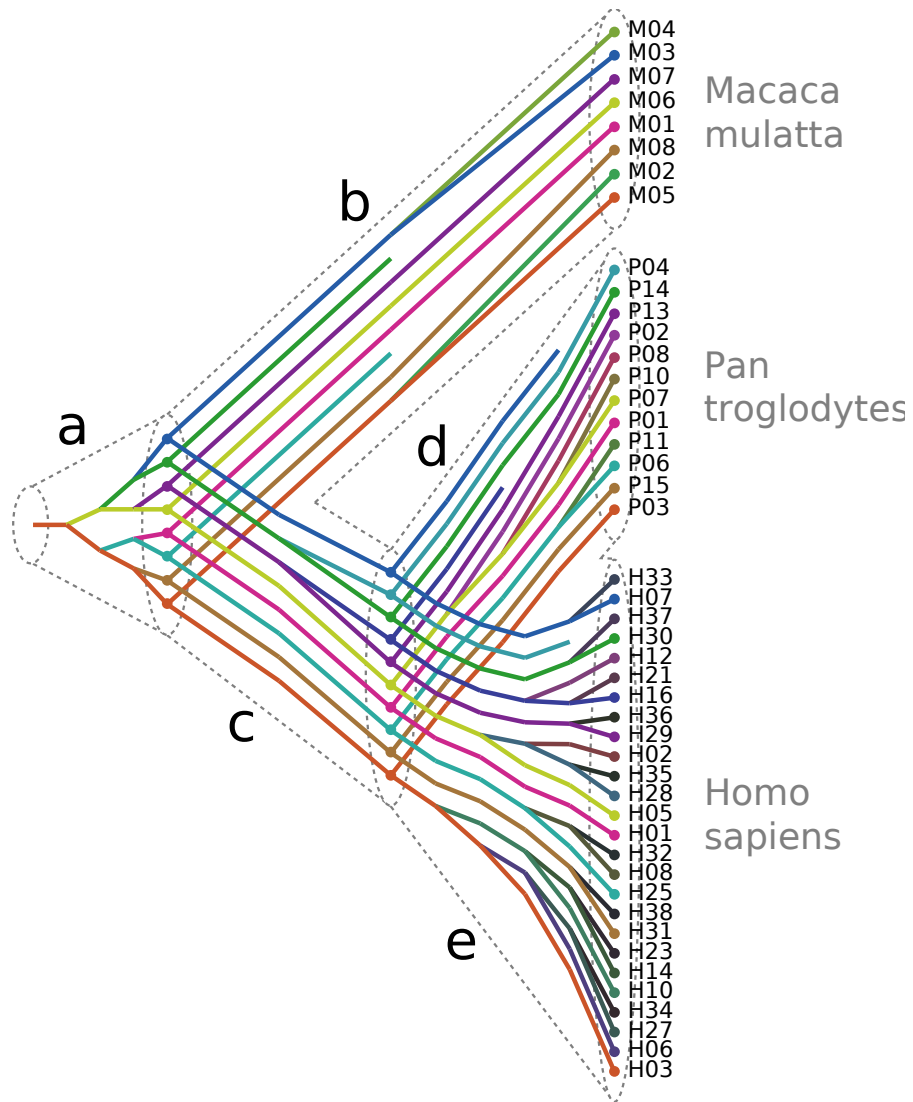
História duplikovaného génu

Príklad: organizmy a, b, c , gény $a_1, a_2, a_3, b_1, b_2, c_1, c_2$



- **Homológ:** vyvinuli sa zo spoločného predka, podobná sekvencia
- **Ortológ:** najbližší spoločný predok je speciácia
(napr. dvojice génov $a_1 - b_1, a_2 - b_1$)
- **Paralóg:** najbližší spoločný predok je duplikácia
(napr. dvojice génov $a_1 - a_2, a_1 - b_2$)

Zložitejší príklad duplikácie génu:



Zhrnutie

- Modely evolúcie nukleotidov nám dávajú možnosť:
 - Odhadovať skutočnú evolučnú vzdialenosť (počet substitúcií) z počtu pozorovaných zmien medzi sekvenciami
 - Počítať pravdepodobnosť, že uvidíme zmenu nukleotidu za určitý čas t
- Tri metódy na vytváranie evolučných stromov:
 - Úsporné stromy (parsimony)
 - Spájanie susedov (neighbour joining)
 - Vierohodnosť stromov (maximum likelihood)
- Génové a druhové stromy; komplikácie pri vytváraní stromov

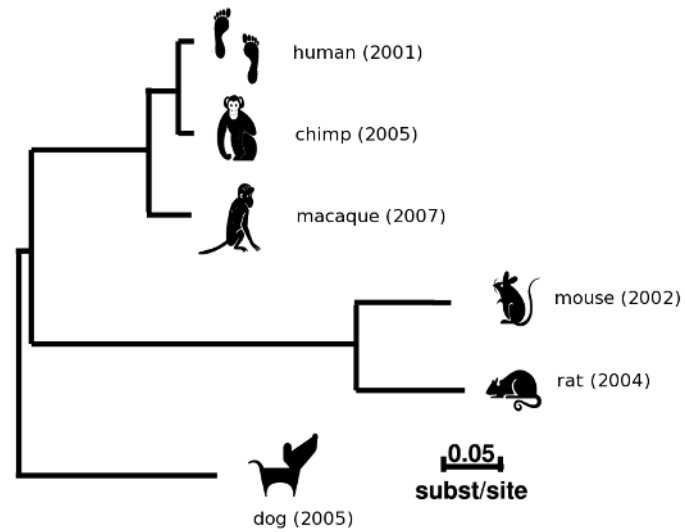
Organizačné poznámky

- Domáca úloha 1 do utorka 8.11. 22:00
Otázky k zadaniu na MS Teams, k riešeniam emailom B. Brejovej
Odovzdávanie pdf v Moodle
- Nezabudnite na **prvé stretnutie** ohľadom journal clubu
(najneskôr 22.11., osobne alebo cez MS Teams).
Po stretnutí napíšte krátku správu do kanálu skupiny
(kto sa zúčastnil, čo sa dohodlo, či sú nejaké problémy, stačí pár viet)

Komparatívna genomika

Tomáš Vinař

3.11.2022



Komparatívna genomika

- Štúdium evolúcie genómov
 - Mutácie jednotlivých báz DNA (táto prednáška)
 - Krátke inzercie a delécie
 - Väčšie udalosti: prestavby genómu, duplikácie
- Typy mutácií:
 - Neutrálne
 - Škodlivé (deleterious)
 - ⇒ **Purifikačný výber (purifying selection)**
 - Prospešné (advantageous)
 - ⇒ **Pozitívny výber (positive selection)**
- Na základe porovnávania genómov chceme nájsť oblasti s nezvyčajnou evolučnou históriou (zachovávanie dôležitých funkcií, vývoj nových funkcií)

Komparatívna genomika

- Zostavíme viacnásobné zarovnanie genómov
(zarovnané miesta by mali pochádzať z tej istej sekvencie spoločného predka)

```
Human AGTGGCTGCCAGGCTG---GGATGCTGAGGCCTTGTTTGCAGGGAGGT
Rhesus AGTGGCTGCCAGGCTG---GGTTGCTGAGGCCTTGTTTGCCGGGAGGT
Mouse  GGTGGCTGCCGGGCTG---GGTGGCTGAGGCCTTGTTGGTGGGGTGGT
Dog     AGTGGCTGCCCCGGCTG---GGTGGCTGAGGCCTTATTTGCAGGGAGGT
Horse   GATGGCTGCCGGGCTG---GGCTGCCGAGGCCTTGTTTCGTGGGGAGGT
Armadillo AGTGGCTGCCGGGCTG---GGAGGCCAAGGCCTTGTTTCGCGGGCAGGT
Chicken AGTGGCTGCCAGTCTGCGCCGTGGCCGACGTCTTGCTCGGGGGAAGGT
X. trop AATGGCTTCCATTTTGTGCCGCTGCTGAGGTCTTGTTCTGGGGAAGAT
```

- **Metódy:** Kombinujeme techniky na anotáciu (HMM) a pravdepodobnostné modely evolúcie

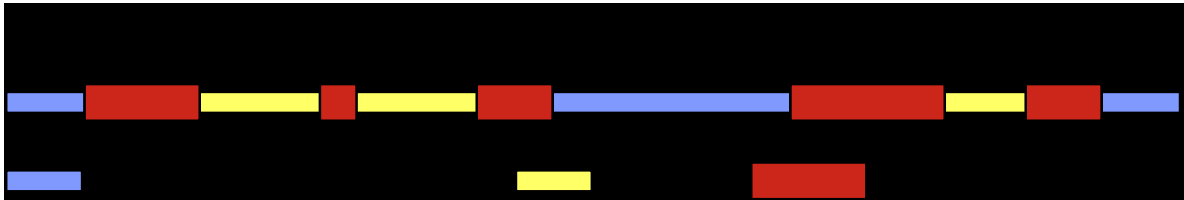
Príklad 1: Hľadanie funkčných oblastí sekvencií

Dôsledky purifikačného výberu:

- Funkčné časti sekvencie zostávajú zachované, menia sa pomalšie
- Nefunkčné sekvencie sa vyvíjajú rýchlejším tempom
- **Príklad:** gény kódujúce proteíny, porovnanie človek myš
 - kódujúce časti: 85% zhoda (zarovnanie na 98% dĺžky)
 - intróny: 69% zhoda (zarovnanie na 48% dĺžky)
- **Úloha:** Hľadáme **nadmerne dobre zachované sekvencie**
- Veľká časť bude zodpovedať známym funkčným elementom (kódujúce gény, regulačné regióny, a pod.)
- Zachované sekvencie ktoré sa neprekrývajú so známymi funkčnými elementami: zaujímavé objekty pre výskum

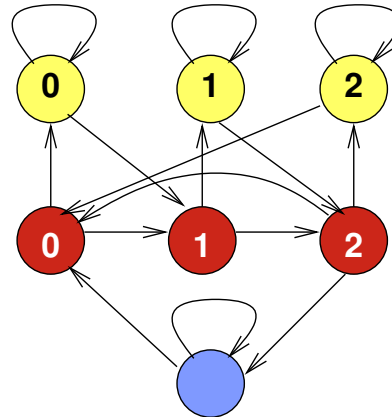
Opakovanie: hľadanie génov

Úlohou je nájsť polohu génov v genóme a ich exónovú štruktúru.



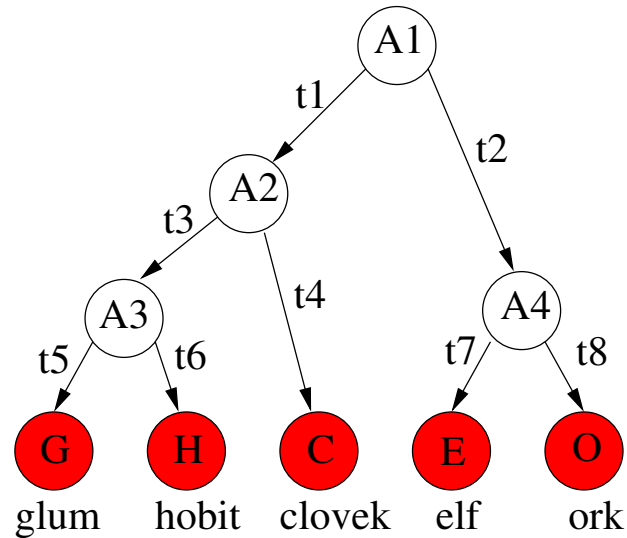
Vytvoríme skrytý Markovovský model (HMM), ktorý vie generovať sekvencie a ich anotácie podobné skutočným.

Pýtame sa, ktorá anotácia je najpravdepodobnejší pár k danej sekvencii.



Opakovanie: pravdepodobnostné modely evolúcie

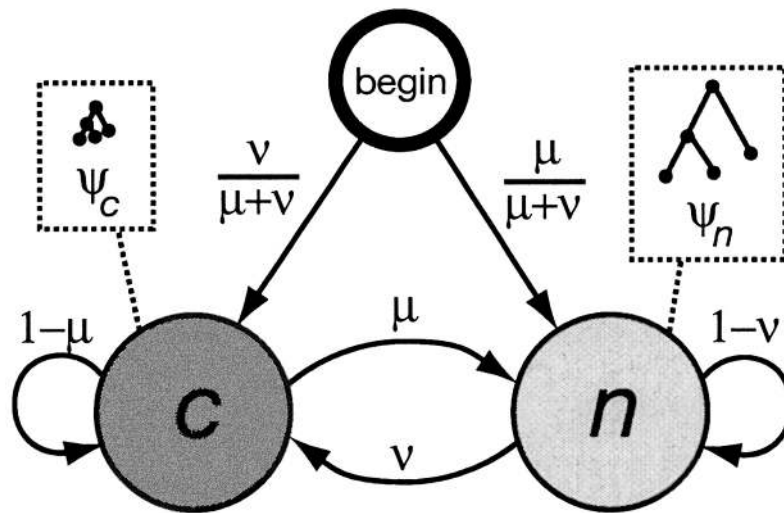
- Strom môžeme chápať ako **jednoduchý generatívny model**



- Pre hranu z Y do X dĺžky t možno pravdepodobnosť mutácie spočítať použitím evolučného modelu, napr. Jukes-Cantor:
$$\Pr(X = C \mid Y = A, t) = \frac{1}{4}(1 - e^{-\frac{4}{3}\alpha t})$$
- Pre celý strom $\Pr(G, H, C, E, O, A1, \dots, A4) = \Pr(A1) \cdot \Pr(A2 \mid A1, t_1) \cdot \Pr(A4 \mid A1, t_2) \cdot \Pr(A3 \mid A2, t_3) \cdot \Pr(G \mid A3, t_5) \cdot \Pr(H \mid A3, t_6) \cdot \Pr(C \mid A2, t_4) \cdot \Pr(E \mid A4, t_7) \cdot \Pr(O \mid A4, t_8)$

PhastCons: detekcia dobre zachovaných sekvencií

Fylogenetické HMM: kombinácia HMM a fylogenetického stromu.



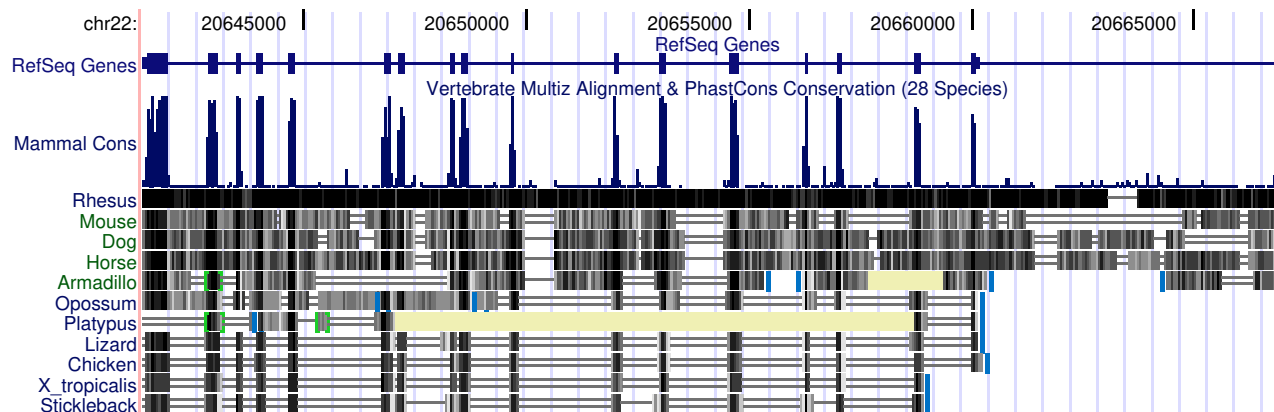
- Dva stavy: zachovaná sekv., neutrálna sekv.
- V každom stave generujeme celý stĺpec zarovnania
- Zachovaná sekvencia má kratšie hrany stromu, teda menšia divergencia sekvencií

x =

TCGCGACATATACGA...
TTGGGGGCATGTGGGT...
AGCAGACGTCCGCAA...

Použitie fylogenetického HMM

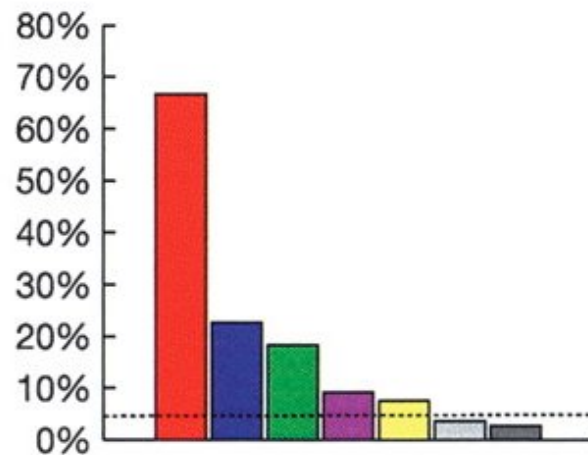
- Model určuje rozdelenie pravdepodobnosti cez zarovnanie a anotácie (tu: anotácia = označenie zachovaných sekvencií)
- Pre dané zarovnanie hľadáme najpravdepodobnejšiu anotáciu
- Kombinácia Viterbiho a Felsensteinovho algoritmu



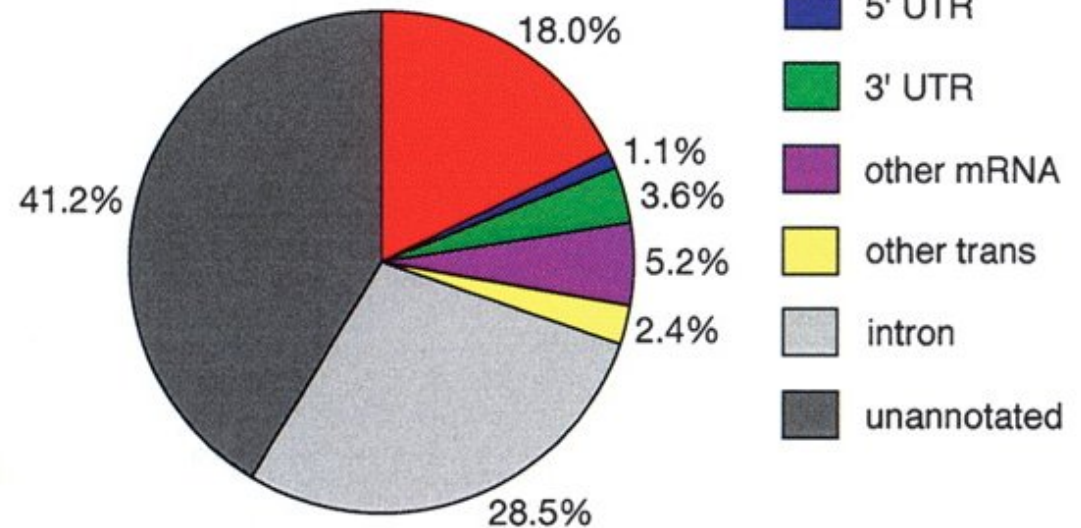
Výsledky celogenómovej aplikácie PhastCons-u

Zarovnania genómov človeka, myši, sliepky, fugu

Coverage of Annotation
Types by Conserved Elements



Composition of Conserved
Elements by Annotation Type



Fylogenetické HMM pre hľadanie génov

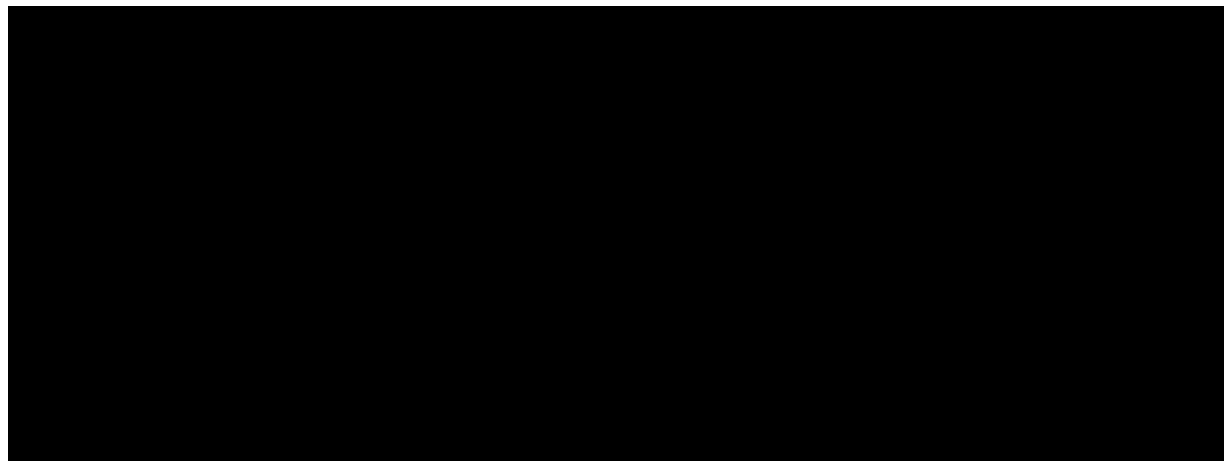
- Použijeme stavy z hľadača génov
- Pre každý stav máme evolučný model
(maticu rýchlostí, dĺžky hrán)
- Trojperiodickosť frekvencií mutácií pomáha nájsť gény

Ako veľmi pomôžu zarovnanie zlepšiť presnosť

Program	Exóny		Gény	
	sn	sp	sn	sp
AUGUSTUS (1 genóm)	52%	63%	24%	17%
NSCAN (zarovnanie)	68%	82%	35%	37%

Guigo et al 2006, evaluácia na 1% ľudského genómu

Genetický kód



, CTA, CTG

G
, AGT, AGC
G

CG

Príklad 2: Hľadanie génov pod vplyvom pozitívneho výberu

- **Pozitívny výber** = proces, ktorým sa v genóme ustália **prospešné mutácie**
- Neobvykle vysoké množstvo mutácií, ktoré by mohli súvisieť so zmenou funkcie
- V rámci génov, ktoré kódujú proteíny:
 - **Synonymné mutácie** nemenia zakódovanú aminokyselinu
napr. ACA (Thr) $\Rightarrow$ ACT (Thr)
 - **Nesynonymné mutácie** menia zakódovanú aminokyselinu
napr. ACA (Thr) $\Rightarrow$ AAA (Lys)
- Vytvoríme pravdepodobnostný model evolúcie, ktorý bude rozlišovať synonymné a nesynonymné mutácie $\Rightarrow$ identifikácia sekvencií s neobvykle vysokým podielom nesynonymných mutácií

Od Jukes-Cantorovho modelu ku všeobecnejším modelom mutácií

- Jukes-Cantor predpokladá, že každá mutácia rovnako pravdepodobná
- Všeobecnejší model:
zavedieme μ_{xy} **rýchlosť substitúcie** z bázy x na bázu y
- Matica rýchlostí (substitution rate matrix)

$$\begin{pmatrix} -\mu_A & \mu_{AC} & \mu_{AG} & \mu_{AT} \\ \mu_{CA} & -\mu_C & \mu_{CG} & \mu_{CT} \\ \mu_{GA} & \mu_{GC} & -\mu_G & \mu_{GT} \\ \mu_{TA} & \mu_{TC} & \mu_{TG} & -\mu_T \end{pmatrix}$$

Pre daný čas t , môžeme vypočítať pravdepodobnosť každej substitúcie z bázy x na bázu y (**transition probabilities**): $\Pr(y = C \mid x = A, t)$

Znižovanie počtu parametrov — HKY matica

Hasegawa, Kishino a Yano

$$\begin{pmatrix} -\mu_A & \pi_C & \kappa\pi_G & \pi_T \\ \pi_A & -\mu_C & \pi_G & \kappa\pi_T \\ \kappa\pi_A & \pi_C & -\mu_G & \kappa\pi_T \\ \pi_A & \kappa\pi_C & \pi_G & -\mu_T \end{pmatrix} \quad \mu_{x,y} = \begin{cases} \kappa\pi_y & \text{ak } x \Leftrightarrow y \text{ je tranzícia} \\ \pi_y & \text{ak } x \Leftrightarrow y \text{ je transverzia} \end{cases}$$

- **ekvilíbrio:** frekvencie $\pi_A, \pi_C, \pi_G, \pi_T$
- rozlišujeme **tranzície** $C \Leftrightarrow T, A \Leftrightarrow G$ a **transverzie** $\{C, T\} \Leftrightarrow \{A, G\}$
tranzície sú κ krát častejšie (typicky $\kappa \approx 2$)
- Máme iba štyri parametre: $\pi_A, \pi_C, \pi_G, \kappa$
(π_T sa dopočíta do 1)

Substitučný model pre kodóny

Namiesto jednotlivých báz uvažujeme trojice

Rýchosť zmeny z kodónu i na kodón j :

$$\mu_{i,j} = \begin{cases} 0, & \text{ak sa } i, j \text{ líšia na } > 1 \text{ pozíciách,} \\ \kappa\pi_j, & \text{synonymné tranzície,} \\ \pi_j, & \text{synonymné transverzie,} \\ \omega\pi_j, & \text{nesynonymné tranzície,} \\ \omega\kappa\pi_j, & \text{nesynonymné transverzie.} \end{cases}$$

Príklad: $\mu_{AAC,GGC} = 0$, $\mu_{CTA,CTT} = \pi_{CTT}$, $\mu_{CTA,CCA} = \omega\kappa\pi_{CCA}$

Parametre: Frekvencie kodónov π_j , ω , κ

neutrálna evolúcia $\omega = 1$, pozitívny výber $\omega > 1$,

purifikačný výber $\omega < 1$

Aplikácia kodónového substitučného modelu

	F	V	I	H	D	S	E	G	D	G	E	C	M	Q	E
človek	TTT	GTG	ATC	CAC	GAC	TCC	GAG	GGG	GAC	GGC	GAG	TGC	ATG	CAG	GAG
kosmáč	TTT	GTG	ATC	CAC	GAG	AAC	AAC	AAG	GAC	GGC	GAG	TGC	ATG	CAG	GAT
	F	V	I	H	E	N	N	K	D	G	E	C	M	Q	D

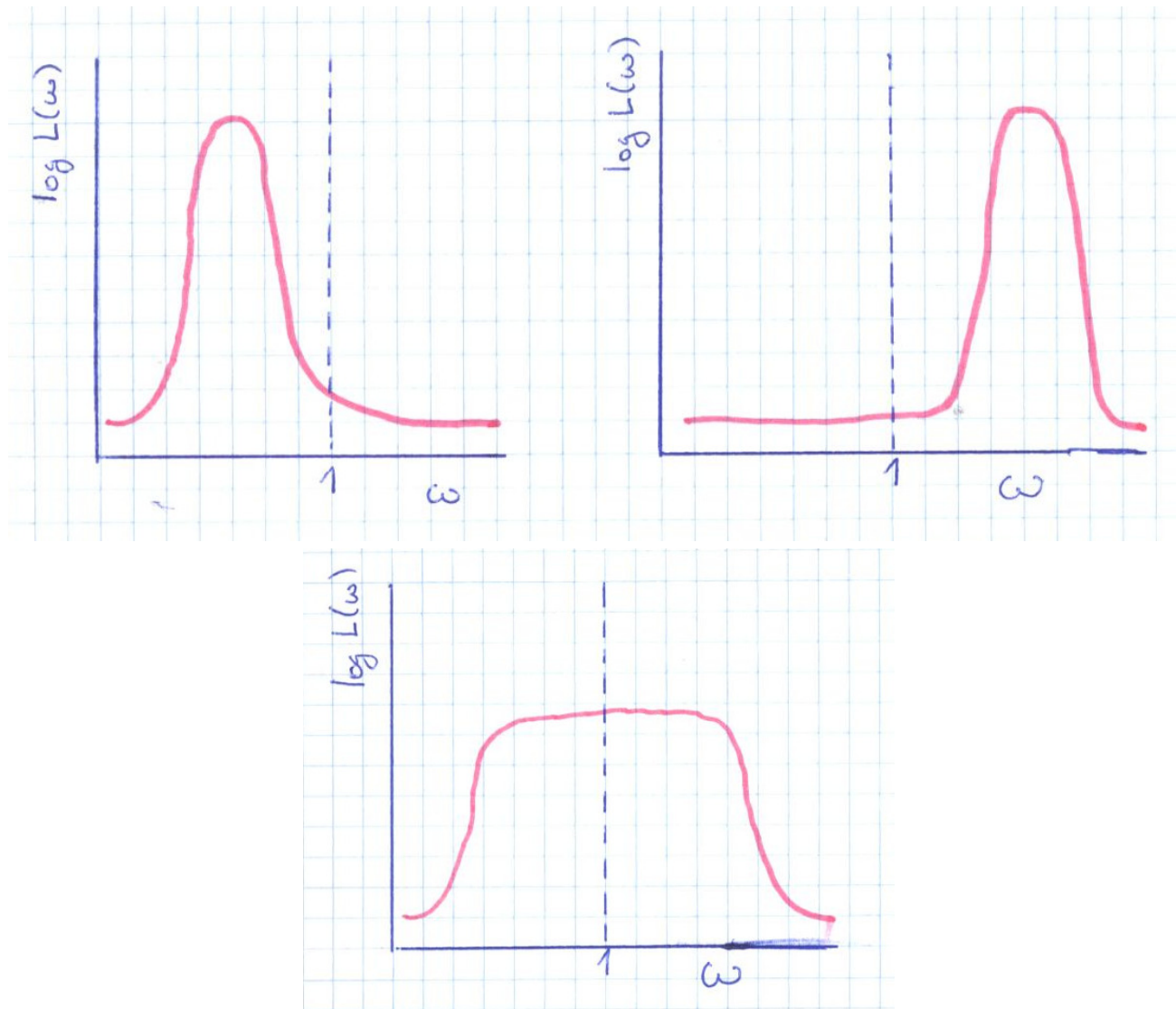
- Na základe celých genómov môžeme odhadnúť základné parametre modelu

π_*, κ

- Pre dané ω a t vieme spočítať vierohodnosť

$$L(\omega, t) = \Pr(C, K \mid \omega, t)$$

- Sledujeme, ako sa mení $L(\omega) = \max_t L(\omega, t)$ pre rôzne hodnoty ω



Test pomerov vierohodností (Likelihood-ratio test)

- $L(\omega)$ môže byť najväčšie pre $\omega > 1$,
ale môže to byť spôsobené len štatistickou variáciou v dátach
 $\Rightarrow$ potrebujeme štatistický test
- Spočítame vierohodnosť $L_A = \max_{\omega < 1} L(\omega)$
- Spočítame vierohodnosť $L_B = \max_{\omega} L(\omega)$ (bez obmedzenia ω)
- Vždy platí $L_B \geq L_A$
- Ak skutočné $\omega < 1$, $L_A \approx L_B$ (nulová hypotéza)
 nás zaujímajú prípady $L_B \gg L_A$
 $\Rightarrow$ gén pod vplyvom pozitívneho výberu (alt. hypotéza)

Za predpokladu, že $\omega < 1$, platí $2 \log(L_B/L_A) \approx \chi_1^2$

$\Rightarrow$ možno priradiť P-hodnotu nulovej hypotéze $\omega < 1$

Hľadanie génov pod vplyvom pozitívneho výberu: Zhrnutie

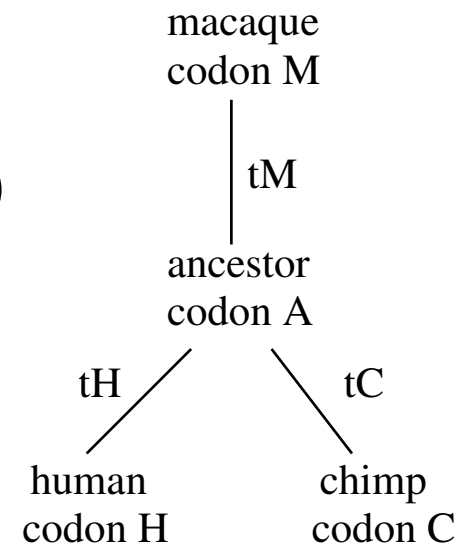
- Nájdeme zarovnanie toho istého génu z dvoch organizmov (na úrovni kodónov)
- Odhadneme základné parametre kodónového modelu na základe porovnania celých genómov
- Parameter ω modeluje selekciu
- Spočítame vierohodnosť $L_A = \max_{\omega < 1} L(\omega)$
a vierohodnosť $L_B = \max_{\omega} L(\omega)$
- Na základe štatistiky $2 \log(L_B/L_A)$ priradíme P-hodnotu nulovej hypotéze $\omega < 1$
- Gény s malou P-hodnotou sú pod vplyvom pozitívneho výberu

“Jednoducho” rozšíriteľné na porovnanie viacerých organizmov

$$\Pr(A, H, C, M \mid \omega, t_H, t_C, t_M) = \pi_A \cdot \Pr(H \mid A, t_H) \cdot \Pr(C \mid A, t_C) \cdot \Pr(M \mid A, t_M)$$

Zbavíme sa ancestrálnych sekvencií:

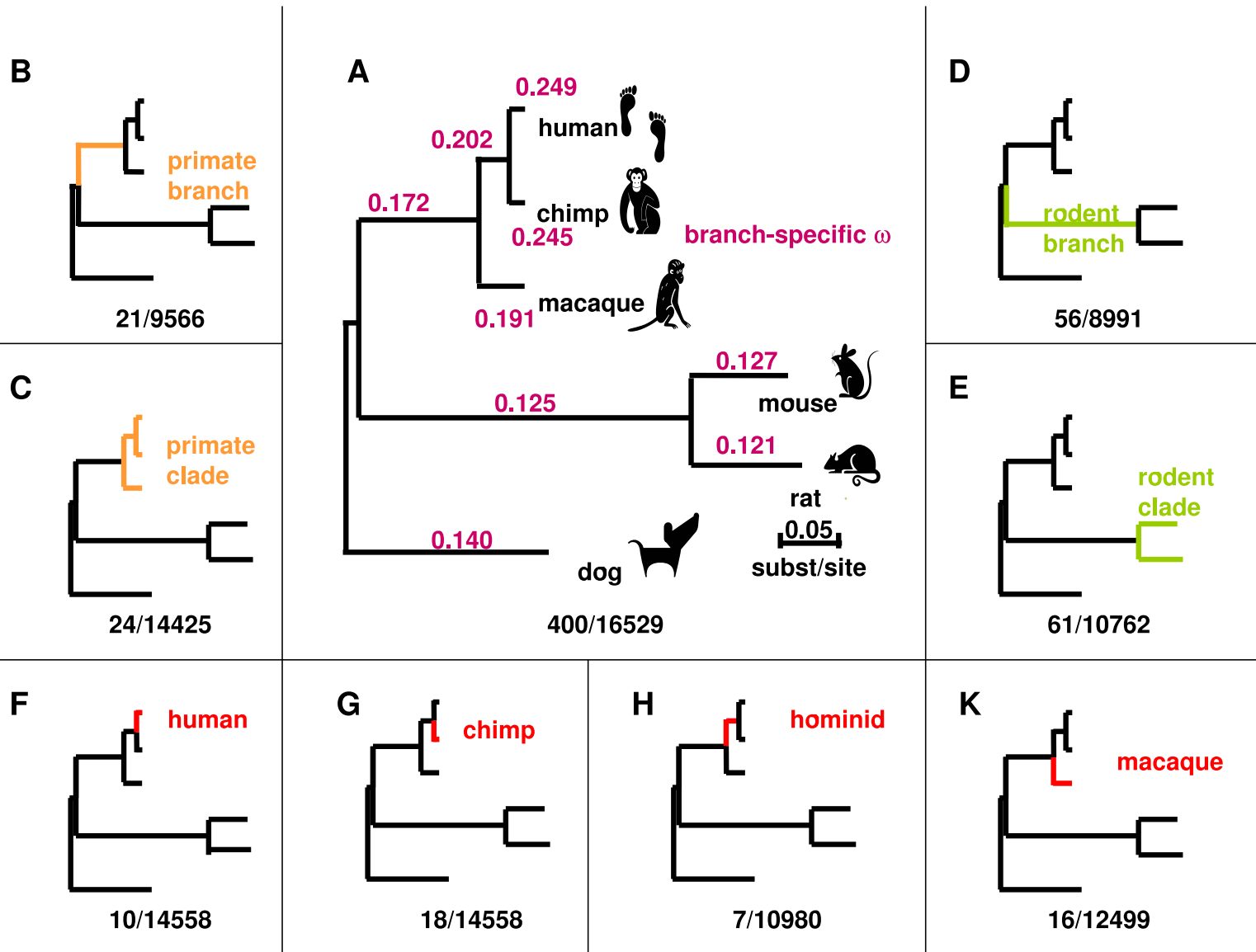
$$\Pr(H, C, M \mid \omega, t_H, t_C, t_M) = \sum_A \Pr(A, H, C, M \mid \omega, t_H, t_C, t_M)$$



Vierohodnosť ω :

$$L(\omega) = \max_{t_H, t_C, t_M} \Pr(H, C, M \mid \omega, t_H, t_C, t_M)$$

- Existuje program PAML, ktorý takúto vierohodnosť počíta
- K dispozícii zložitejšie modely, napr. s meniacim sa ω v rámci génu



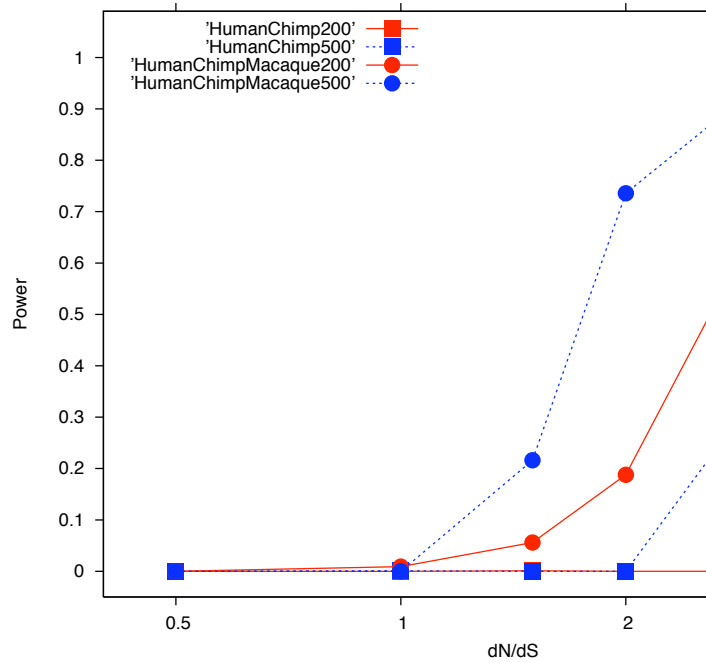
Funkčné kategórie obohatené o gény s pozitívnym výberom

Defense: cellular defense response, antigen processing and presentation, response to virus, response to bacterium

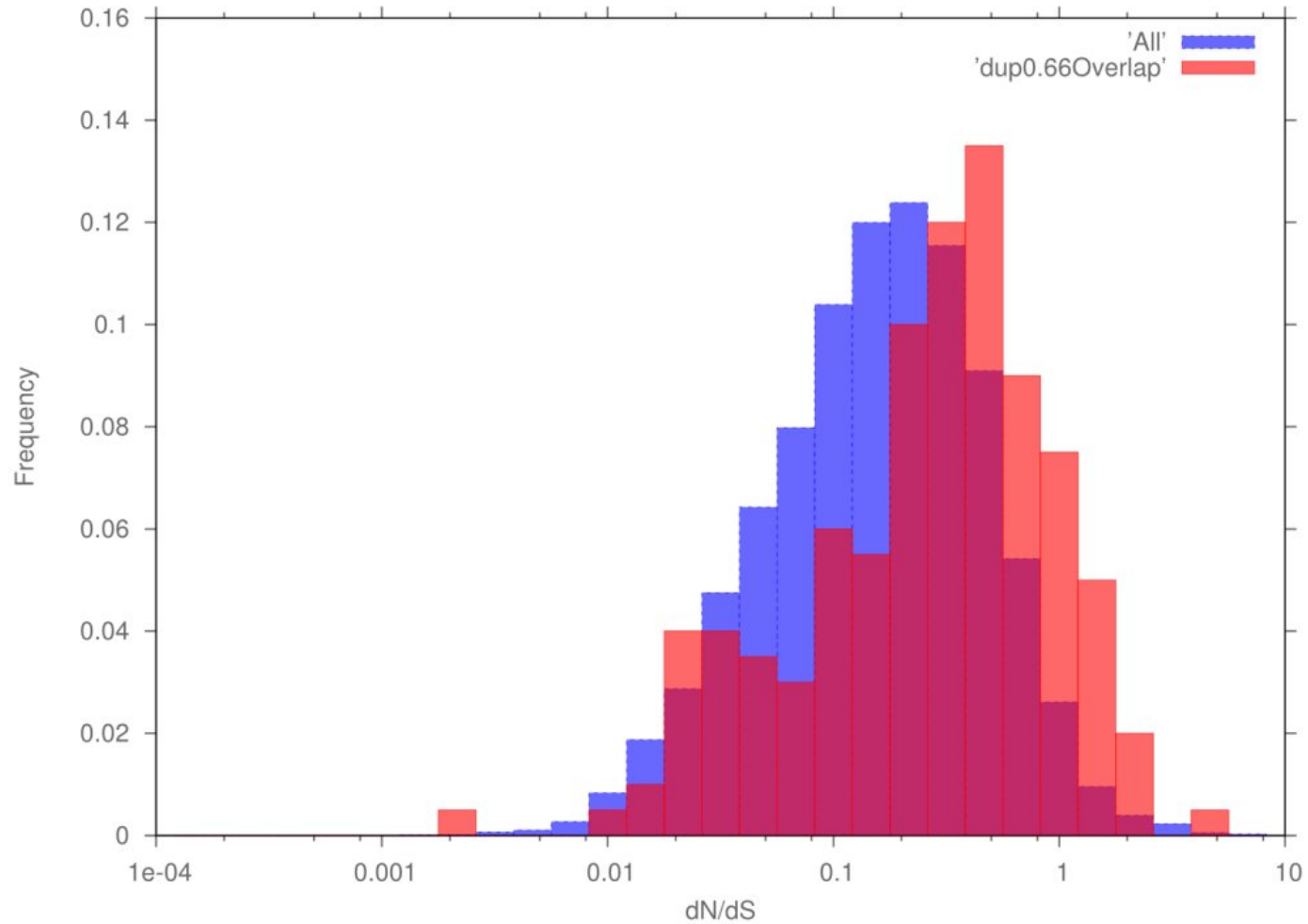
Immunity: adaptive immune response, adaptive immune response somatic recomb, lymphocyte mediated immunity, immunoglobulin mediated immune response, B cell mediated immunity, innate immune response, complement activation alternative pathway, regulation of immune system process, positive regulation of immune response, humoral immune response, complement activation classical pathway, humoral immune response circulating immunoglob, complement activation, activation of plasma proteins acute inflam resp, acute inflammatory response, response to wounding

Sensory perception: sensory perception of taste, G-protein coupled receptor protein signaling pathway, neurological process, sensory perception of chemical stimulus, sensory perception of smell

Viacej genómov pomáha vylepšiť účinnosť testov



Pozitívny výber v duplikovaných génoch



Zhrnutie

- Prirodzený výber má významnú úlohu v evolúcii
- **Purifikačný výber:**
 - Zachované regióny majú s veľkou pravdepodobnosťou nejakú funkciu
 - Pri hľadaní génov berieme do úvahy aj typické mutácie kodónov
- **Pozitívny výber:**
 - Pozitívny výber v génoch sa prejavuje veľkým pomerom nesynonymných zmien (evolúcia na proteínovej úrovni)
 - Zduplikované gény sú častejšie pod vplyvom pozitívneho výberu
 - Poľovačka pokračuje: hľadáme gény spôsobujúce charakteristické črty človeka
- **Metódy:** evolučné modely, fylogenetické HMM, test pomerov vierohodností

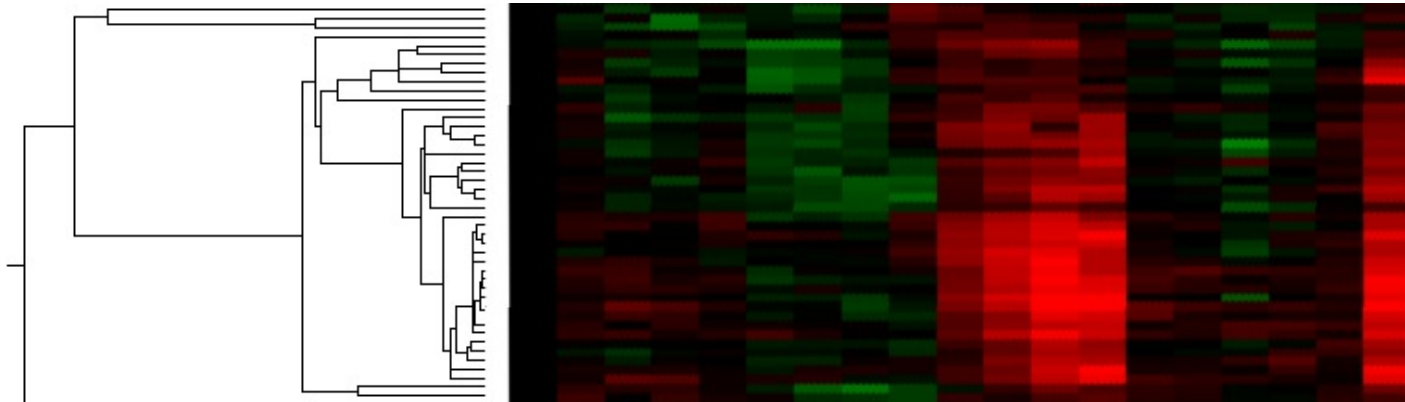
Oznamy

- Body z DÚ 1 budú časom v Moodle
- DÚ 2 bude na stránke, odovzdať do 29.11.
- Stretnutia journal klubu do 22.11.

Regulácia génovej expresie

Broňa Brejová

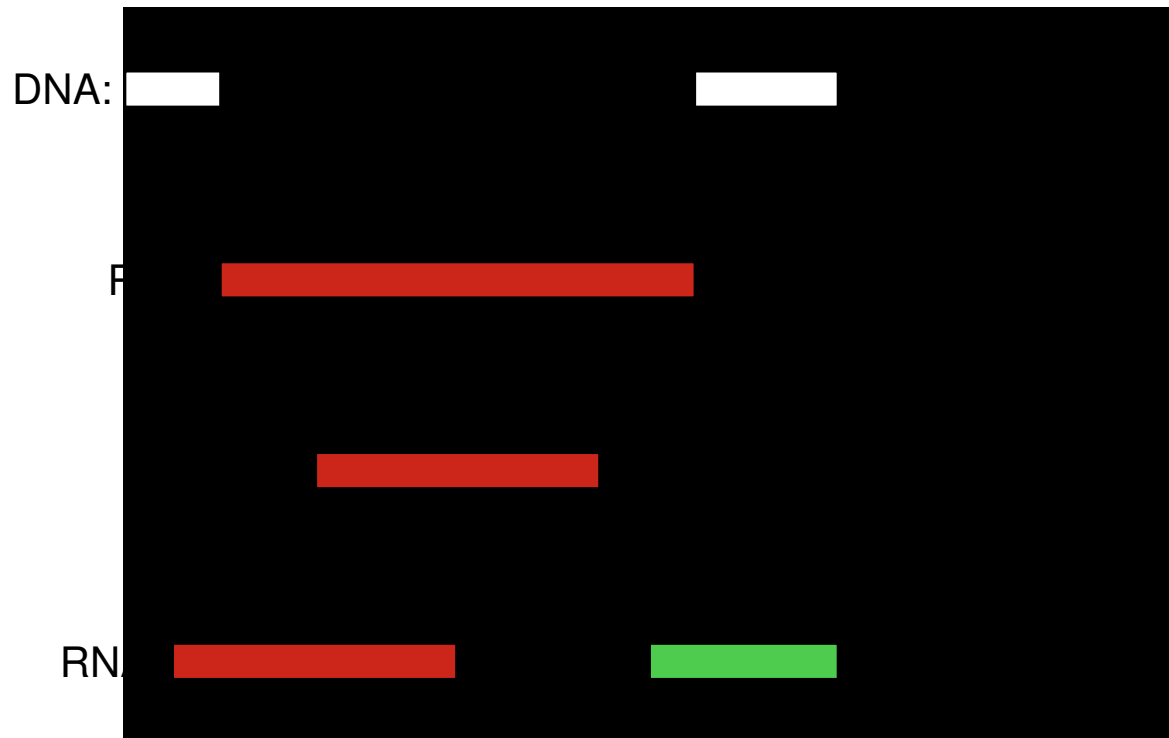
10.11.2022



Aká informácia je uložená v DNA?

Gény: Predpisy na tvorbu proteínov a funkčných RNA molekúl.

Riadenie ich expresie: kedy a koľko sa má tvoriť.



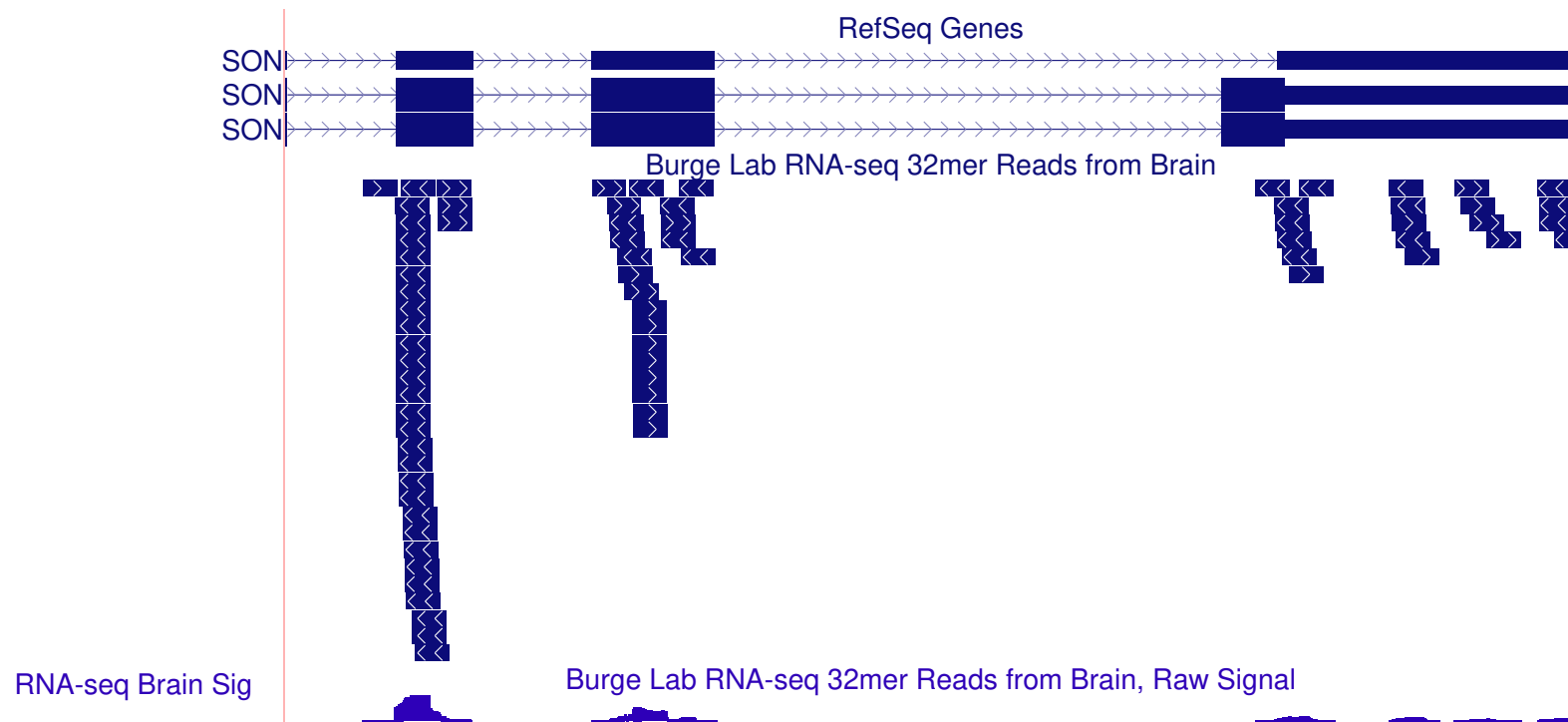
Regulácia na úrovni transkripcie, spracovania, translácie, posttranslačných modifikácií, ...

Ciele

- Zistiť, za akých podmienok je daný gén exprimovaný (súvisí s funkciou génu)
- Ktoré gény ho regulujú
- Detaily regulačného mechanizmu (väzobné miesta, zmeny v množstve expresie, ...)

Technológia: RNA-seq

Sekvenujeme RNA extrahovanú z bunky,
mapujeme na genóm, hĺbka pokrytia zodpovedá úrovni expresie,
opakujeme za rôznych podmienok



Používa sa aj staršia technológia microarray (expression array)

Príklad dát o expresii

Pomer expresie génu v meranej a kontrolnej vzorke fg/bg

	15min	30min	1hod	2hod	4hod	...
W95909	0.72	0.1	0.57	1.08	0.66	
AA045003	1.58	1.05	1.15	1.22	0.54	
AA044605	1.1	0.97	1	0.9	0.67	
W88572	0.97	1	0.85	0.84	0.72	
AA029909	1.21	1.29	1.08	0.89	0.88	
AA059077	1.45	1.44	1.12	1.1	1.15	
...						

Iyer et al 1999 The Transcriptional Program in the Response of Human Fibroblasts to Serum

Fibroblast: bunky generujúce zložky medzibunkovej hmoty

pre delenie potrebujú rastové faktory dodávané ako “fetal bovine serum”

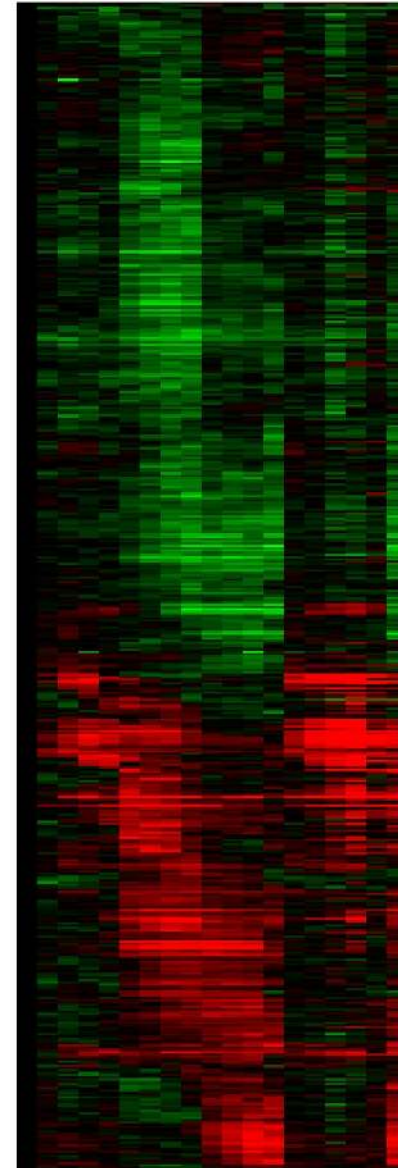
Vizualizácia

Červená: $fg > bg$

Zelená: $fg < bg$

517 génov (z 8600, ktoré boli merané)

19 experimentov



Dnes: iný typ dát

Všetky ostatné prednášky: pracujeme so sekvenciami

- zostavovanie genómov
- zarovnávanie sekvencií
- hľadanie génov
- fylogenetické stromy, populačná a komparatívna genomika
- štruktúra a funkcia proteínov a RNA

Dnes: tabuľka čísel

- typické dáta v štatistike
- možno použiť všeobecné metódy štatistiky, strojového učenia

Prvá sada problémov: predspracovanie dát

- Zarovnávanie čítaní na genóm
- Počet čítaní alebo fragmentov DNA zarovnaných ku každému génu
- Normalizácia, aby sme mali porovnateľné výsledky z rôznych experimentov
- Normalizácia vzhľadom na dĺžku a iné vlastnosti génu

Merania expresie nie veľmi presné, veľa šumu, rôzne zdroje chýb

Jednoduchý výsledok:

zoznam výrazne podexprimovaných / nadexprimovaných génov

napr. $fg / bg > 2$, resp. $fg / bg < 0.5$

často na ďalšiu analýzu používame iba tieto

Zhlukovanie (clustering)

Cieľ: nájsť skupiny génov s podobným profilom expresie.

Ak veľa génov v skupine má rovnakú funkciu,
ďalšie gény asi robia to isté

Meranie podobnosti profilov: napr. Pearsonov korelačný koeficient

Profil génu 1: $x_1, x_2, \dots, x_n$, priemer $\bar{x}$

Profil génu 2: $y_1, y_2, \dots, y_n$, priemer $\bar{y}$

$$C(x, y) = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}}$$

Číslo od -1 do 1, 1 pre lineárne korelované dáta

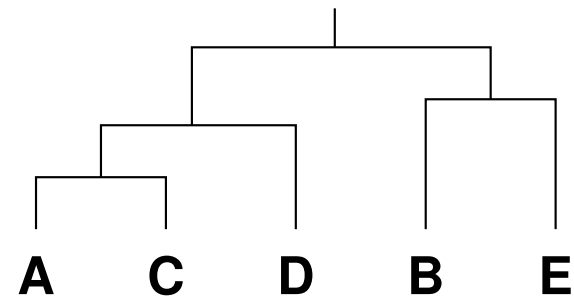
Vzdialenosť $d(x, y) = 1 - C(x, y)$

Aj iné možnosti, napr. Euklidovská vzdialenosť

Hierarchické zhlukovanie

- Podobné na metódu spájania susedov vo fylogenetických stromoch
- Začneme s každým génom v samostatnej skupinke
- Nájdeme dve najbližšie skupinky a spojíme ich do jednej
- Opakujeme, kým nie sú všetky gény spolu
- Vzdialenosť skupiniek: napr. vzdialenosť najbližších génov z jednej a druhej, alebo priemer vzdialeností cez všetky páry
- Výsledkom je strom zobrazujúci postupnosť spájania

	A	B	C	D	E
gén A	0	0.6	0.1	0.3	0.7
gén B	0.6	0	0.5	0.5	0.4
gén C	0.1	0.5	0	0.6	0.6
gén D	0.3	0.5	0.6	0	0.8
gén E	0.7	0.4	0.6	0.8	0



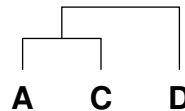
Hierarchické zhlukovanie - príklad

Vzdialenosť skupiniek ako vzdialenosť najbližších génov z jednej a druhej
(single linkage clustering)

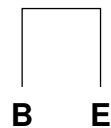
	A	B	C	D	E
gén A	0	0.6	0.1	0.3	0.7
gén B	0.6	0	0.5	0.5	0.4
gén C	0.1	0.5	0	0.6	0.6
gén D	0.3	0.5	0.6	0	0.8
gén E	0.7	0.4	0.6	0.8	0



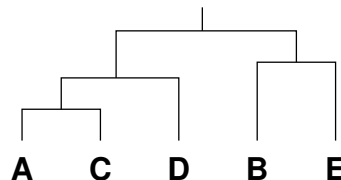
	A+C	B	D	E
A+C	0	0.5	0.3	0.6
B	0.5	0	0.5	0.4
D	0.3	0.5	0	0.8
E	0.6	0.4	0.8	0



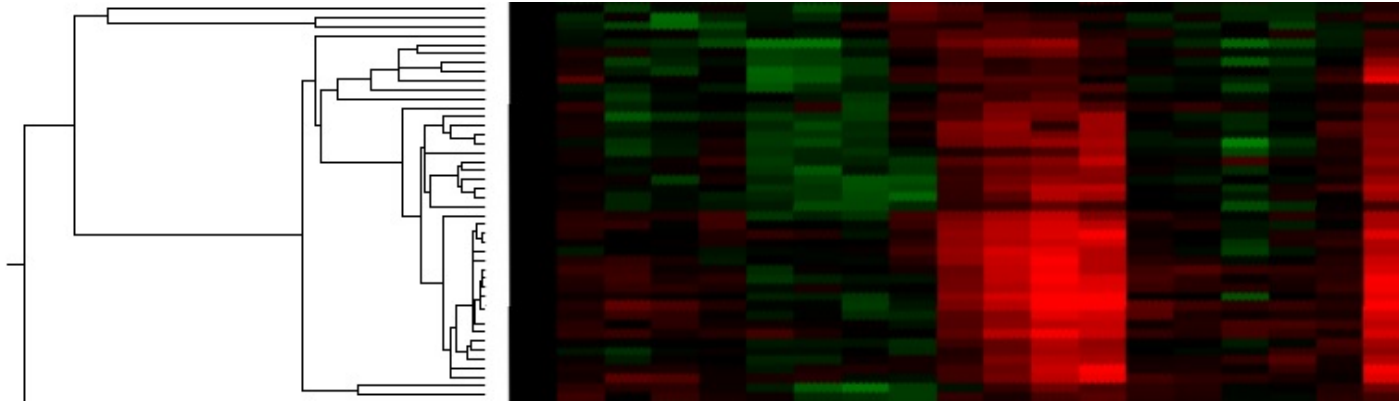
	A+C+D	B	E
A+C+D	0	0.5	0.6
B	0.5	0	0.4
E	0.6	0.4	0



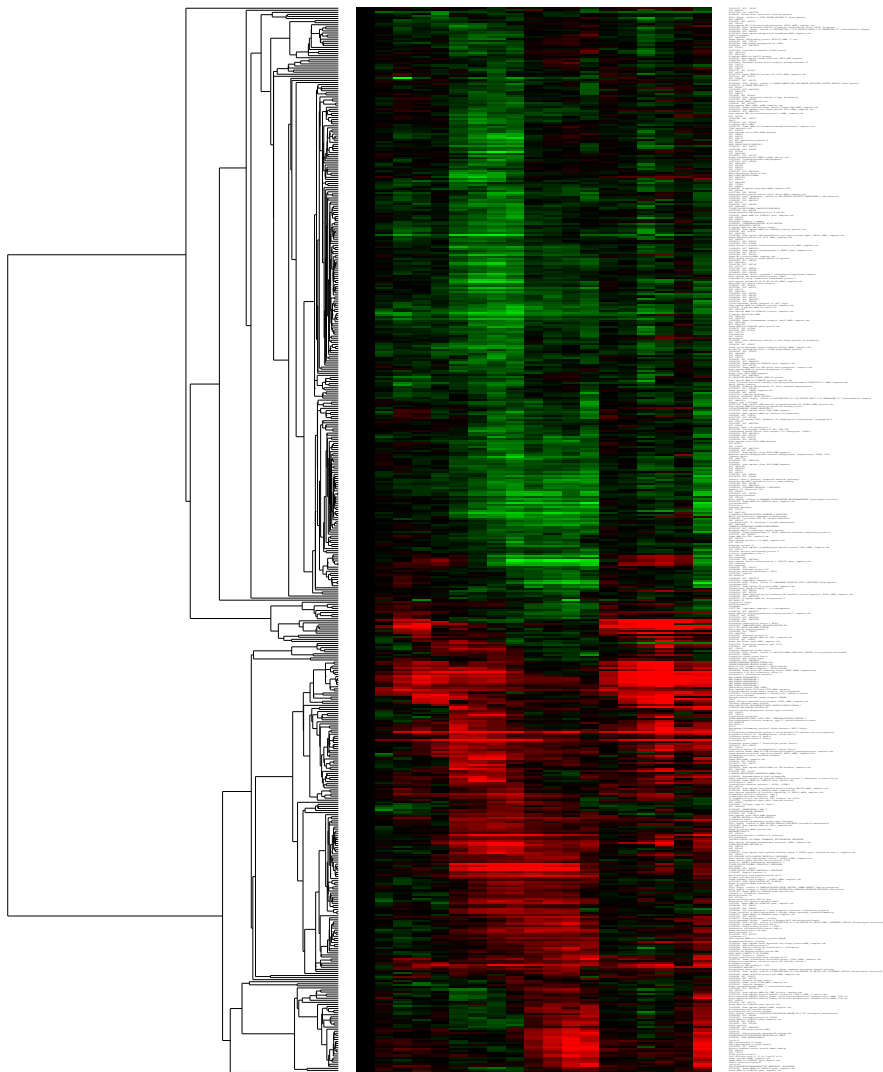
	A+C+D	B+E
A+C+D	0	0.5
B+E	0.5	0



Príklad: časť dát o expresii



Zhlukovanie tiež pomáha vizualizácii dát,
podobné gény sa dostanú ku sebe

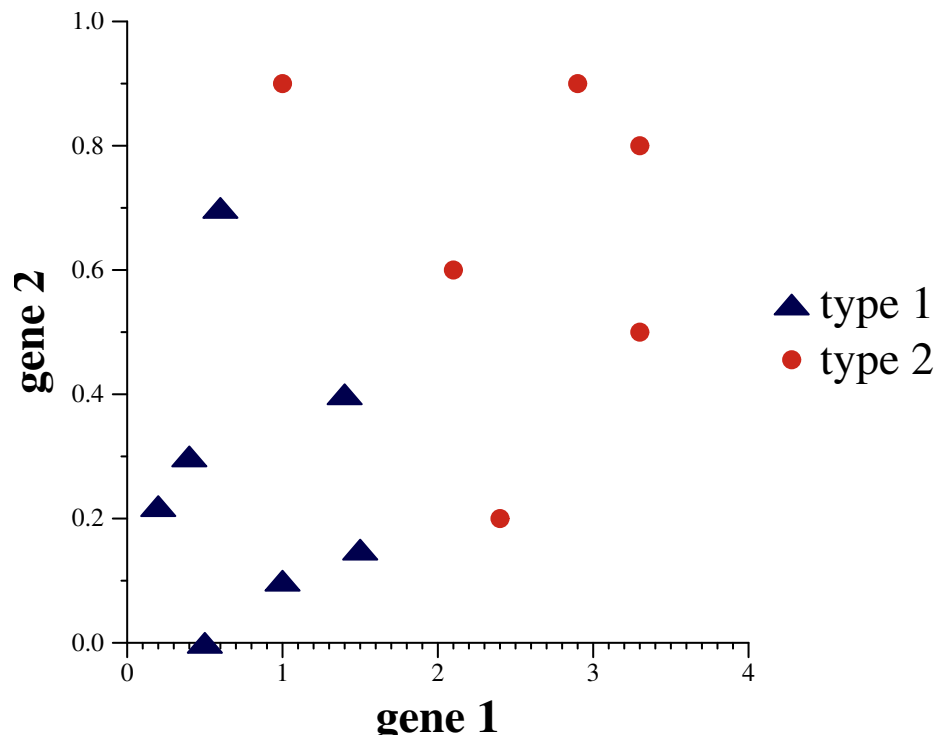


Klasifikácia

- Typický problém v strojovom učení
- Chceme odlíšiť napr. rôzne typy tumorov podľa expresie génov
- Máme nejaké príklady, kde vieme expresiu aj typ tumoru
- Chceme napr. nájsť vzorec, ktorý nám z expresie vyráta záporné číslo pre typ 1, kladné číslo pre typ 2.
- Vopred si vyberieme si typ vzorca s neznámymi parametrami (trieda hypotéz)
- Na tréningových dátach hľadáme hodnoty parametrov, pre ktoré vzorec najlepšie funguje
- Fungovanie vzorca testujeme na testovacích dátach (nepoužité na tréning)
- Hotový vzorec použijeme na dáta s neznámym typom

Jednoduchý príklad: expresia 2 génov

Trénovacie dáta so známym typom:



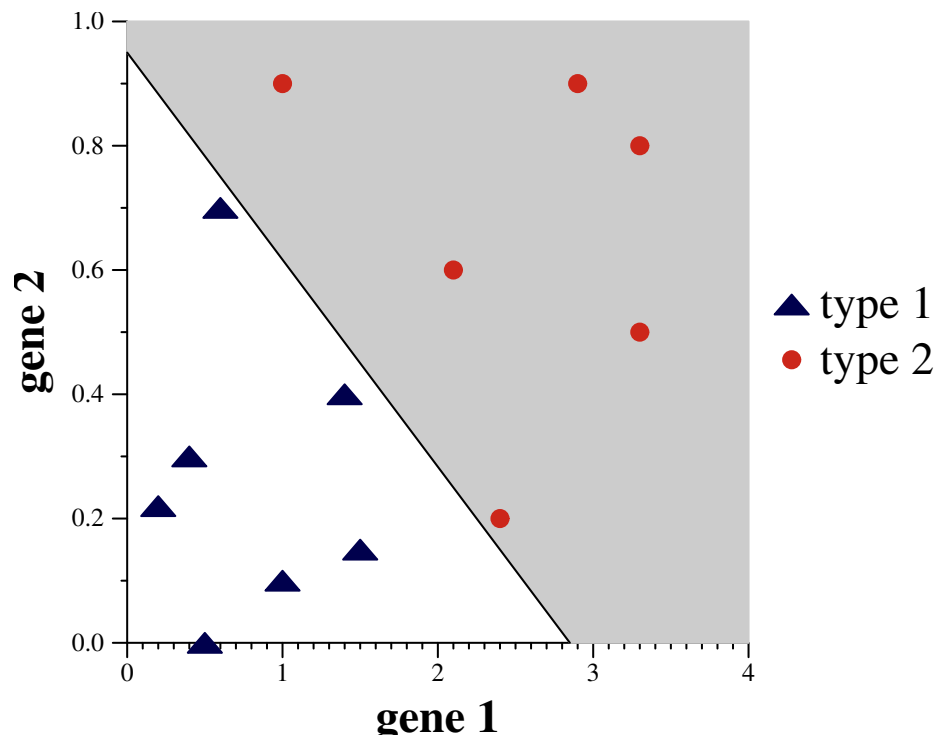
Typ vzorca: lineárne funkcie (lineárny diskriminant)

tumor typu 1 ak $ax + by + c < 0$

Hľadáme a, b, c také, aby na trénovacích dátach predpovedal dobre

Jednoduchý příklad: expresia 2 génov

Výsledný vzorec:



$$a = 1, b = 3, c = -2.85$$

tumor typu 1 ak $x + 3y - 2.85 < 0$

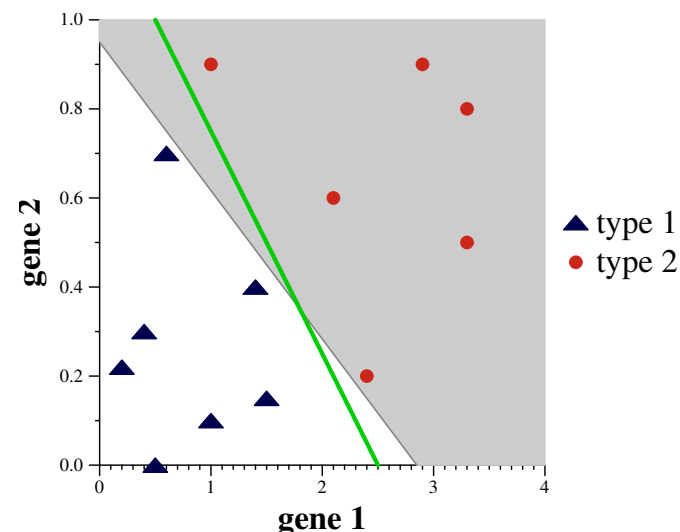
Populárne techniky na klasifikáciu

Logistic regression, logistická regresia:

lineárny diskriminátor, vracia pravdepodobnosť jednotlivých tried, dobre známa štatistická metóda.

Support vector machines

(SVM): hľadanie lineárneho diskriminátora s nulovou tréningovou chybou, ktorý je najďalej od všetkých tréningových dát.



Dá sa zovšeobecniť na nelineárne funkcie priemetom vektorov do väčšieho priestoru.

Populárne techniky na klasifikáciu

Neurónové siete:

“neuróny” poprepájané “synapsami”,
každý neurón na výstupe váhovaný priemer vstupov.

Bayesovské siete:

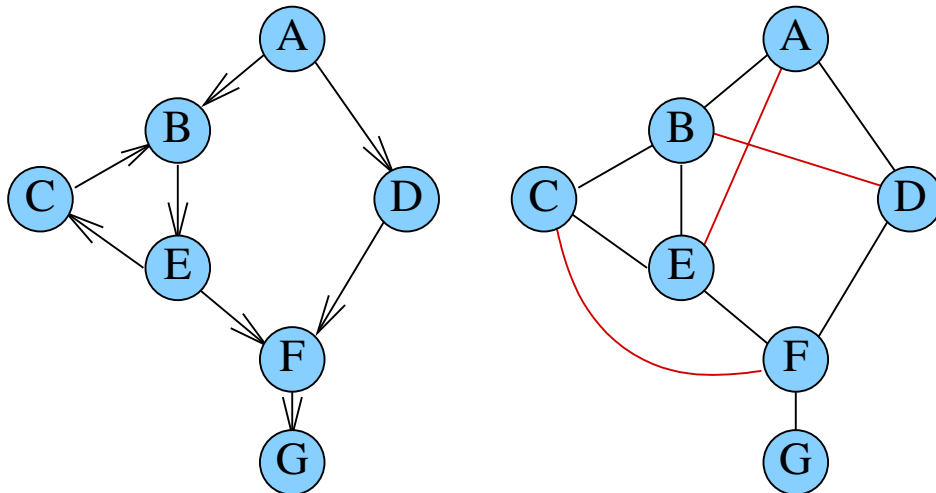
pravdepodobnostný model generujúci náhodné expresie
typ tumoru je tiež náhodná premenná, ktorej hodnotu nepoznáme
podobne ako stav v HMM

Regulačné siete z profilov expresie

Vstup: Profily expresie génov (napr. séria RNA-seq experimentov), možno so známymi podmienkami (časové rady, delečný mutant)

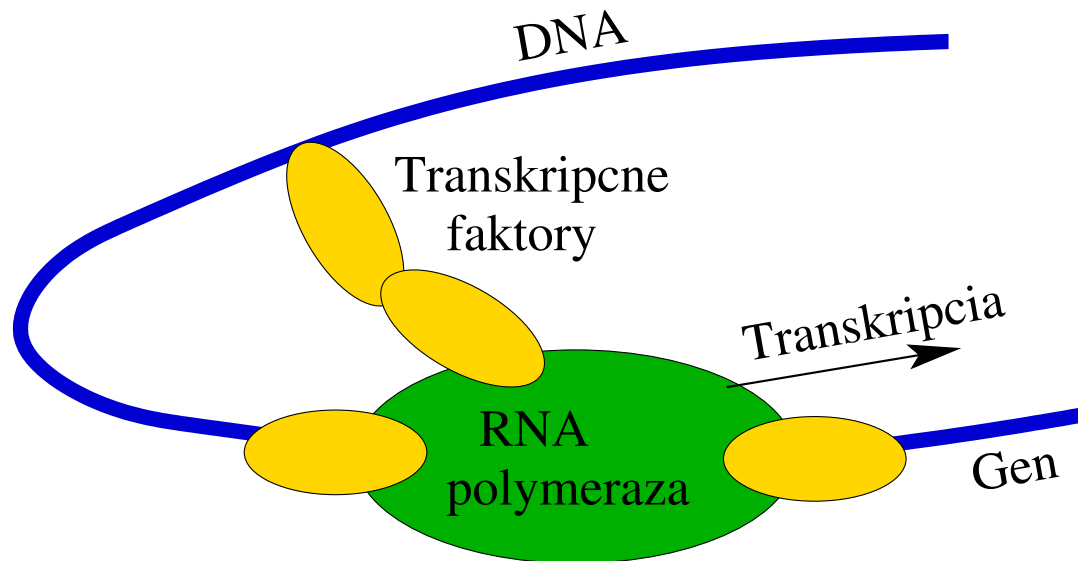
Výstup: regulačná sieť, vrcholy sú gény,
orientovaná hrana $A \rightarrow B$, ak A reguluje B

Podobnosť profilov expresie nám môže dať neorientované hrany.
Chceme vylúčiť hrany, ktoré vznikli tranzitivitou
a správne orientovať hrany (ťažký problém)



Transkripčné faktory (TF)

Regulácia začatia transkripcie pomocou transkripčných faktorov:
proteíny viažúce DNA, pomáhajú pritiahnúť RNA polymerázu



Človek má vyše 2000 TF-ov

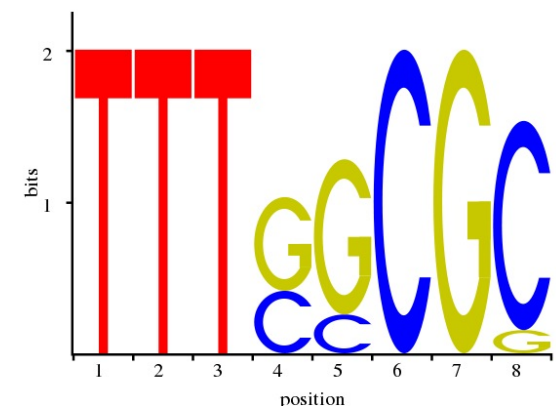
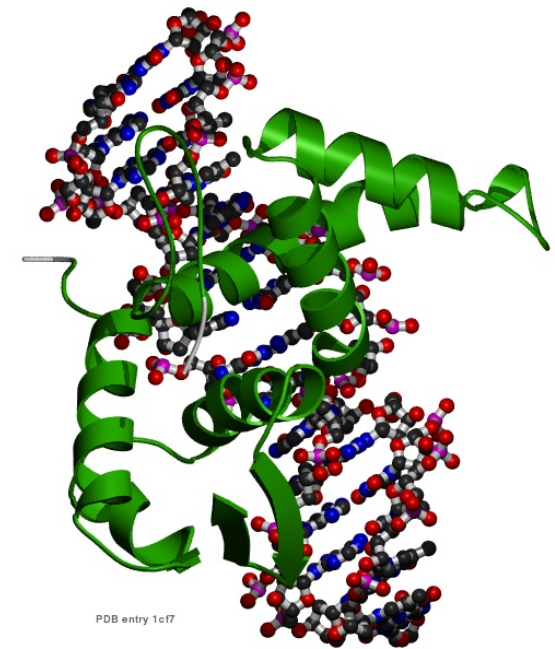
Môžu zvyšovať alebo znižovať mieru expresie,
fungovať v skupinách

Príklad: transkripčný faktor E2F1

- Reguluje bunkový cyklus
- Viaže TTTCCCGC alebo TTTCGCGC, prípadne ďalšie varianty

A	0	0	0	0	0	0	0	0
C	0	0	0	4	2	10	0	9
G	0	0	0	6	8	0	10	1
T	10	10	10	0	0	0	0	0

- Sekvencie DNA, na ktoré sa viaže určitý TF chceme **reprezentovať** ako sekvenčný **motív** a hľadať **ďalšie výskyty** v genóme



Reprezentácia väzobných motívov

Reťazec s nezhodami (konsenzus):

motív je reťazec, výskyty môžu mať vopred ohraničený počet nezhôd

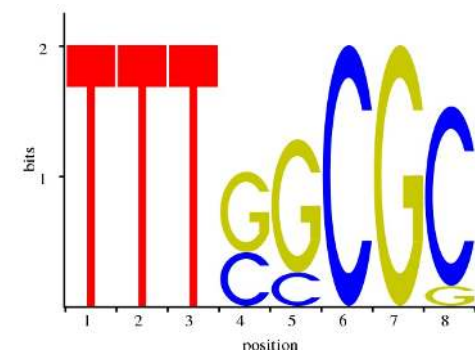
Príklad: motív TTTGGCGC + 1 nezhoda

TTTGGCGC, TT**A**GGCGC, TTTG**C**CGC sú výskyty motívu

TTT**CC**CGC nie je výskyt

Zostavenie motívu: napr. vezmi najčastejšie písmeno na každej pozícii

A	0	0	0	0	0	0	0	0
C	0	0	0	4	2	10	0	9
G	0	0	0	6	8	0	10	1
T	10	10	10	0	0	0	0	0



Reprezentácia väzobných motívov 2

Regulárny výraz:

niektoré pozície motívu dovoľujú výber z viacej možností

[GC] znamená pozíciu, na ktorej môže byť G alebo C

N znamená hociktorú bázu

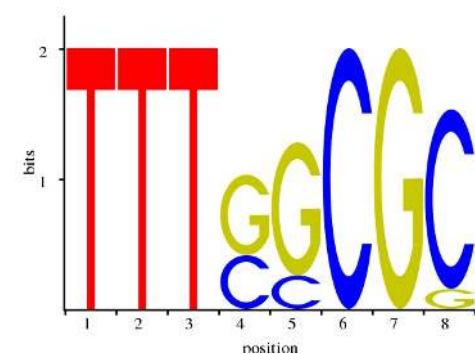
Príklad: motív TTT[CG][CG]CGC

TTTGGCGC, TTT**CC**CGC, TTTG**C**CGC sú výskyty motívu

TT**A**GGCGC nie je výskyt

Zostavenie motívu: povoliť najčastejšie bázy na každej pozícii

A	0	0	0	0	0	0	0	0
C	0	0	0	4	2	10	0	9
G	0	0	0	6	8	0	10	1
T	10	10	10	0	0	0	0	0



Reprezentácia väzobných motívov 3

Position specific scoring matrix (PSSM, PWM):

skórovacia matica, skóre pre každú bázu na každej pozícii

Výskyty dosahujú skóre väčšie ako číslo T

Príklad: $T = 8$

A	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0
C	-1.6	-1.6	-1.6	0.6	0.0	1.5	-1.6	1.4
G	-1.6	-1.6	-1.6	1.0	1.3	-1.6	1.5	-0.5
T	1.1	1.1	1.1	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0

TTT**CC**GC je výskyt: $1.1+1.1+1.1+0.6+0.0+1.5+1.5+1.4=8.3$

TTTGGCG**G** je výskyt: $1.1+1.1+1.1+1.0+1.3+1.5+1.5-0.5=8.1$

TT**A**GGCGC nie je: $1.1+1.1-2.0+1.0+1.3+1.5+1.5+1.4=6.4$

Zostavenie matice z frekvencií: budúca prednáška

Hľadanie výskytov motívu v genóme

- Zoberieme motív v niektorej reprezentácii:
 - Konsenzus, napr. TTTGGCGC + 1 nezhoda
 - Regulárny výraz, napr. TTT[CG][CG]CGC
 - Skórovacia matica, napr. prah $T = 8$ a matica:

A	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0
C	-1.6	-1.6	-1.6	0.6	0.0	1.5	-1.6	1.4
G	-1.6	-1.6	-1.6	1.0	1.3	-1.6	1.5	-0.5
T	1.1	1.1	1.1	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0

- Pre každú pozíciu v genóme testujeme, či je výskytom motívu
- Výskyty sú potenciálne väzobné miesta

Hľadanie výskytov motívu v genóme – problém

- Hľadanie motívu v genóme: skús každú pozíciu, či je výskytom
- Okrem **väzobných miest** často aj veľa **náhodných výskytov**
- Vieme spočítať E-hodnotu: koľko výskytov očakávame v náhodnej sekvencii
- Napr. TTT[CG][CG]CGC sa vyskytuje v priemere raz za 30 000 báz
- Na zlepšenie špecificity hľadáme
 - zhluky väzobných miest,
 - miesta podporené experimentálne,
 - evolučne zachované
- Databázy motívov, napr. TRANSFAC, JASPAR

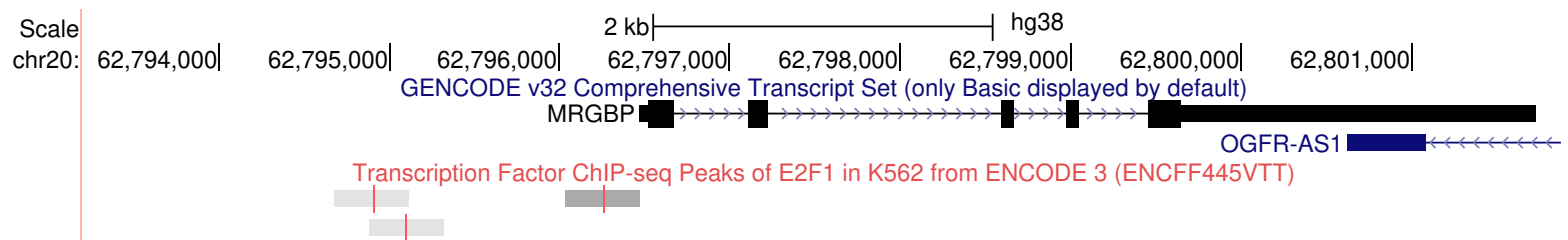
Ako nájsť väzobné miesta experimentálne?

Chromatin immunoprecipitation (ChIP)

Pomocou protilátky (antibody) na špecifický transkripčný faktor zistí, kde približne sa tento faktor viaže:

- Väzba medzi TF a DNA sa spevní formaldehydom
- DNA sa naseká na kusy
- Kusy, na ktorých je TF, sa zachytia na protilátke
- DNA sa izoluje a sekvenuje (**ChIP-seq**)

Problém: zistíme len približnú polohu väzobného miesta



Ako nájsť motívy výpočtovými metódami?

... ak nemáme niekoľko príkladov väzobného miesta

- Máme skupinu sekvencií, kde každá obsahuje väzobné miesto toho istého TF, ale väzobné preferencie TF nie sú známe
- Snažíme sa nájsť **čo najšpecifickejší** motív, ktorý sa vyskytuje vo všetkých týchto sekvenciách
resp. sa vyskytuje častejšie, ako by sme očakávali.
- **V súčasnosti:** zoberieme oblasti detegované pomocou ChIP-seq okolo väzobných miest, nájdený motív použijeme na presnejšie určenie polohy väzby TF
- **Pôvodne:** zoberieme skupinu génov s podobným profilom expresie a teda možno regulovaných tým istým TF, hľadáme motív v oblastiach pred týmito génmi

Príklad: Consensus Pattern Problem (CPP)

Jednoduchá formulácia problému hľadania motívov

Vstup: dĺžka motívu L , reťazce (sekvencie) $S_1, S_2, \dots, S_k$

Výstup: motív (reťazec) M dĺžky L

a výskyt motívu v každom S_i (reťazec s_i dĺžky L)

také, že celkový počet nezhôd medzi M a s_i je najmenší možný

Príklad:

Vstup: CAAACAT, AGTAGC, TAACCA, TCTCCTC, $L = 4$

Výstup: motív TAAC

výskyty a nezhody AAAC 1, TAGC 1, TAAC 0, TCTC 2

celkový počet nezhôd 4

Riešenie CPP

NP-ťažký problém

- **Idea 1:** Vyskúšaj všetky možné motívy dĺžky L

Problém: Nepraktické — prečo?

- **Idea 2:** Vyskúšaj všetky možné podreťazce dĺžky L reťazcov $S_1, \dots, S_k$

Problém: Nemusí fungovať — prečo?

Ale dá sa dokázať, že cena riešenia bude najviac dvojnásobok optima (2-aproximačný algoritmus)

- **Ďalšie vylepšenie:** Skúšame všetky konsenzus sekvencie ℓ podreťazcov.
PTAS (polynomial-time approximation scheme)

Príklad:

Vstup: $L = 4$

CAAACAT,

AGTAGC,

TAACCA,

TCTCCTC

Výstup:

motív TAAC

výskyty a nezhody

AAAC 1,

TAGC 1,

TAAC 0,

TCTC 2

spolu 4 nezhody

Praktickejší prístup k hľadaniu motívov

Pravdepodobnostný model generujúci sekvenciu S pomocou matice frekvencií báz v motíve W a frekvencie báz q mimo motívu

A	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
C	0.01	0.01	0.01	0.39	0.19	0.97	0.01	0.01	0.89
G	0.01	0.01	0.01	0.59	0.79	0.01	0.97	0.97	0.09
T	0.97	0.97	0.97	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01

$$q(A) = 0.3, q(C) = 0.2, q(G) = 0.2, q(T) = 0.3$$

Pozícia motívu v S sa zvolí náhodne,

každá báza sa vygeneruje z q alebo z jedného stĺpca W

Tento model definuje rozdelenie $\Pr(S | W)$.

Hľadanie motívov cez pravdepodobnostné modely

Vstup: dĺžka motívu L , sekvencie $S_1, S_2, \dots, S_k$, frekvencie q

Výstup: spoločný motív ako matica frekvencií W maximalizujúca vierohodnosť dát $\Pr(S_1|W) \cdot \dots \cdot \Pr(S_k|W)$

- Ťažký problém, používajú sa heuristické algoritmy
- Napríklad EM (expectation maximization)
- Lokálna optimalizácia, ktorá konverguje k lokálnemu maximu vierohodnosti
- Softvér: MEME

Schéma algoritmu EM

- **Inicializácia:**

Zvoľ si počiatočnú maticu W

(napr. zostavenú podľa jedného okna dĺžky L)

- **Iterácia:**

1. Prirad' každej pozícii j v sekvencii S_i váhu $p_{i,j}$, ktorá zodpovedá pravdepodobnosti, že na pozícii $S_i[j]$ začína výskyt motívu W
2. Spočítaj W zo všetkých možných výskytov v $S_1, \dots, S_k$ váhovaných podľa $p_{i,j}$

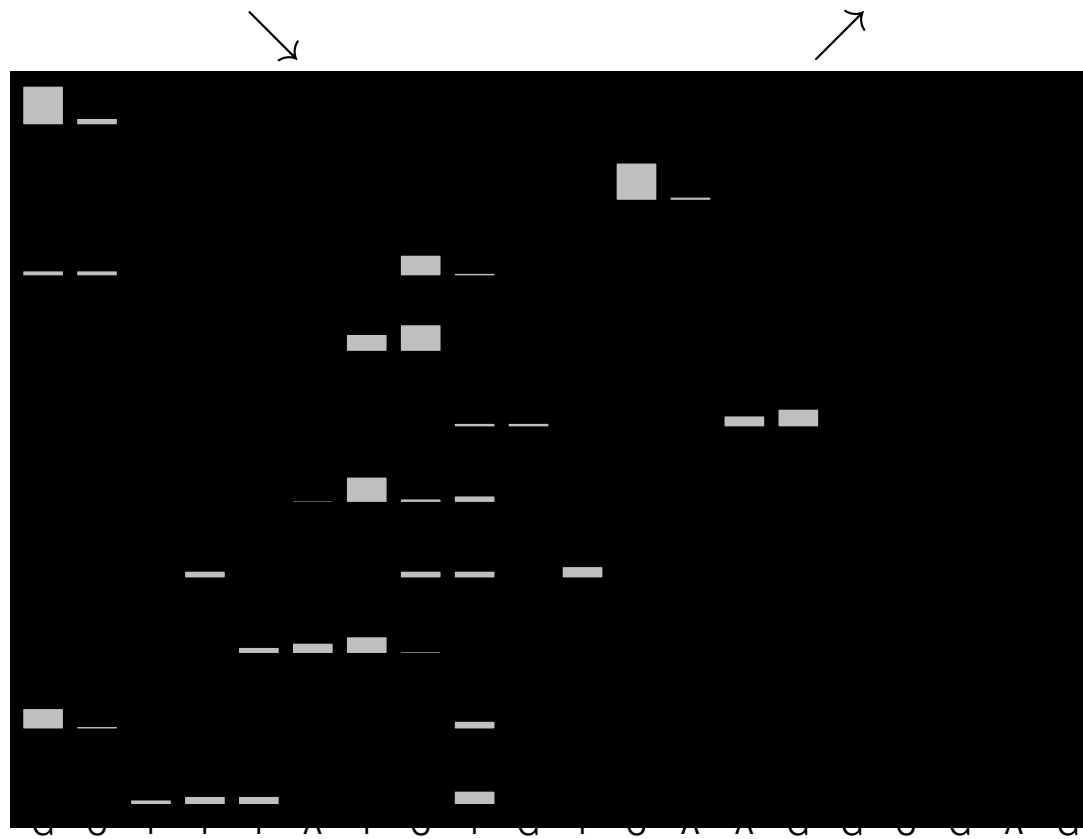
Iterácie zvyšujú vierohodnosť dát, kým nedôjde ku konvergencii.

Skúšame veľa krát z rôznych počiatočných W

Príklad algoritmu EM

A	0.10	0.10	0.10	0.10	0.10
C	0.10	0.10	0.10	0.70	0.70
G	0.10	0.10	0.10	0.10	0.10
T	0.70	0.70	0.70	0.10	0.10

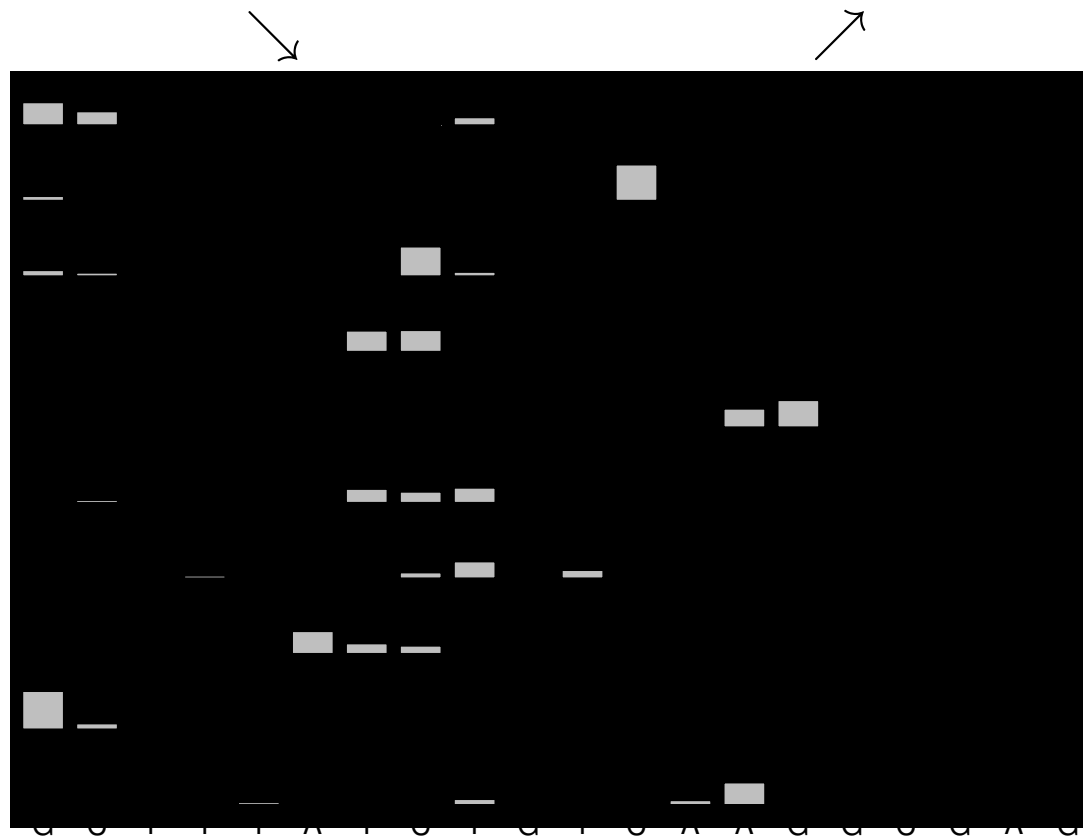
A	0.31	0.14	0.06	0.07	0.07
C	0.06	0.10	0.19	0.71	0.61
G	0.12	0.17	0.29	0.14	0.25
T	0.51	0.60	0.46	0.08	0.07



Príklad algoritmu EM: d'alšia iterácia

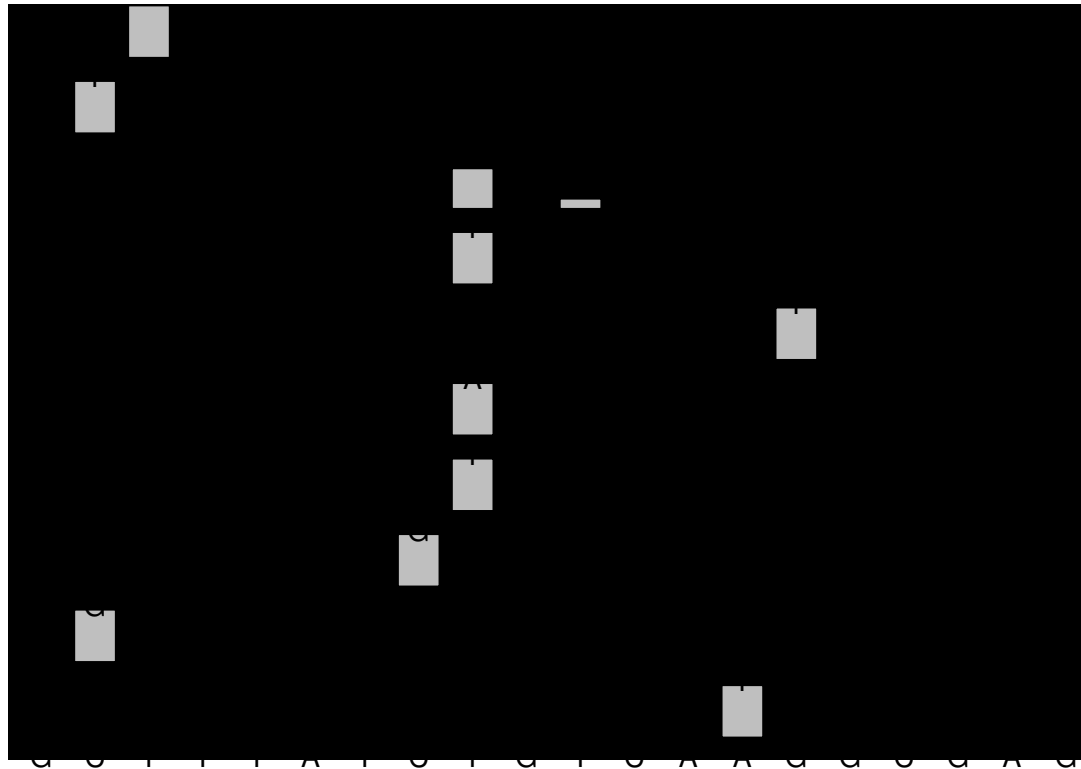
A	0.31	0.14	0.06	0.07	0.07
C	0.06	0.10	0.19	0.71	0.61
G	0.12	0.17	0.29	0.14	0.25
T	0.51	0.60	0.46	0.08	0.07

A	0.47	0.09	0.01	0.02	0.03
C	0.02	0.11	0.20	0.80	0.58
G	0.08	0.22	0.48	0.15	0.35
T	0.42	0.58	0.30	0.03	0.03



Príklad algoritmu EM: po 20 iteráciách

A	0.10	€	€	€	€
C	0.12	0.52	0.48	$1 - 3\epsilon$	€
G	€	0.48	0.52	€	$1 - 3\epsilon$
T	0.78	€	€	€	€



Zhrnutie

- RNA-seq merá úroveň expresie pre všetky gény naraz, ale v dátach veľa šumu
- Zhľukovanie (clustering) nájde podobné gény, nepotrebujeme o dátach vopred nič vedieť (unsupervised learning)
- Klasifikácia môže rozlišovať napr. choroby podľa expresie, potrebuje dáta so známou odpoveďou (supervised learning)
- Dáta o expresii pomáhajú zostaviť regulačné siete
- Väzobné motívy môžeme reprezentovať rôznym spôsobom (reťazec, regulárny výraz, skórovacia matica)
- Tieto motívy nie sú dosť špecifické, okrem väzobných miest môžu mať aj ďalšie náhodné výskyty
- EM algoritmus na hľadanie nových motívov v sekvenciách

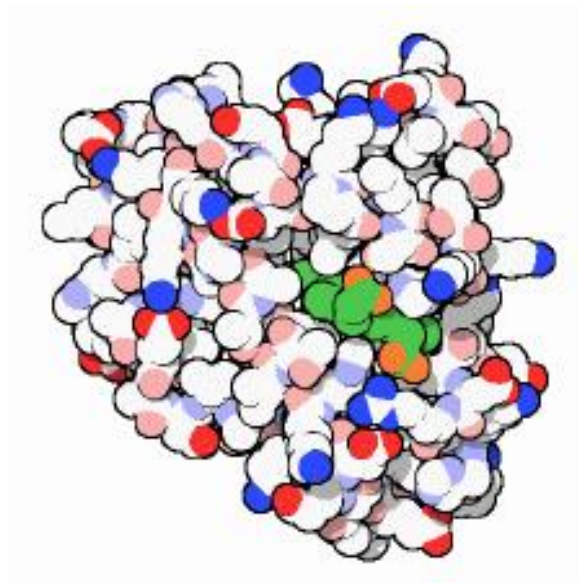
Oznamy

- Budúci utorok: odovzdanie DÚ2, zverejnenie DÚ3
- Termíny na konci semestra
 - DÚ3 utorok 13.12., správy zo journal clubu piatok 16.12.

Štruktúra a funkcia proteínov

Broňa Brejová

24.11.2022



Proteíny

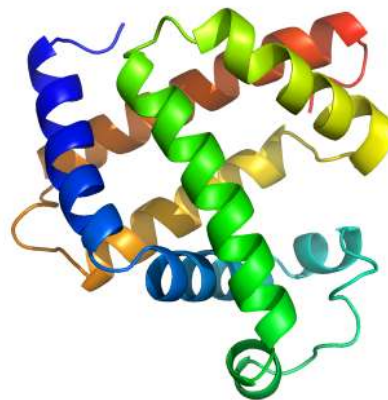
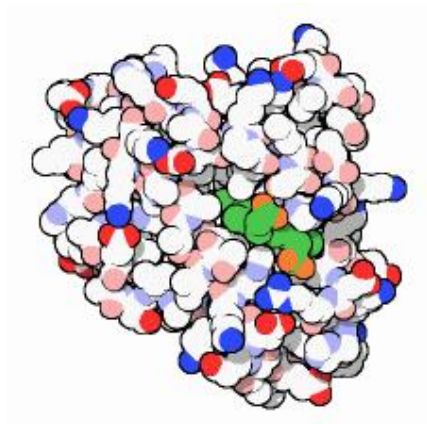
Reťazce 20 rôznych aminokyselín s rôznymi chemickými vlastnosťami:

Aminokyselina	Postranný reťazec	Jeho vlastnosti
Alanín (A)	-CH ₃	hydrofóbny
Arginín (R)	-(CH ₂) ₃ NH-C(NH)NH ₂	bázický
Asparagín (N)	-CH ₂ CONH ₂	hydrofilný
Kyselina asparágová (D)	-CH ₂ COOH	kyslý
Cysteín (C)	-CH ₂ SH	hydrofóbny
Kyselina glutámová (E)	-CH ₂ CH ₂ COOH	kyslý
Glutamín (Q)	-CH ₂ CH ₂ CONH ₂	hydrofilný
Glycín (G)	-H	hydrofilný
Histidín (H)	-CH ₂ -C ₃ H ₃ N ₂	bázický
Izoleucín (I)	-CH(CH ₃)CH ₂ CH ₃	hydrofóbny
Leucín (L)	-CH ₂ CH(CH ₃) ₂	hydrofóbny
Lyzín (K)	-(CH ₂) ₄ NH ₂	bázický
Metionín (M)	-CH ₂ CH ₂ SCH ₃	hydrofóbny
Fenylalanín (F)	-CH ₂ C ₆ H ₅	hydrofóbny
Prolín (P)	-CH ₂ CH ₂ CH ₂ -	hydrofóbny
Serín (S)	-CH ₂ OH	hydrofilný
Treonín (T)	-CH(OH)CH ₃	hydrofilný
Tryptofán (W)	-CH ₂ C ₈ H ₆ N	hydrofóbny
Tyrozín (Y)	-CH ₂ -C ₆ H ₄ OH	hydrofóbny
Valín (V)	-CH(CH ₃) ₂	hydrofóbny

Štruktúra proteínov

- **Primárna štruktúra:** sekvencia aminokyselín
- **Sekundárna štruktúra:** pravidelné útvary
alfa-hélix, beta-skladaný list (beta sheet)
- **Terciálna štruktúra:** presné 3D rozloženie atómov
- **Kvartérna štruktúra:** interakcia viacerých proteínov v komplexe

Myoglobín, prvý proteín so známou štruktúrou [Kendrew et al 1958]



Experimentálne určovanie štruktúry

- RTG kryštalografia (X-ray crystallography)
vyžaduje proteín v kryštalickej forme
- NMR (nuclear magnetic resonance spectroscopy)
hlavne používaná na kratšie proteíny
- Cryo-EM (cryogenic electron microscopy)
menej presná, vhodná na veľké proteínové komplexy
- Náročný a drahý proces
- Databáza štruktúr PDB
198 000 proteínových štruktúr
(UniProt má 230 miliónov sekvencií)

Určovanie štruktúry proteínov ako bioinformatický problém

(protein structure prediction, protein folding)

Vstup: sekvencia proteínu

Výstup: 3D pozície atómov alebo aminokyselín

Ab initio metódy

- Nájsť štruktúru s najnižšou voľnou energiou
- Vzorce na približný výpočet energie založené na fyzike
 - sily medzi atómami v proteíne a okolitom roztoku
- Veľmi ťažký výpočtový problém
 - simulácia molekulárnej dynamiky
 - optimalizačné metódy, napr. gradientová metóda, simulované žíhanie
- Používané na malé proteíny a zlepšenie približných štruktúr

Praktické prístupy k určovaniu štruktúry proteínu

Pre daný proteín X :

- Pozrieme do PDB, či má X **známu štruktúru**
- Ak nič, hľadáme **proteín podobný na X** v PDB (BLAST)
 X má asi podobnú štruktúru (**homology modelling**)
- Ak nič, hľadáme vzdialenejšie homológy senzitívnejšími prístupmi, cez **profily** (táto prednáška)
- Ešte vzdialenejšie homológy sa dajú hľadať technikou **protein threading**
- V posledných rokoch veľké pokroky v predpovedaní štruktúry pomocou **hlbokých neurónových sietí**, ktoré využívajú veľké počty nájdených homológov
- **Predpovedané štruktúry** sa tiež dajú nájsť v databázach

Protein threading

- Aj proteíny s pomerne odlišnou sekvenciou môžu mať podobnú štruktúru
- Môžeme skúsiť “napasovať” proteín na každú známu štruktúru
- Určitý typ zarovnania, ale pri skórovaní uvažujeme aj interakcie medzi amino kyselinami blízko v štruktúre
- Výpočtovo ťažký problém

Najnovšie prístupy: hlboké neurónové siete

- Súťaž CASP raz za dva roky
- V roku 2018 a 2020 vyhral AlphaFold od firmy DeepMind/Google.
V roku 2020 AlphaFold2 vyhral s veľkým náskokom.
2/3 predpovedaných štruktúr mali vysokú presnosť.
Využíva nové prvky, aj existujúce prístupy.
- Kľúčová myšlienka využitá aj pred AlphaFold-om: **detekcia ko-evolúcie**
 - k skladanému proteínu zarovnajú veľké množstvo homológov
(aj bez známych štruktúr)
 - hľadajú dvojice pozícií, ktoré sa menia súčasne,
 - takéto dvojice sú potenciálne v kontakte

Najnovšie prístupy: hlboké neurónové siete

- **AlphaFold 1 (2018):**

- (1) Predikcia vzdialeností amino kyselín pomocou neurónovej siete
- (2) Hľadanie štruktúry, ktorá dobre sedí so vzdialenosťami
a fyzikálnym modelom využitím štandardnej numerickej optimalizácie
(gradientové metódy) [animácia]

- **AlphaFold 2 (2020):**

kombinuje oba kroky do jednej neurónovej siete,
ktorá sa opakovane spúšťa na svojich výsledkoch

- Nedá sa využiť na proteíny bez homológov (napr. umelo vytvorené)

Praktické prístupy k určovaniu štruktúry proteínu

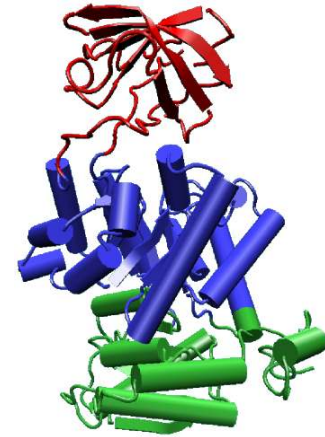
Pre daný proteín X :

- Pozrieme do PDB, či má X **známu štruktúru**
- Ak nič, hľadáme **proteín podobný na X** v PDB (BLAST)
 X má asi podobnú štruktúru (**homology modelling**)
- Ak nič, hľadáme vzdialenejšie homológy senzitívnejšími prístupmi, cez **profily** (táto prednáška)
- Ešte vzdialenejšie homológy sa dajú hľadať technikou **protein threading**
- V posledných rokoch veľké pokroky v predpovedaní štruktúry pomocou **hlbokých neurónových sietí**, ktoré využívajú veľké počty nájdených homológov
- **Predpovedané štruktúry** sa tiež dajú nájsť v databázach

Proteínové domény a rodiny

Doména (domain)

- Časť proteínu s nezávislou štruktúrou
- Veľa proteínov sa skladá z viacerých domén
- Domény sa tiež v proteínoch preskupujú počas evolúcie



Rodina (family)

- Skupina proteínov/domén s podobnou sekvenciou, štruktúrou, funkciou
- Ak poznáme štruktúru jedného člena rodiny, môžeme predpokladať, že ostatné majú podobnú

Proteíny ako skladačka domén

Databáza Pfam

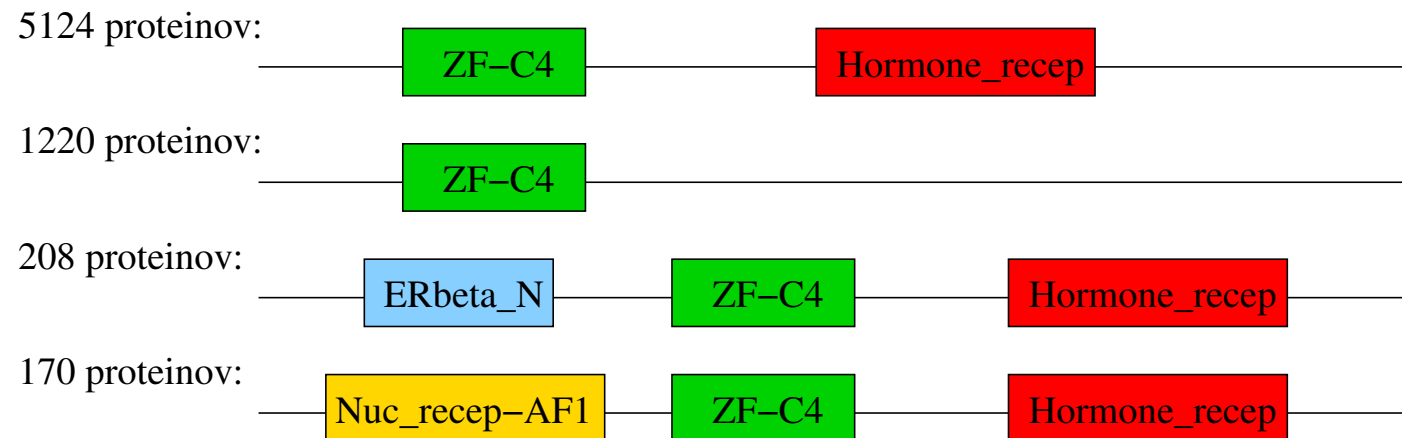
Domény v proteínoch rozdelené do viac ako 18 tisíc rodín

77% proteínov aspoň jedna známa doména

53% proteínových sekvencií pokrývajú známe domény

Príklad:

4 z 91 architektúr obsahujúcich doménu Zinc finger, C4 type (Pfam)

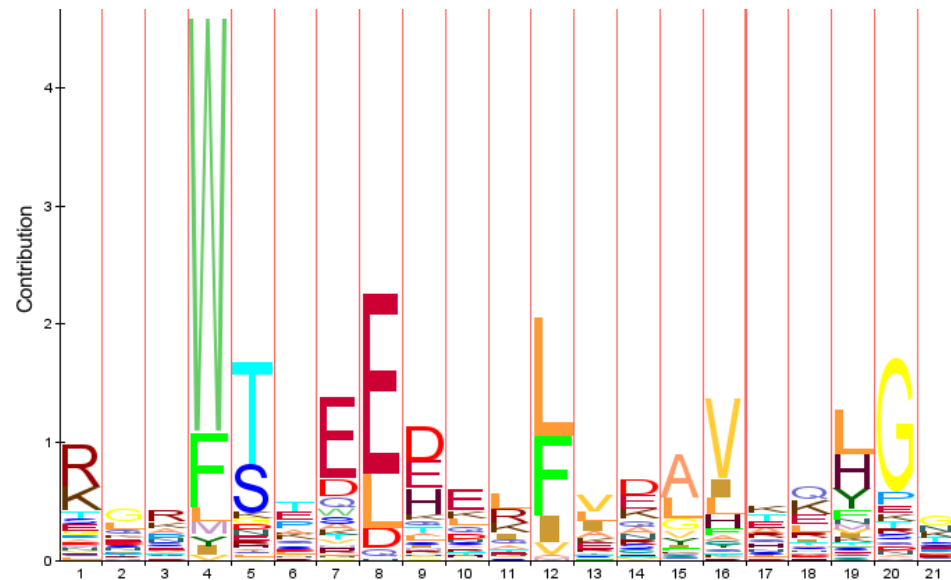


Charakterizácia rodín proteínov

- Zarovnania medzi známymi prvkami rodiny a novým proteínom nemusia nájsť vzdialených členov
- Viacnásobné zarovnanie rodiny ukáže dôležité evolučne zachované pozície

```

MEEW SASEANLFEEALEKY GKDF
PDEWTVEDKVLFEQAFSFGKT.
G TKWTA EENKKFENALAFYDKDT
SKNWS EDDLQLLIKAVNLF PAGT
EKP WSNQETLLLLLEAIETY GDD.
AREWTDQETLLLLLE GLEMHKDD.
KPE WSDKEILLLEAVMHY GDD.
DDTWTAQELVLLSEGVEMYS...
KKNWSDQEMLLLLLEGIEMYE...
DENWSKEDLQKLLKGIQEF GAD.
EDDWSQAEQKAFETALQKYPKGT
EEAWTQSQQKLLLELALQQYPKGA
EDVWSATEQKTLEDAIKKHKSSD
AMSWTHEDEFELLKAAHKFKMG.
  
```



Pravdepodobnostný profil rodiny

(profile, position specific score matrix PSSM)

- V zarovnaní spočítaj $e_i(x)$: frekvencia výskytu písmena x v stĺpci i
- Dostaneme model, ktorý generuje sekvenciu $x_1, x_2, \dots, x_n$ s pravdepodobnosťou

$$e_1(x_1) \cdot e_2(x_2) \cdots e_n(x_n)$$

- Nulová hypotéza: sekvencia bola vygenerovaná náhodne, kde písmeno x má frekvenciu $q(x)$
- Skóre sekvencie $x_1, \dots, x_n$:
logaritmus pomeru pravdepodobností v dvoch modeloch

$$\log \frac{e_1(x_1) \cdots e_n(x_n)}{q(x_1) \cdots q(x_n)}$$

(neskôr rozpíšeme na súčet dielčích skóre pre aminokyseliny)

Hračársky príklad PSSM

- Uvažujme len leucín L a alanín A
- Majme zarovnanie 10 sekvencií s počtami / frekvenciami $e_i(x)$ v tabuľke

počty					frekvencie				
	1	2	3	4	1	2	3	4	
A	2	6	9	1	0,2	0,6	0,9	0,1	
L	8	4	1	9	0,8	0,4	0,1	0,9	

- Nulová hypotéza $q(A) = 0,3, q(L) = 0,7$
- Pravdepodobnosť sekvencie LAAL
 - v profile $0,8 \cdot 0,6 \cdot 0,9 \cdot 0,9 = 0,3888$,
 - v nulovom modeli $0,7 \cdot 0,3 \cdot 0,3 \cdot 0,7 = 0,0441$
- Skóre LAAL: $\log_2(0,3888/0,0441) = 3,14$
Skóre LALA: $\log_2(0,0048/0,0441) = -3,20$

Pravdepodobnostný profil rodiny

- $e_i(x)$: frekvencia výskytu písmena x v stĺpci i zarovnania rodiny
- $q(x)$: frekvencia výskytu písmena x v nulovom modeli
- $s_i(x) = \log \frac{e_i(x_i)}{q(x_i)}$ skóre písmena x v stĺpci i zarovnania rodiny
- Skóre sekvencie $x_1, \dots, x_n$:

logaritmus pomeru pravdepodobností v dvoch modeloch

$$\begin{aligned} & \log \frac{e_1(x_1) \cdot \dots \cdot e_n(x_n)}{q(x_1) \cdot \dots \cdot q(x_n)} \\ &= \log \left(\frac{e_1(x_1)}{q(x_1)} \cdot \dots \cdot \frac{e_n(x_n)}{q(x_n)} \right) \\ &= \log \frac{e_1(x_1)}{q(x_1)} + \dots + \log \frac{e_n(x_n)}{q(x_n)} \\ &= s_1(x_1) + \dots + s_n(x_n) \end{aligned}$$

Hračársky príklad PSSM

- Majme zarovnanie 10 sekvencií s počtami / frekvenciami $e_i(x)$ v tabuľke

	počty					frekvencie			
	1	2	3	4		1	2	3	4
A	2	6	9	1		0,2	0,6	0,9	0,1
L	8	4	1	9		0,8	0,4	0,1	0,9

- Nulová hypotéza $q(A) = 0,3, q(L) = 0,7$
- Skóre alanínu v prvom stĺpci $s_1(A) = \log_2(0,2/0,3) = -0,58$
skóre leucínu v prvom stĺpci $s_1(L) = \log_2(0,8/0,7) = 0,19$
- Dostávame tabuľku skór

	1	2	3	4
A	-0,58	1,00	1,58	-1,58
L	0,19	-0,81	-2,81	0,36

- Skóre LAAL je $0,19 + 1 + 1,58 + 0,36 = 3,13$
Skóre LALA je $0,19 + 1 - 2,81 - 1,58 = -3,2$

Pseudocounts

Ak na niektorej pozícii určitá amino kyselina nebola pozorovaná, mala by v modeli pravdepodobnosť 0

	1	2	3	4
A	2	6	9	0
L	8	4	1	10

Aby sme sa vyhli tomuto problému, pridáme ku každému políčku najskôr nejakú malú hodnotu, **pseudocount**, napr. 0,5:

	1	2	3	4
A	2,5	6,5	9,5	0,5
L	8,5	4,5	1,5	10,5

Potom postupujeme ako predtým

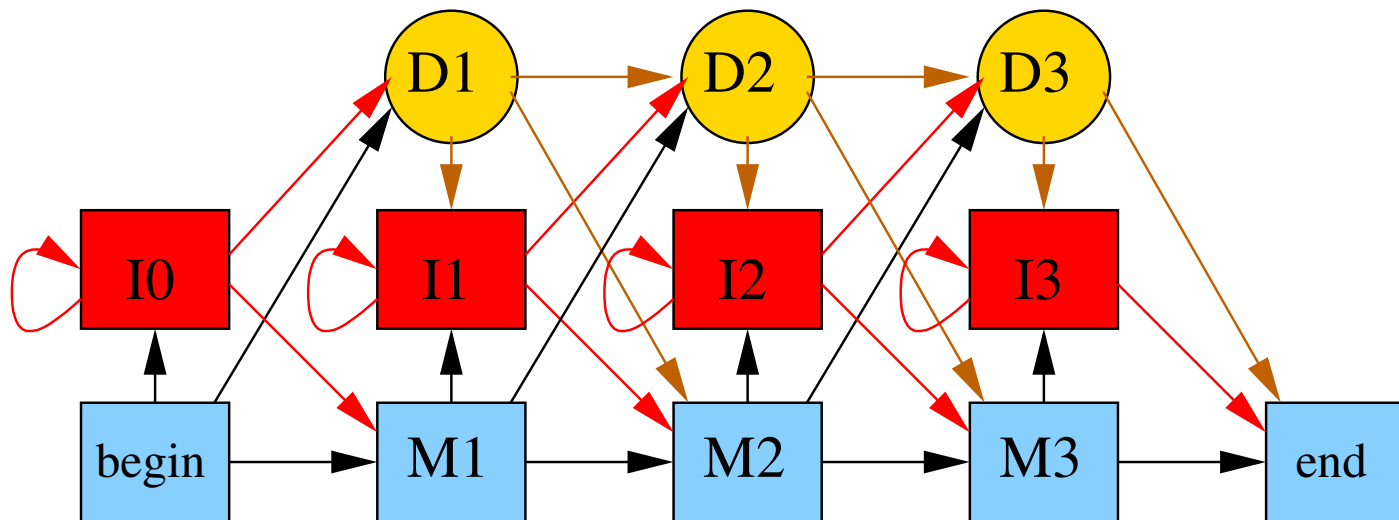
Profilové HMM

Rozšíříme profil o inzercie a delécie

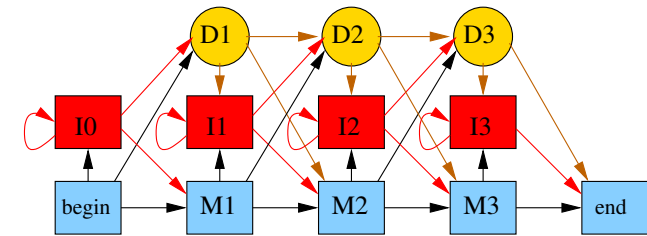
PSSM profil ako HMM:



Profilové HMM: match state, insert state, delete state



Konštrukcia profilového HMM



- Začneme z viacnásobného zarovnania
- Stĺpcom s málo medzerami priradíme match stavy, ostatné budú v insert stavoch
- V každom stĺpci zrátame $E_i(a)$: počet výskytov a
- Pravdepodobnosť emisie $e_i(a) = \frac{E_i(a)}{\sum_b E_i(b)}$
- Pridáme “pseudocounts”, aby sme nemali nulové položky
$$e_i(a) = \frac{E_i(a) + c}{\sum_b (E_i(b) + c)}$$
- Pravdepodobnosti prechodu nastavíme podľa medzier v zarovnaní
- Veľmi podobné sekvencie môžeme použiť s menšou váhou

Použitie profilov a profilových HMM

Odkiaľ vziať profily/profilové HMM?

- Databáza Pfam: rodiny domén reprezentované ako profilové HMM
- PSI-Blast: PSSM iteratívne zo skupiny podobných proteínov
- PSSM sa používajú aj na reprezentáciu motívov v DNA
(napr. väzobné miesta transkripčných faktorov)

Nájdí výskyty profilu v proteínovej sekvencii

- Podobné problému lokálneho zarovnania
- PSSM profily: dynamické programovanie, penalta za medzery
- Profilové HMM: Viterbiho algoritmus (mierne modifikovaný)

Výsledné skóre alebo pravdepodobnosť sa použije na rozhodnutie, či proteín patrí do rodiny

Praktické prístupy k určovaniu štruktúry proteínu

Pre daný proteín X :

- Pozrieme do PDB, či má X **známu štruktúru**
- Ak nič, hľadáme **proteín podobný na X** v PDB (BLAST)
 X má asi podobnú štruktúru (**homology modelling**)
- Ak nič, hľadáme vzdialenejšie homológy senzitívnejšími prístupmi, cez **profily** (táto prednáška)
- Ešte vzdialenejšie homológy sa dajú hľadať technikou **protein threading**
- V posledných rokoch veľké pokroky v predpovedaní štruktúry pomocou **hlbokých neurónových sietí**, ktoré využívajú veľké počty nájdených homológov
- **Predpovedané štruktúry** sa tiež dajú nájsť v databázach

Funkcia proteínu

- Pre niektoré proteíny určená laboratórne
- Na ďalšie proteíny prenášame bioinformaticky pomocou podobnosti sekvencie, prítomnosti domén, polohy v genóme a ďalších dát
- Swissprot/Uniprot zhromažďuje údaje o funkcii proteínov
- Klasifikácia proteínov pomocou Gene ontology (GO)

Príklad pojmu v GO:

Accession: GO:0034220

Name: ion transmembrane transport

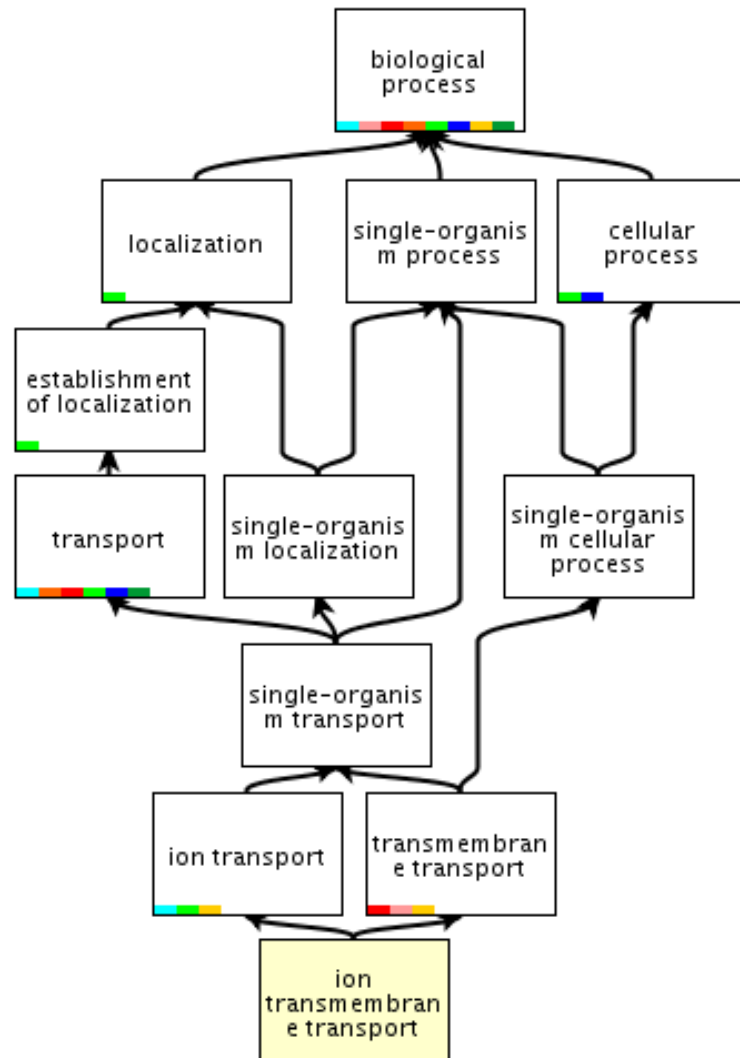
Ontology: biological_process

Definition: A process in which an ion is transported from one side of a membrane to the other by means of some agent such as a transporter or pore.

Comment: Note that this term is not intended for use in annotating lateral movement within membranes.

Gene ontology (GO)

Hierarchická štruktúra pojmov:

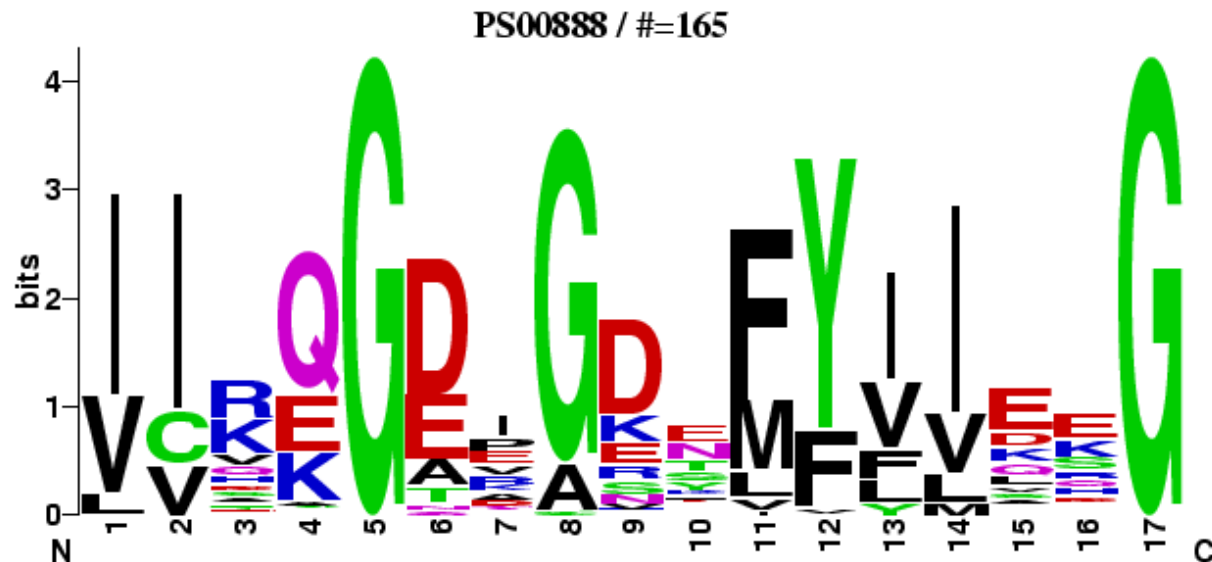


Ďalšie použitia HMM a profilov na proteíny

- Určovanie sekundárnej štruktúry
- Určovanie transmembránových proteínov a signálnych peptidov
- Určovanie funkčných motívov a posttranslačných modifikácií (databáza PROSITE)

Cyclic nucleotide-binding domain signature 1:

[LIVM] - [VIC] - x - {H} - G - [DENQTA] - x - [GAC] - {L} - x - [LIVMFY] (4) - x (2) - G



Oznamy

- DÚ3 je zverejnená, odovzdajte do 13.12.
- Budúci štvrtok 8.12.:
 - prednáška aj cvičenia bežia normálne
- Štvrtok 15.12.:
 - nepovinné prezentácie journal clubu v čase prednášky
 - cvičenia pre informatikov aj biológov
- Termíny na konci semestra
 - DÚ3 utorok 13.12., správy zo journal clubu piatok 16.12.
- Budúci štvrtok dohodneme:
 - či chcete prezentovať journal club (dohodnite sa v skupinách)
 - termín skúšky pre informatikov (doneste si termíny iných skúšok)

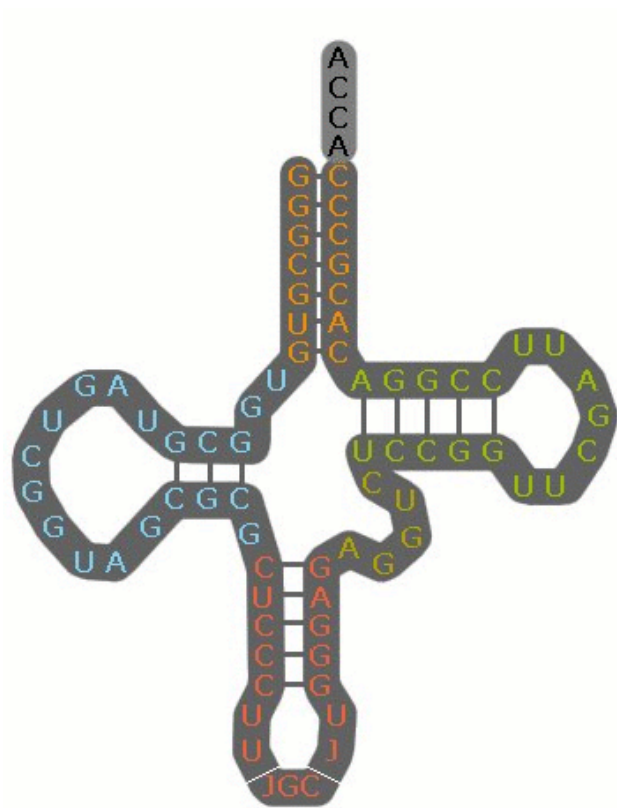
Správa zo journal clubu

- Vlastnými slovami hlavné metódy a výsledky článku
- Pochopiteľná pre študentov tohto predmetu (inf aj bio)
- Netreba pokryť všetko a naopak, môžete využiť aj iné zdroje
- Skúste vložiť vlastný pohľad na tému, nepostupujte striktne podľa texru článku
- Rozsah cca 1-2 strany na osobu, jeden ucelený text
- V správe vymenujte členov skupiny, ktorí sa podieľali na jej spísaní, dostanú rovnako bodov
- Pdf odovzdať cez Moodle (stačí 1 za skupinu)

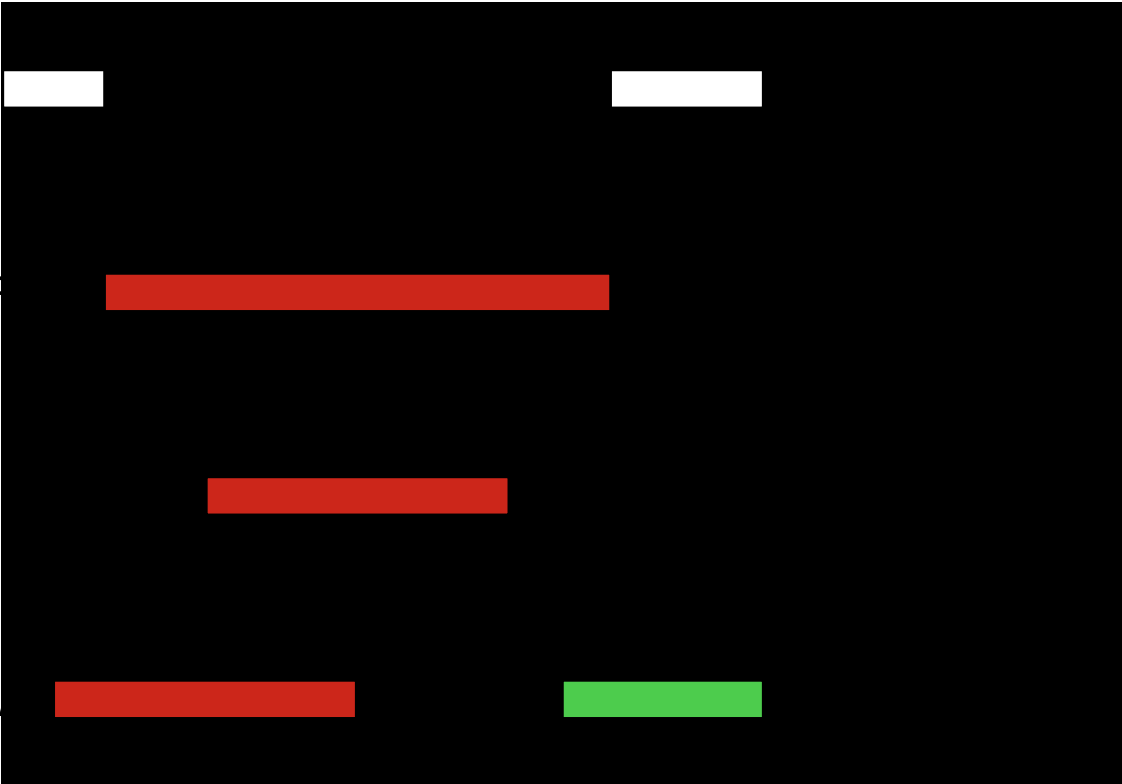
RNA

Tomáš Vinař

1.12.2022



DNA:



P

RN

Vlastnosti RNA

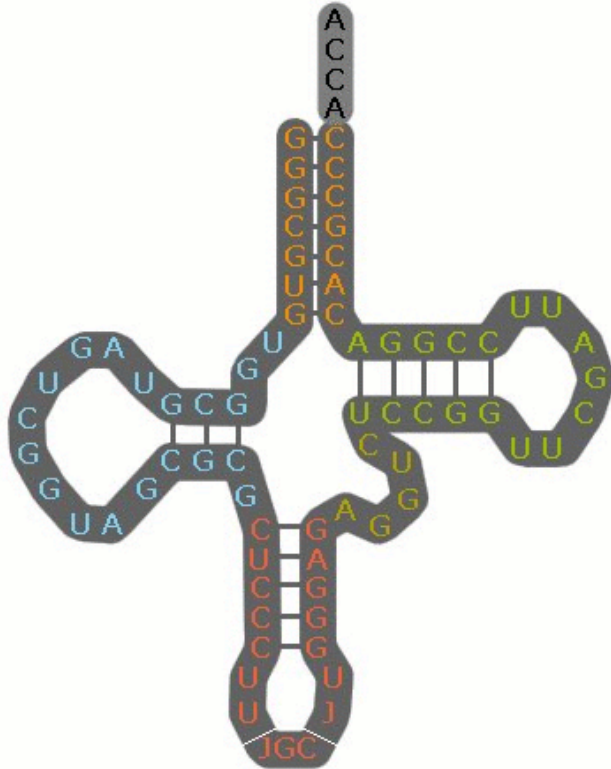
Ako sa líši od DNA?

- obsahuje ribózu namiesto deoxyribózy
- obsahuje uracil namiesto tymínu (bázy A,C,G,U)
- jednovláknové reťazce, zvyčajne kratšie
- zložitá sekundárna štruktúra: spárované komplementárne úseky
- okrem párov A-U, C-G aj nekanonické páry (napr. G-U)
- rôzne funkcie v bunke:
 - centrálna úloha pri expresii génov (mediátorová, transferová, ribozómová RNA),
 - regulácia exprese,
 - katalytické funkcie,
 - prenos genetickej informácie pre RNA vírusy

Štruktúra RNA

Príklad: transferová RNA (transfer RNA)

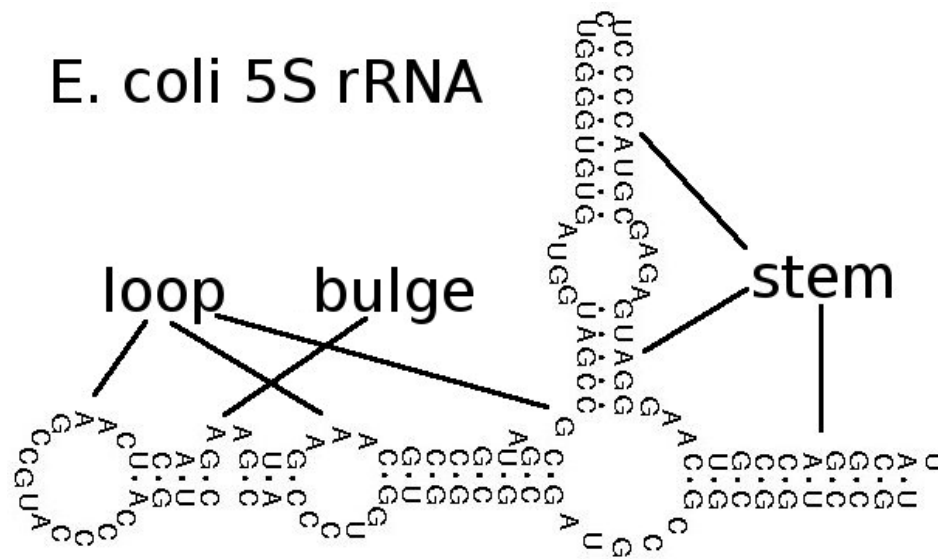
Sekundárna štruktúra
(secondary structure):
páry nukleotidov



Terciárna štruktúra
(tertiary structure):
3D súradnice



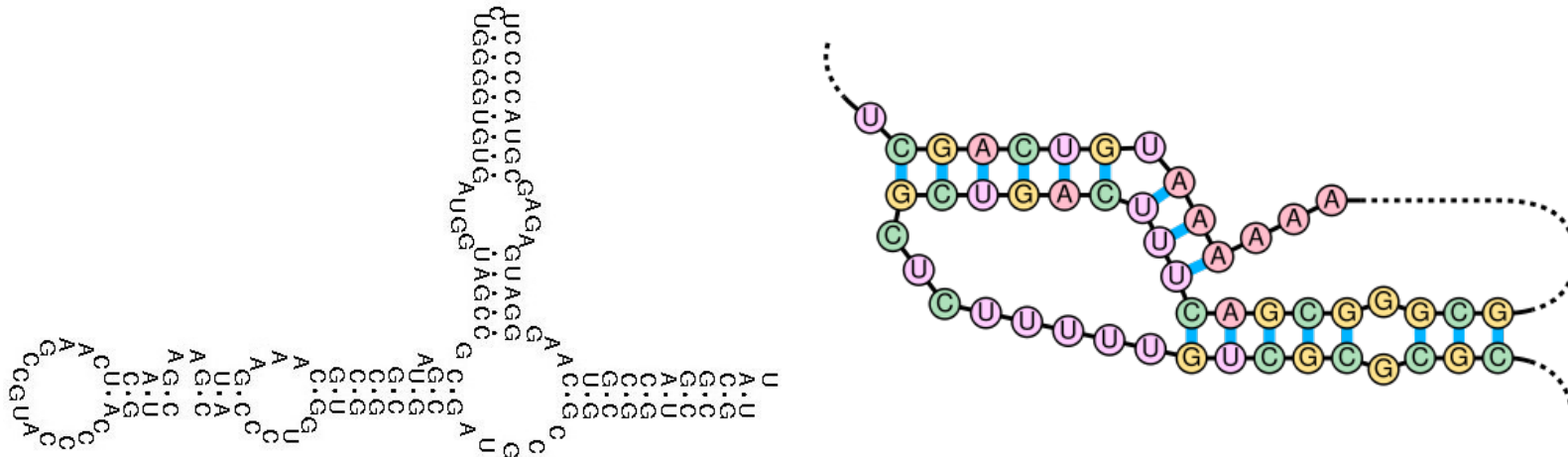
Sekundárna štruktúra RNA



Zápis sekundárnej štruktúry pomocou zátvoriek:

((((((((((((.....((() .)) . (()) . . .))))))))))))) .
 UGCCUGGCGGCCGUAGCG...UAGCGCC...GGGAACUGCCAGGCAU

Dobre uzátvorkované výrazy vs pseudouzly



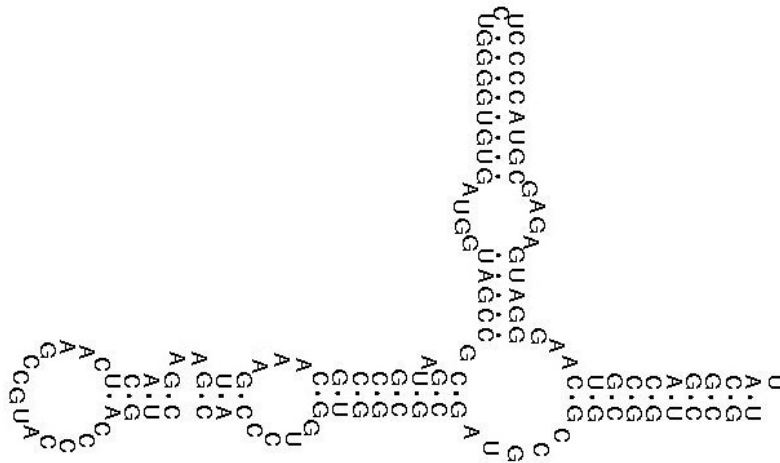
Príklad **vľavo**: spárované bázy tvoria **dobře uzátvorkovaný výraz**:

((((((((((((.....((() .))) . (()))))))))))) .
 UGCCUGGCGGCCGUAGCG...UAGCGCC...GGGAACUGCCAGGCAU

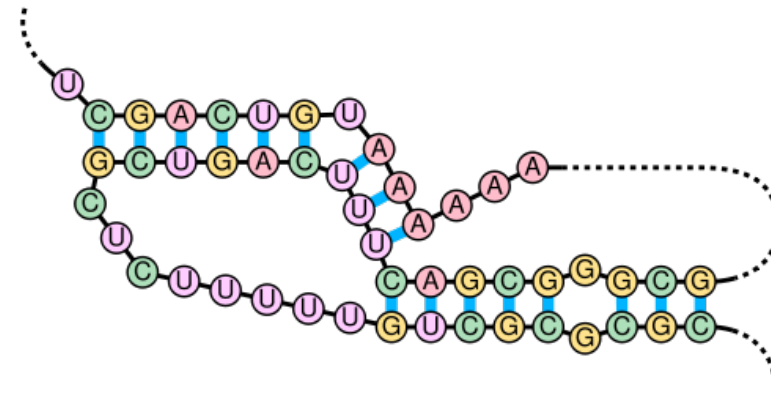
Príklad **vpravo**: **pseudouzol** (výnimka z dobrého uzátvorkovania)

. (((((((. (((.....[[[. [[[[[]))))))))))))))) . .]]]]] .]]]
 UCGACUGUAAAAAGCGGGCGACUUUCAGUCGC...UGUCGCGCGC

Dobre uzátvorkované výrazy vs pseudouzly



bez pseudouzlu

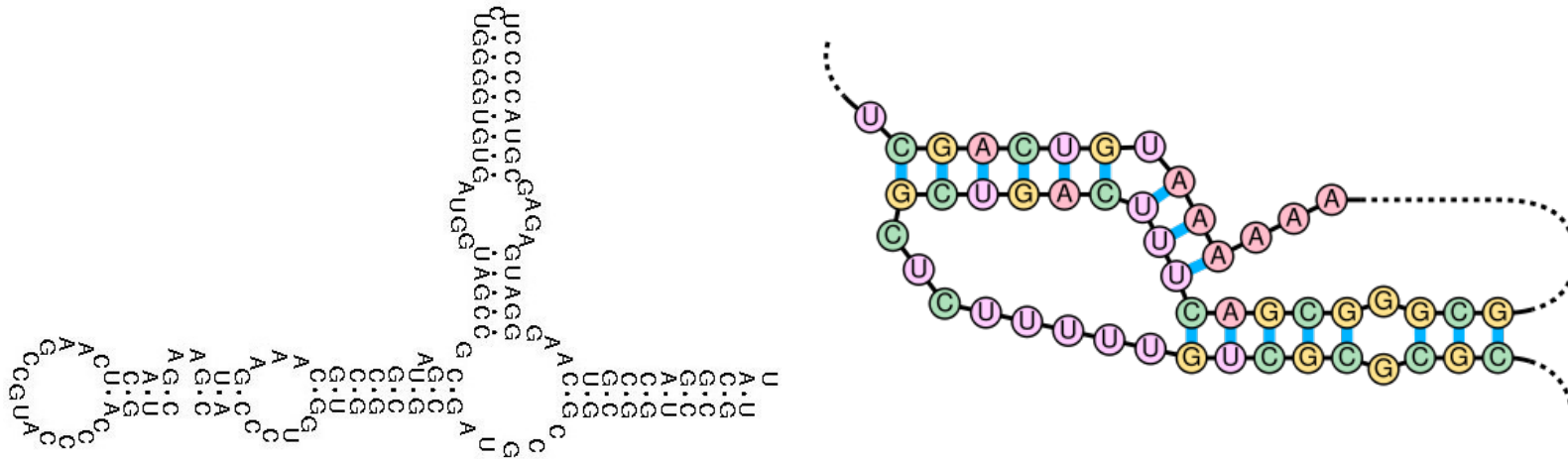


pseudouzol

Mnohé algoritmy na prácu so sekundárnou štruktúrou ignorujú pseudouzly.

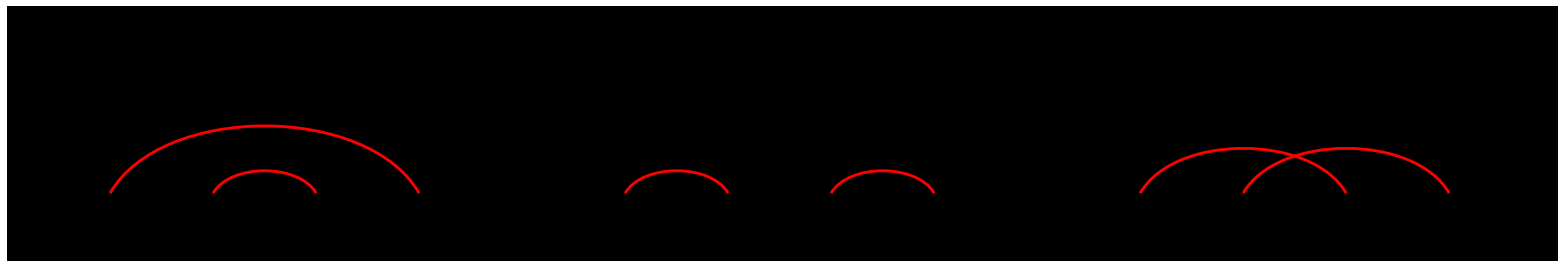
Zhruba 1.4% RNA nukleotidových párov v pseudouzloch.

Dobre uzatvorkované výrazy vs pseudouzly



Matematické vyjadrenie štruktúry bez pseudozulov:

Ak máme páry medzi pozíciami i a j a i' a j' pričom $i < i'$,
tak buď $i < i' < j' < j$ alebo $i < j < i' < j'$.



Problém: určovanie štruktúry RNA

Vstup: RNA sekvencia

Cieľ: nájsť spárované bázy

Veľmi zjednodušená formulácia: nájsť dobre uzátvorkované spárovanie s najväčším počtom komplementárnych párov A-U, C-G.

Príklad:

Vstup: ((.(((())) (((.))))))

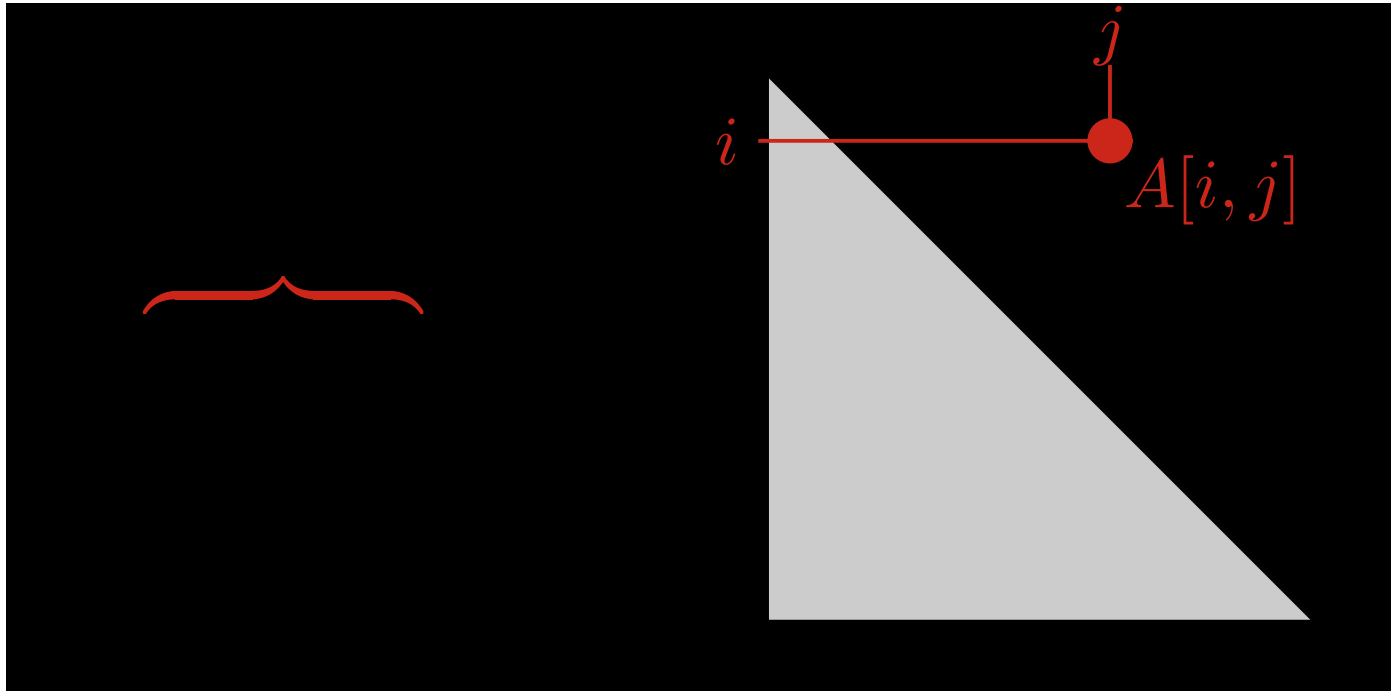
Výstup: GAACACAUGUAAAAUUUGUC

Nussinovej algoritmus

Dynamické programovanie:

Majme RNA $x_1, \dots, x_n$.

Nech $A[i, j]$ je maximálny počet párov v podreťazci $x_i, x_{i+1}, \dots, x_j$.



Nussinovej algoritmus

Dynamické programovanie:

Majme RNA $x_1, \dots, x_n$.

Nech $A[i, j]$ je maximálny počet párov v podreťazci $x_i, x_{i+1}, \dots, x_j$.

Rekurencia:

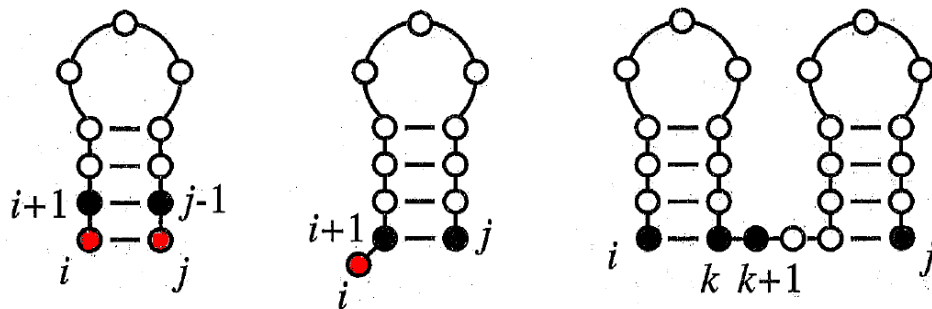
Podreťazce dĺžky 1: žiadne páry $A[i, i] = 0$

Dlhšie podreťazce: 3 prípady

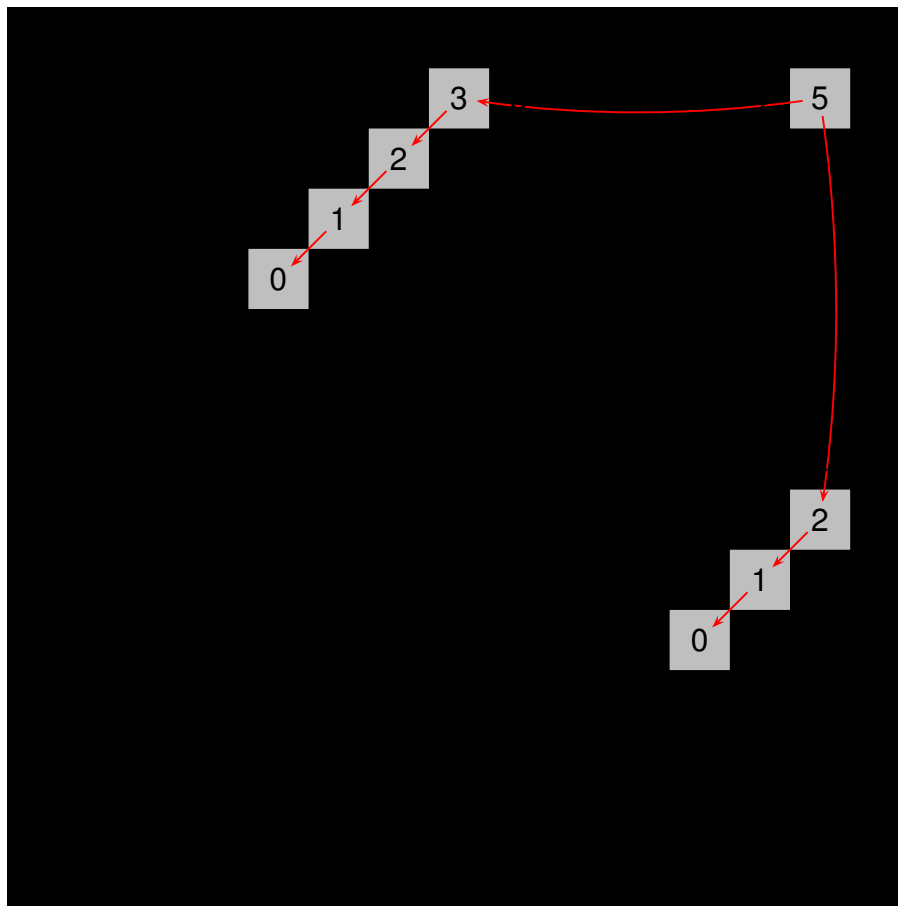
– x_i a x_j sú pár: $A[i, j] = A[i + 1, j - 1] + 1$

– x_i je nespárované: $A[i, j] = A[i + 1, j]$

– x_i je pár s x_k pre $i < k < j$: $A[i, j] = A[i, k] + A[k + 1, j]$

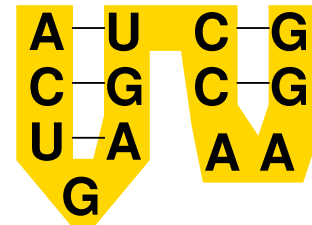


Rekurencia:
$$A[i, j] = \max \begin{cases} A[i + 1, j - 1] + c(x_i, x_j), \\ A[i + 1, j], \\ \max_{k=i+1 \dots j-1} \{A[i, k] + A[k + 1, j]\} \end{cases}$$



$$c(x_i, x_j) = \begin{cases} 1 & \text{ak } x_i - x_j \text{ môže byť pár} \\ 0 & \text{inak} \end{cases}$$

$$A[i, j] = 0 \text{ pre } i \geq j$$



Zložitosť:

$O(n^3)$ čas

$O(n^2)$ pamäť

Štruktúra s minimálnou voľnou energiou (MFE folding)

Realistickejšia formulácia problému určovania sekundárnej štruktúry RNA.

Predpoklad: molekula v rovnovážnom stave

s minimálnou Gibbsovou voľnou energiou (Gibbs free energy).

Energie pre niektoré sekvencie experimentálne zmerané.

Nearest neighbor model: sada parametrov, energie pre dvojice susedných párov v helixoch, dĺžky slučiek atď.

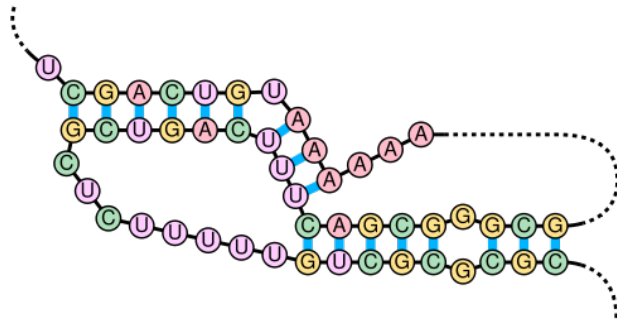
Odvođené z nameraných dát.

Príklad:

			Y:	A	C	G	U
5'	CX	3'					
3'	GY	5'	X:A		.	.	.
			C		.	.	-3.3
			G		.	-2.4	.
			U		-2.1	.	-2.1

Štruktúra s minimálnou energiou sa dá nájsť podobným (ale zložitejším) dyn. programovaním (Zuker and P. Stiegler, 1981)

Algoritmy dovoľujúce pseudouzly



Vo všeobecnosti NP-ťažký problém (Lyngso and Pedersen 2000).

Pomalé dyn. programovanie $O(n^4) - O(n^6)$ nájde niektoré typy pseudouzlovov (Rivas and Eddy 1999)

Tiež môžeme použiť heuristiky (opakované vytváranie silných helixov) alebo celočíselné lineárne programovanie (posledné cvičenia pre informatikov)

Pravdepodobnostné modely na predikciu štruktúry

Chceme: model, ktorý generuje dvojice sekvencia a sek. štruktúra

Použitie: pre danú sekvenciu nájsť najpravdepodobnejšiu štruktúru

HMM nevhodné: závislosti medzi vzdialenými spárovanými bázami.

Stochastická bezkontextová gramatika, stochastic context free grammar (SCFG):

Rozšírenie bezkontextových gramatík

Pravidlám pridáme pravdepodobnosti

Stochastické bezkontextové gramatiky (SCFG)

neterminály (velké písmená) podobné na stavy v HMM,

terminály (malé písmená) reprezentují nukleotidy.

Pravidlá prepisujú neterminál na reťazec terminálov a neterminálov.

Každé pravidlo má pravdepodobnosť.

Príklad: jeden neterminál, 14 pravidiel (ϵ =prázdny reťazec)

$$S \rightarrow \overbrace{aSu}^{0.1} \mid \overbrace{uSa}^{0.1} \mid \overbrace{cSg}^{0.1} \mid \overbrace{gSc}^{0.1} \mid \overbrace{aS}^{0.05} \mid \overbrace{cS}^{0.05} \mid \overbrace{gS}^{0.05} \mid \overbrace{uS}^{0.05} \mid \overbrace{Sa}^{0.05} \mid \overbrace{Sc}^{0.05} \mid \overbrace{Sg}^{0.05} \mid \overbrace{Su}^{0.05} \mid \overbrace{SS}^{0.1} \mid \overbrace{\epsilon}^{0.1}$$

V každom kroku zvol' jeden (napr. najľavejší) neterminál,

prepíš ho náhodne zvoleným pravidlom:

$$S \rightarrow SS \rightarrow aSuS \rightarrow acSguS \rightarrow acuSaguS \rightarrow acugSaguS \rightarrow$$

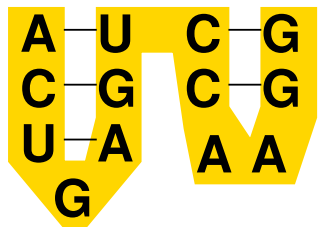
$$acugaguS \rightarrow acugagucSg \rightarrow acugaguccSgg \rightarrow acugaguccSaagg \rightarrow$$

$$acugaguccaSaagg \rightarrow acugaguccaagg$$

Stochastické bezkontextové gramatiky

$$S \rightarrow aSu|uSa|cSg|gSc|aS|cS|gS|uS|Sa|Sc|Sg|Su|SS|\epsilon$$

$$\begin{aligned} S &\rightarrow SS \rightarrow aSuS \rightarrow acSguS \rightarrow acuSaguS \rightarrow acugSaguS \rightarrow \\ &acugaguS \rightarrow acugagucSg \rightarrow acugagucgScg \rightarrow acugagucgSacg \rightarrow \\ &acugagucgaSacg \rightarrow acugagucgaacg \end{aligned}$$



Bázy vygenerované v jednom kroku sú spárované.

Úloha: Nájdi najpravdepodobnejšie odvodenie danej RNA

$\Rightarrow$ určuje sekundárnu štruktúru

Riešenie: Dynamické programovanie (CYK algoritmus), $O(n^3)$

Trénovanie parametrov: zo známych RNA štruktúr

Gramatiky vs. minimalizácia energie

Výhody gramatík:

- možno automaticky trénovať, netreba náročné experimenty,
- rozšíriteľné na modely viacerých sekvencií.

Nevýhody gramatík:

- jednoduché gramatiky nevystihujú všetky aspekty problému,
- nižšia presnosť ako minimalizácia energie.

Evolúcia RNA sekvencií

Často vidíme koreláciu medzi mutáciami v spárovaných bázach.
Např. C sa zmení na A, spárované G sa súčasne zmení na U

Príklad: niekoľko sekvencií z D ramena tRNA

((((.))))

GCUCAGCC . CGGG . . . AGAGC

GCCUAGCC . UGGUCA . AGGGC

GUCUAGC . . . GGA . . . AGGAU

GAGCAGUU . CGGU . . . AGCUC

GUUCAAUC . . GGU . . . AGAAC

Úloha: daných je niekoľko (zarovnaných) sekvencií RNA

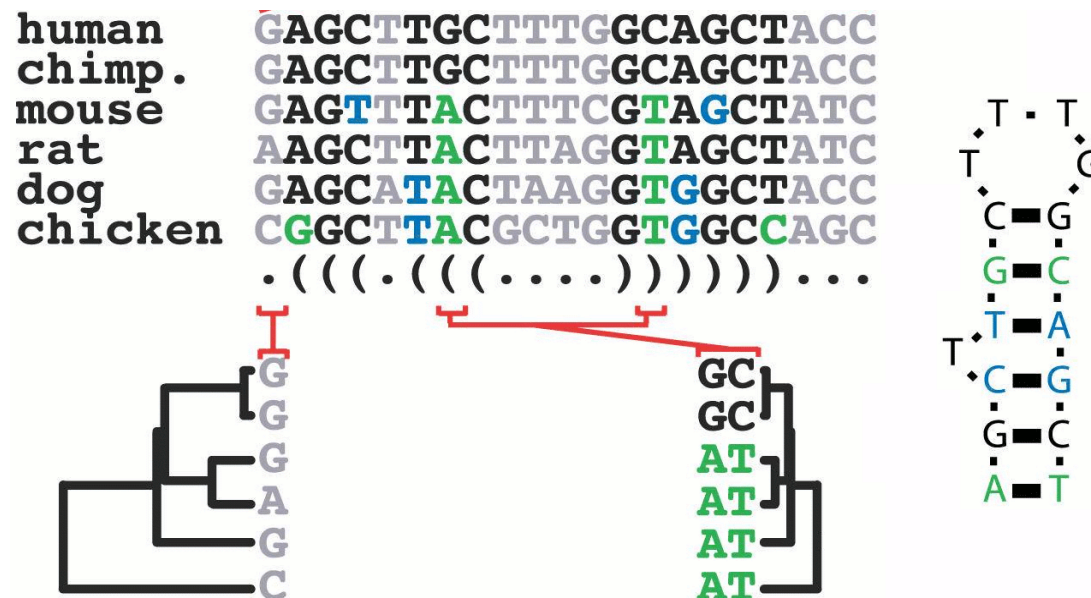
nájdite ich spoločnú RNA štruktúru

(korelácie medzi spárovanými bázami potvrdzujú správnosť štruktúry)

Hľadanie spoločnej štruktúry pre viacero sekvencií

Phylo-SCFG:

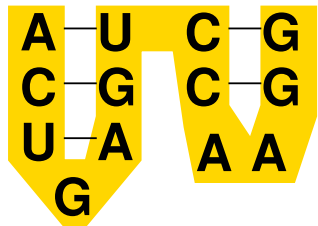
- namiesto jednotlivých báz emituje stĺpce zarovnania podľa fylogenetického stromu.
- nespárované bázy emituje bežnou substitučnou maticou,
- spárované bázy substitučnou maticou dvojíc (16×16).



Problém: hľadanie známych typov RNA génov v genóme

- Databáza Rfam: štruktúry pre >4000 rodín RNA génov
- Pre každú rodinu zarovnanie a pravdepodobnostný model
- Pre RNA kovariančné modely (covariance model, CM):
špeciálny typ SCFG
- Podobná myšlienka ako profilové HMM pre proteínové rodiny

Kovariančný model



$$\begin{array}{lll}
 S \rightarrow B_1 & P_1 \rightarrow aP_2u & P_4 \rightarrow cP_5g \\
 B_1 \rightarrow P_1P_4 & P_2 \rightarrow cP_3g & P_5 \rightarrow gL_2c \\
 & P_3 \rightarrow uL_1a & L_2 \rightarrow aL_3 \\
 & L_1 \rightarrow gE_1 & L_3 \rightarrow aE_2 \\
 & E_1 \rightarrow \epsilon & E_2 \rightarrow \epsilon
 \end{array}$$

- S =start, E_i =end
 P_i =pár, L_i =nespárovaná báza vľavo, R_i =nespárovaná báza vpravo
 ďalšie neterminály modelujú indely.
- terminály (bázy) sa emitujú s pravdepodobnosťami **podľa príslušného stĺpca zarovnania**

$$\text{Např. } P_1 \rightarrow \overbrace{aP_2u}^{0.2} \mid \overbrace{uP_2a}^{0.2} \mid \overbrace{cP_2g}^{0.4} \mid \overbrace{cP_2u}^{0.1}$$

- veľkosť gramatiky úmerná dĺžke modelovanej RNA rodiny

Kovariančný model

Použitie:

hľadať výskyty génu v DNA (lokálne zarovnanie),
nájsť štruktúru nového génu z tej istej rodiny (globálne zarovnanie).

Dynamické programovanie: čas $O(MND^2)$,

M = počet neterminálov v gramatike, úmerný dĺžke zarovnania,

N = dĺžka DNA sekvencie,

D = max. dĺžka RNA génu v DNA (úmerná M).

Zrýchlenie:

nájsť sľubné úseky podobné na sekvencie v RNA rodine

(iba na základe podobnosti sekvencií)

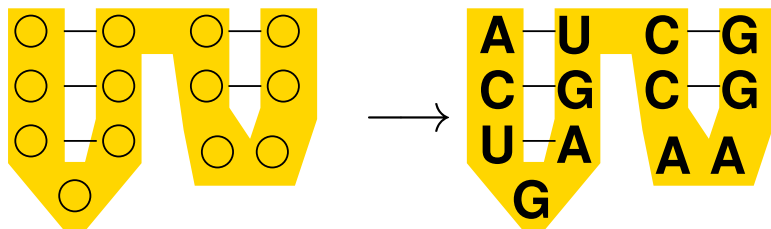
aplikuj CM iba na sľubné úseky

Problém: dizajn RNA

Daná RNA sekundárna štruktúra (párovanie).

Nájdí sekvenciu, pre ktorú je táto štruktúra optimálna.

Nie je známy efektívny algoritmus, heuristiky často nájdú sekvenciu pomerne rýchlo.



Použitie: skúmanie možných RNA štruktúr, vývoj liekov (ribozymes, riboswitches), RNA pre laboratórne techniky, RNA nanoštruktúry

Zhrnutie

- Určovanie sekundárnej štruktúry RNA:
minimalizácia energie, pravdepodobnostné SCFG
- Lepšie výsledky, keď použijeme zarovnanie viacerých sekvencií (PhyloSCFG)
- Známe rodiny reprezentujeme pomocou kovariančných modelov
v nových sekvenciách hľadáme výskyty rodín z databázy Rfam
- Väčšina problémov sa dá riešiť dynamickým programovaním, ktoré je pomerne pomalé a ignoruje pseudouzly.
- Ďalšie zaujímavé problémy: napr. dizajn RNA štruktúr

Oznamy

- Dnes posledná prednáška, po prednáške cvičenia pre biológov
- Budúci štvrtok 15.12.:
 - posledné cvičenia pre informatikov
 - nepovinné prezentácie journal clubu v čase prednášky (chceme?)
 - cvičenia pre biológov dohodneme
- Termíny na konci semestra
 - DÚ3 utorok 13.12., správy zo journal clubu piatok 16.12.

Skúška pre informatikov (BIN, INF, DAV, AIN)

- Treba získať aspoň polovicu bodov
- Na stránke budú ukážky jednoduchých príkladov, cca 50% bodov
 - v prípade záujmu pred skúškou konzultačné hodiny
- Zvyšné príklady budú prekvapením, v minulosti sa vyskytli:
 - Krátke príklady na pochopenie základných pojmov
 - Navrhnite/modifikujte algoritmus alebo model
- Povolené pomôcky:
 - písacie potreby, ťahák 2 listy A4, jednoduchá kalkulačka
- **Termín?**

Ak súhlasíte, dátumy opravných termínov dohodneme s tými, ktorých sa budú týkať

Polymorfizmus a populačná genetika

Broňa Brejová

8.12.2022



Populačná genetika

- Rôzne jedince toho istého druhu nemajú identický genóm
- Tieto rozdiely vplývajú na fenotyp (výzor, správanie, choroby, ...)
- Genómy viacerých jedincov môžeme sekvenovať a porovnávať s referenčnou verziou

Možné aplikácie populačnej genetiky:

- Úloha jednotlivých genetických rozdielov
- História a charakter populácie (podpopulácie, migrácia, historická veľkosť populácie)

SNPy (Single Nucleotide Polymorphisms)

- SNP: jednobázová variabilita medzi jedincami ($> 1\%$ jedincov)
- Obvykle iba dve formy: **väčšinová** a **menšinová** alela
- Aj malá zmena v DNA môže spôsobiť veľké fenotypické zmeny

Systematické mapovanie SNPov:

Projekt 1000 ľudských genómov 2008-2015

identifikácia $> 95\%$ SNPov s aspoň 1% frekvenciou menšinovej alely
pomocou NGS sekvenovania

Mapovanie asociácií (Trait/Disease Association Mapping)

- Znaky (a choroby) vznikajú kombináciou genetických a environmentálnych vplyvov
- Cieľ: Identifikovať genetické vplyvy
 - Ako fungujú choroby?
 - Aký je risk dedičného faktoru choroby?
 - Vývoj nových liekov, ich správne cielenie (farmakogenomika)

Napr. mutácie v génoch rodiny cytochrómu P450 majú vplyv na odbúravanie liekov v pečeni, ovplyvňujú veľkosť potrebnej dávky

Diploidné genómy

- Človek má **diploidný genóm**:
má v bunkách po dva chromozómy 1...22
plus pohlavné chromozómy X,X alebo X,Y
- Jeden chromozóm z páru od matky, jeden od otca
- Pre daný SNP s alelami (formami) a , A
môže byť **homozygot** (aa alebo AA),
alebo **heterozygot** (aA)
- Ak nejaká choroba zapríčinená alelou a ,
tak sa môže prejaviť iba pri homozygotoch aa ,
alebo aj pri heterozygotoch aA ,
alebo môže byť pri aa silnejšia ako pri aA

Diploidné genómy

- Človek má **diploidný genóm**:
má v bunkách po dva chromozómy 1...22
plus pohlavné chromozómy X,X alebo X,Y
- Jeden chromozóm z páru od matky, jeden od otca
- Pre daný SNP s alelami (formami) a , A
môže byť **homozygot** (aa alebo AA),
alebo **heterozygot** (aA)
- **Haplotyp**: kombinácia aliel rôznych SNPov na tom istom chromozóme
(zdedená od jedného rodiča)
Diploidný jedinec má teda dva haplotypy

chr1 od matky: ...A...T...G... ..

chr1 od otca: ...T...C...A... ..

Testovanie asociácie jedného SNPu

Kontingenčná tabuľka - počet haplotypov

Veľkosť psa vs. alela na pozícii chr15:44,228,468

	pôvodná alela	odvodená alela	spolu
malý pes (< 9 kg)	14	535	549
veľký pes (> 31 kg)	339	38	377
spolu	353	573	926



[Sutter a kol. 2007]

Štatisticky testujeme či sú riadky a stĺpce **nezávislé (nulová hypotéza)**.

Ak **vylúčime nulovú hypotézu**, našli sme asociáciu, nemusí však ísť o príčinu

Ak ju nevylúčime, nepreukázali sme súvis SNPu s veľkosťou

(môže ale existovať, možno treba viac dát)

Testovanie nezávislosti v kontingenčnej tabuľke

	pôvodná alela	odvodená alela	spolu
malý pes	14	535	549
veľký pes	339	38	377
spolu	353	573	926

Fisherov test: (Fisher's exact test) presný výsledok z hypergeometrického rozdelenia

Chí-kvadrát (χ^2) test: obľúbený približný test, vhodný ak máme vysoké počty

Používajú sa aj zložitejšie štatistické modely
(napr. diploidný genóm, príbuzenské vzťahy, ...)

Testovanie nezávislosti v kontingenčnej tabuľke χ^2 testom

	alela A	alela a	spolu
malý pes (m)	14	535	549
veľký pes (v)	339	38	377
spolu	353	573	926

V nulovej hypotéze (nezávislosť riadkov a stĺpcov) máme:

$$\Pr(A) = 353/926 = 0.381, \Pr(a) = 0.619$$

$$\Pr(m) = 549/926 = 0.593, \Pr(v) = 0.407$$

$$\Pr(A, m) = \Pr(A) \Pr(m) = 0.226$$

$$\Pr(a, m) = \Pr(a) \Pr(m) = 0.367$$

$$\Pr(A, v) = \Pr(A) \Pr(v) = 0.155$$

$$\Pr(a, v) = \Pr(a) \Pr(v) = 0.252$$

Podľa nulovej hypotézy by sme teda čakali, že 926 haplotypov bude v tabuľke rozdelených v pomeroch 0.226:0.367:0.155:0.252

Testovanie nezávislosti v kontingenčnej tabuľke χ^2 testom

Skutočná tabuľka

$O_{i,j}$ (observed):

	A	a	spolu
malý	14	535	549
veľký	339	38	377
spolu	353	573	926

Očakávané podľa nulovej hypotézy

$E_{i,j}$ (expected):

	A	a	spolu
malý	209.3	339.8	549
veľký	143.5	233.4	377
spolu	353	573	926

Spočítame veličinu $\chi^2 = \sum_{i \in \{m,v\}} \sum_{j \in \{A,a\}} \frac{(O_{i,j} - E_{i,j})^2}{E_{i,j}}$

$$\chi^2 = (14 - 209.3)^2 / 209.3 + (535 - 339.8)^2 / 339.8 + (339 - 143.5)^2 / 143.5 + (38 - 233.4)^2 / 233.4 = 724.3$$

χ^2 je určitá miera rozdielnosti tabuliek O a E .

Platí, že $\chi^2 \geq 0$ a χ^2 je nula, iba ak sa tabuľky úplne zhodujú.

Testovanie nezávislosti v kontingenčnej tabuľke χ^2 testom

$O_{i,j}$ (observed):

	A	a	spolu
malý	14	535	549
veľký	339	38	377
spolu	353	573	926

$E_{i,j}$ (expected):

	A	a	spolu
malý	209.3	339.8	549
veľký	143.5	233.4	377
spolu	353	573	926

Spočítame veličinu $\chi^2 = \sum_{i \in \{m,v\}} \sum_{j \in \{A,a\}} \frac{(O_{i,j} - E_{i,j})^2}{E_{i,j}} = 724.3$

Ak platí nulová hypotéza, χ^2 je približne z rozdelenia $\chi^2(1)$,

t.j. **chí kvadrát s jedným stupňom voľnosti**.

1 stupeň: ak poznáme E a 1 políčko z O , zvyšok O vieme dopočítať.

Šanca, že pri nulovej hypotéze nám náhodne vyjde $\chi^2 \geq 724.3$ je $1.6 \cdot 10^{-159}$
(P-hodnota)

Na **odmietnutie nulovej hypotézy** často používame

prah $P < 0.05$, t.j. $\chi^2 > 3.841$

Závislosť medzi dvoma rôznymi SNPmi

Uvažujme SNP s alelami p/P a ďalší SNP s alelami q/Q .

Nameriame počty haplotypov pq, PQ, pQ, Pq

Príklad: 2000 haplotypov (1000 jedincov)

	Q	q	
P	474	611	$\chi^2 = 184.78$, P-hodnota $4.4 \cdot 10^{-42}$
p	142	773	

Stĺpce a riadky teda nie sú nezávislé, medzi SNPmi je závislosť

Príklad 2: Podobné pomery počtov, ale iba 30 haloptypov:

	Q	q	
P	7	9	$\chi^2 = 3.0867$, P-hodnota 0.07893
p	2	12	

Nulovú hypotézu nevyhlúčime pre prah $P < 0.05$ ($\chi^2 > 3.841$)

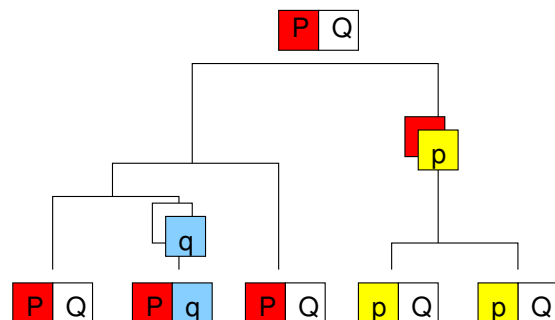
Ale pozor, pre takéto malé hodnoty χ^2 **nepresný**

Ako vzniká závislosť medzi dvoma rôznymi SNPmi

Na rozdielnych chromozómoch:

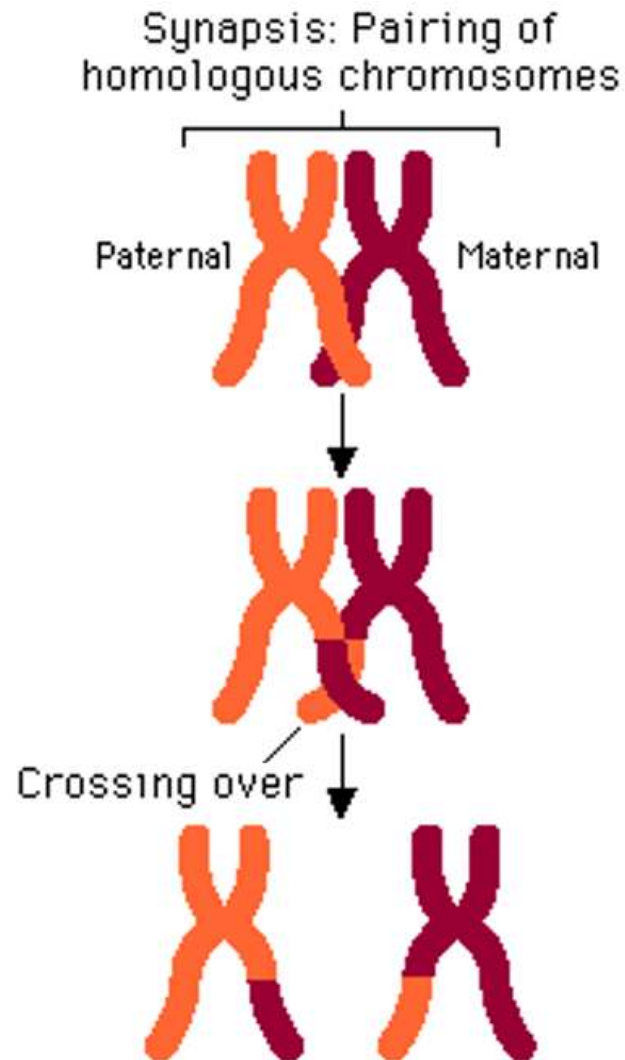
- Pravdepodobnosti výskytu jednotlivých alel sú nezávislé
- $\Pr(pq) = \Pr(p) \Pr(q)$, $\Pr(PQ) = \Pr(P) \Pr(Q)$, atď
- **väzbová rovnováha, linkage equilibrium (LE)**

Blízko seba na tom istom chromozóme:



- Málokedy mutácia na to istom mieste 2x, zriedkavá rekombinácia
 - Kombinácie nie sú úplne náhodné
 - Korelácie medzi SNPmi
- ⇒ **väzbová nerovnováha, linkage disequilibrium (LD)**

Rekombinácia



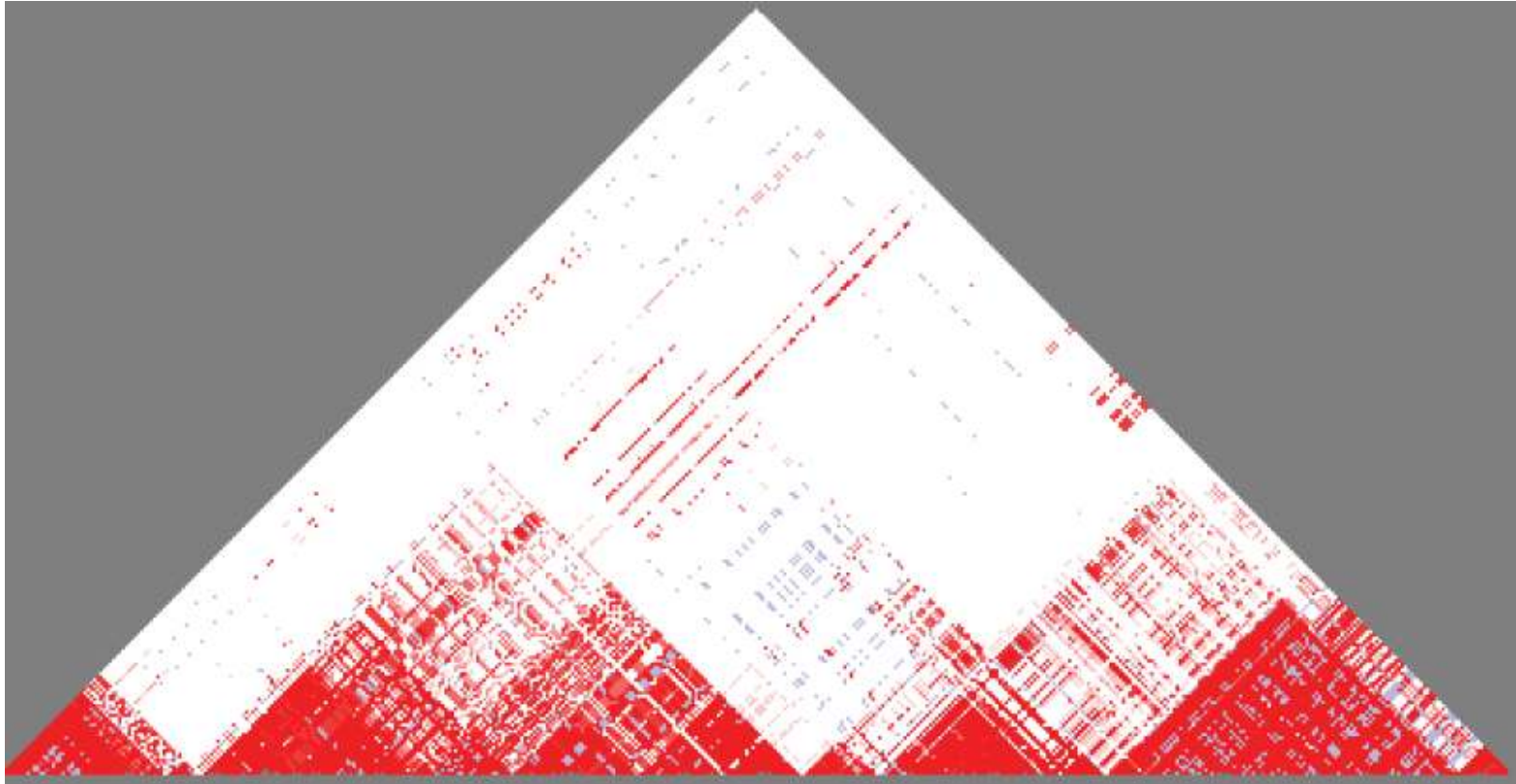
Cca 1-3 **rekombinácie** v 1 ľudskom chromozóme počas meiózy (tvorba pohlavných buniek)

Rekombinácia znižuje LD

Ak predpokladáme rovnomernú rekombináciu:

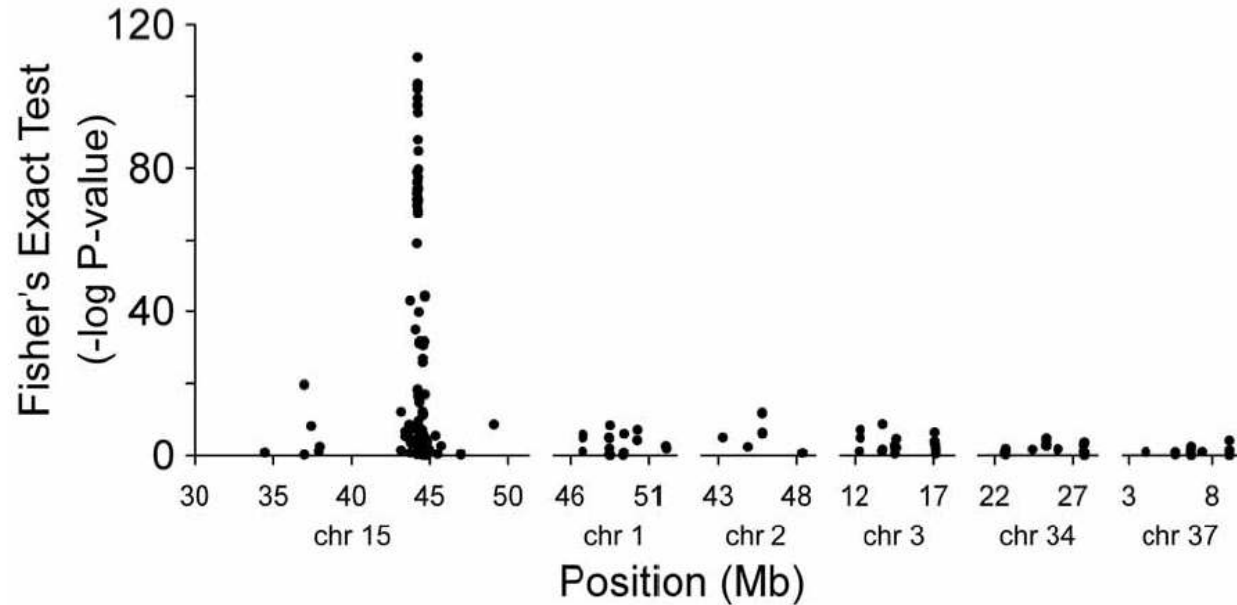
- Čím vzdialenejšie SNPy, tým nižšie LD
- Čím staršie SNPy, tým nižšie LD
- Ďalšie aspekty: štruktúra populácie, prirodzený výber, rekombinačné hotspoty

Väzbová nerovnováha (LD) v ľudskom genóme



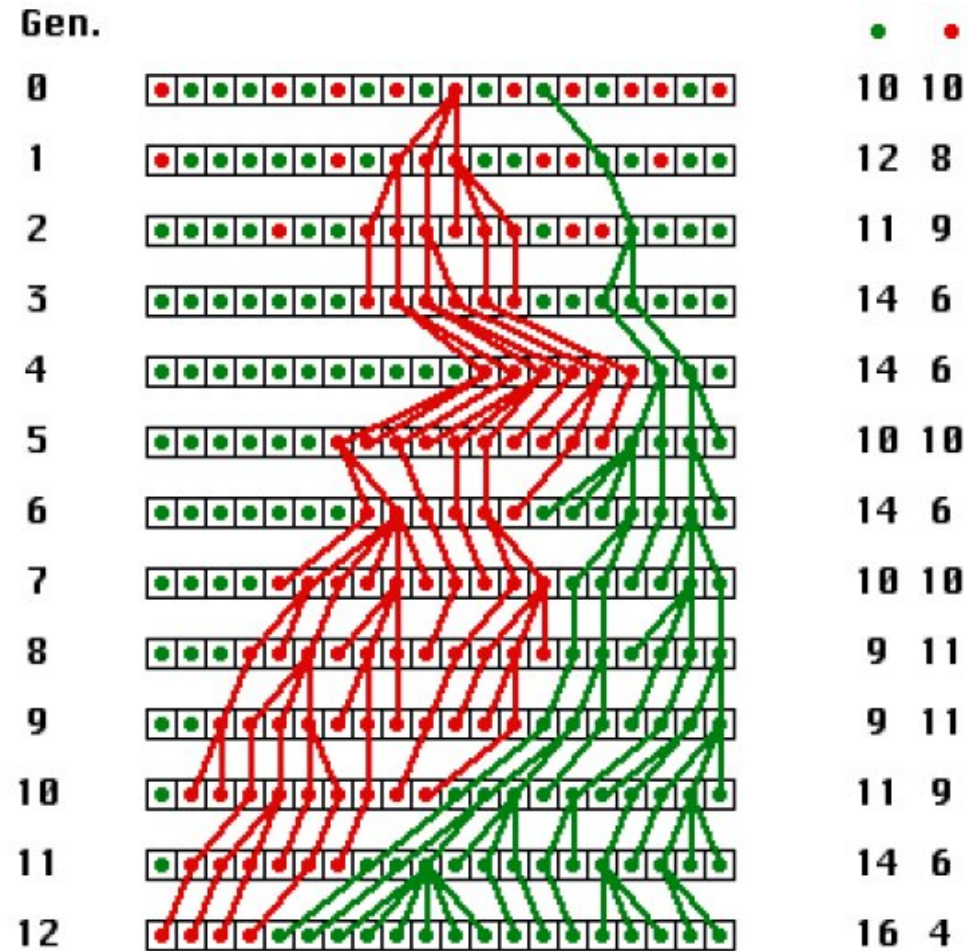
Región ENm014 (500kB, chr 7), 90 ľudí Utah, project HapMap

Späť k psom: Hľadanie asociácií v celom genóme (Genome-Wide Association Study, GWAS)



- V prípade štúdie veľkosti psov: GWAS identifikoval 84 kB región
- Pozíciu ďalej treba spresniť ďalšími experimentami
- **Veľké LD bloky** $\Rightarrow$ veľké výsledné regióny

Základný model populačnej genetiky: Wrightov-Fisherov model



Životný cyklus SNPov vo Wrightovom-Fisherovom modeli

- Populácia N jedincov (stabilná veľkosť)
- Jedinec = jedna alela (A or a)
- Nová generácia vzniká “skopírovaním” náhodného rodiča (random mating), bez vplyvu prirodzeného výberu
- X_t : počet jedincov s alelou a v generácii t
- **Markovovský reťazec** so stavmi $X_t \in \{0, 1, \dots, N\}$

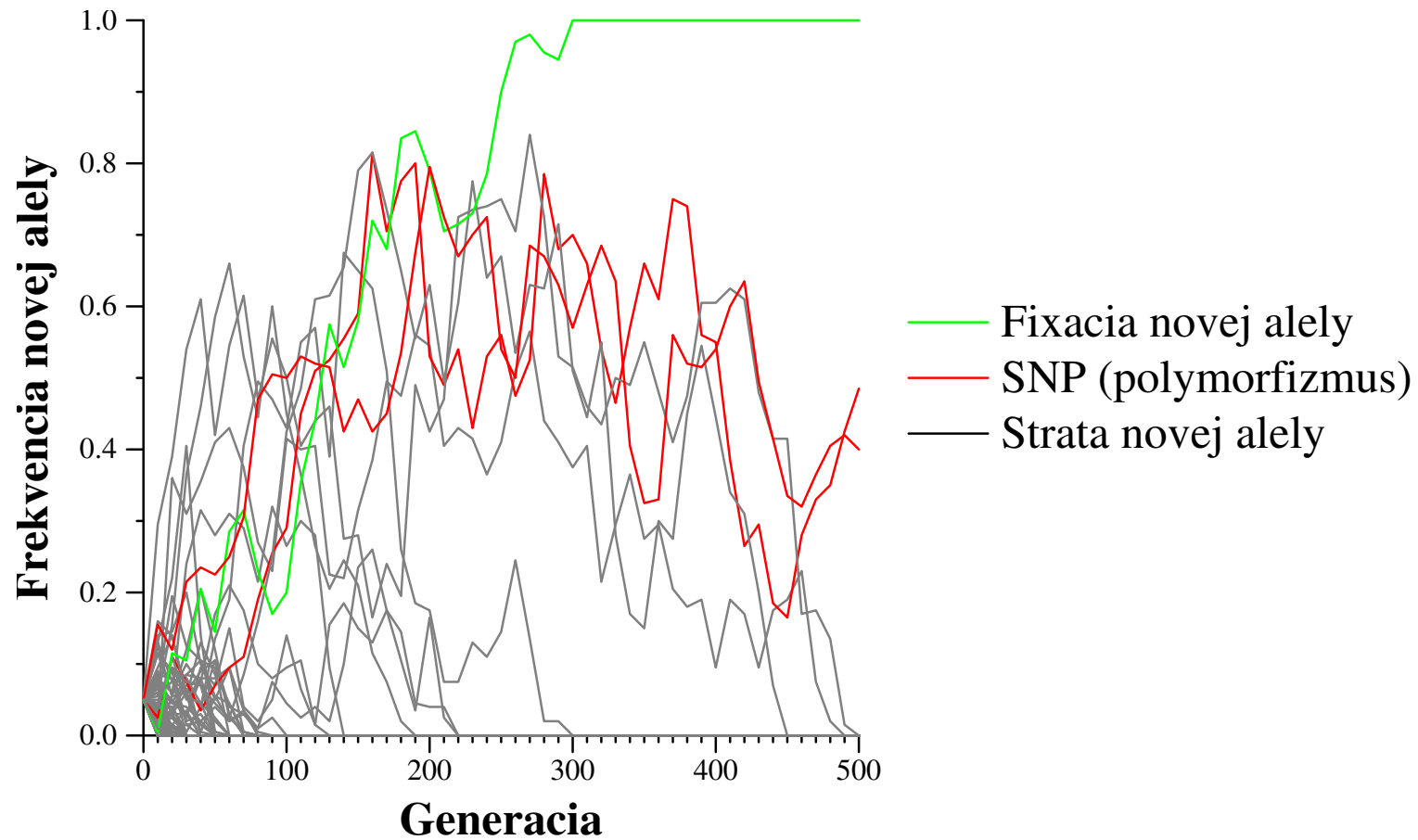
$$\Pr(X_t = j \mid X_{t-1} = i) = \left(\frac{i}{N}\right)^j \left(\frac{N-i}{N}\right)^{N-j} \binom{N}{j}$$

(Pravdepodobnosť, že v generácii t máme j kópií alely a , ak v generácii $t - 1$ ich bolo i)

- Stavy 0 and N sú **pohlcajúce**

Náhodný genetický drift

$N = 200$, $X_0 = 10$, 500 generácií



Zložitejšie modely populácie

- **Mutácie** zavádzajú do populácie nové alely, ktoré po čase náhodným genetickým driftom zaniknú, alebo ovládnu populáciu (fixation).
- Rýchlosť procesu je ovplyvnená efektami ako **štruktúra populácie** alebo **prirodzený výber**
- $\Rightarrow$ Zložitejšie pravdepodobnostné modely

Analýza histórie populácie na základe pravdepodobnostných modelov

Typické parametre pravdepodobnostného modelu:

- efektívna veľkosť populácie
- frekvencia rekombinácie a mutácie

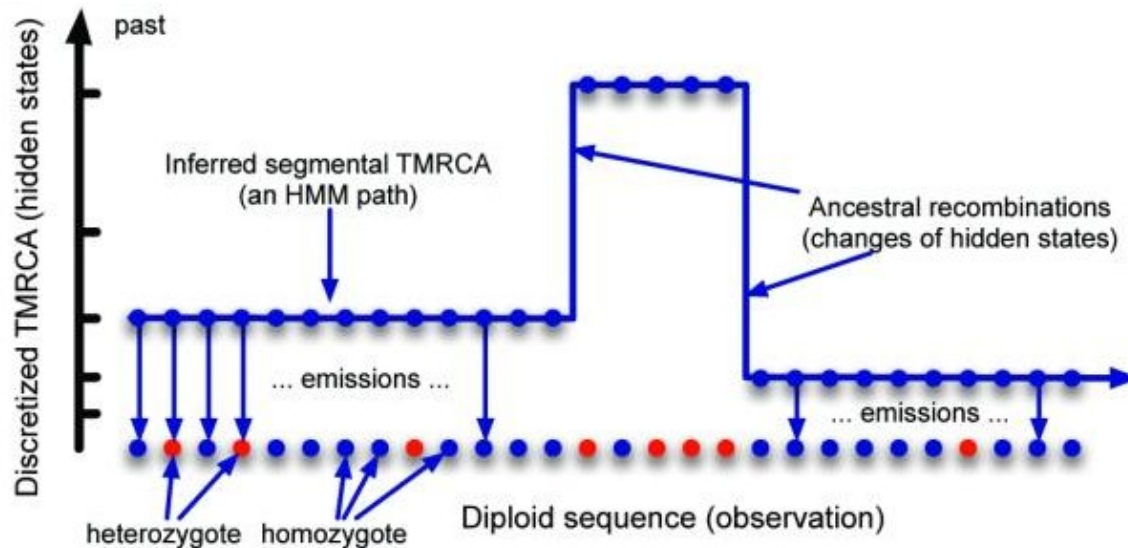
Parametre ovplyvňujú pozorované dáta:

- Frekvencie SNPov (frekvencia menšinovej alely)
- Heterozygocita u diploidných jedincov
- Počet a veľkosť LD blokov

Štandardný prístup: Snažíme sa nájsť parametre modelu, ktoré najlepšie vysvetľujú pozorované dáta u osekvenovaných jedincov.

História ľudskej populácie z genómu jedinca (Li, Durbin 2011)

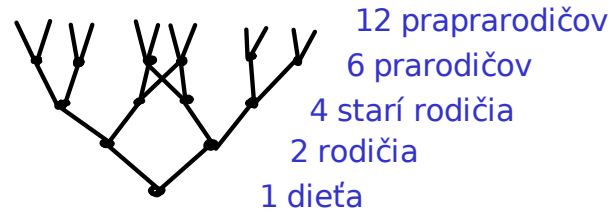
- **Parametre modelu:** história vývoja efektívnej veľkosti ľudskej populácie v čase
- **Pozorované štatistiky:**
 - rozdelenie veľkostí rekombinačných blokov
 - rozdelenie časov ku najbližšiemu spoločnému predkovi (TMRCA)



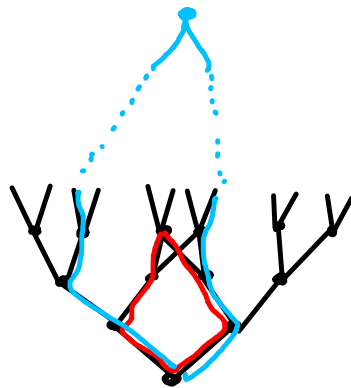
Čas k najbližšiemu spoločnému predkovi a počet mutácií



bez sobášov medzi blízkymi príbuznými

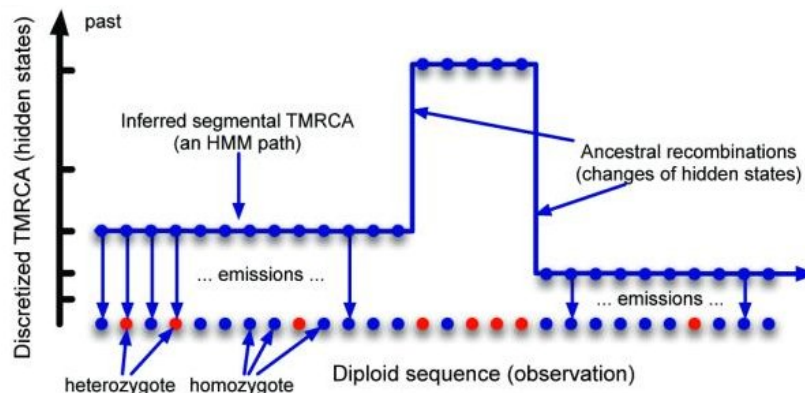


bratranec a sesternica majú dieťa



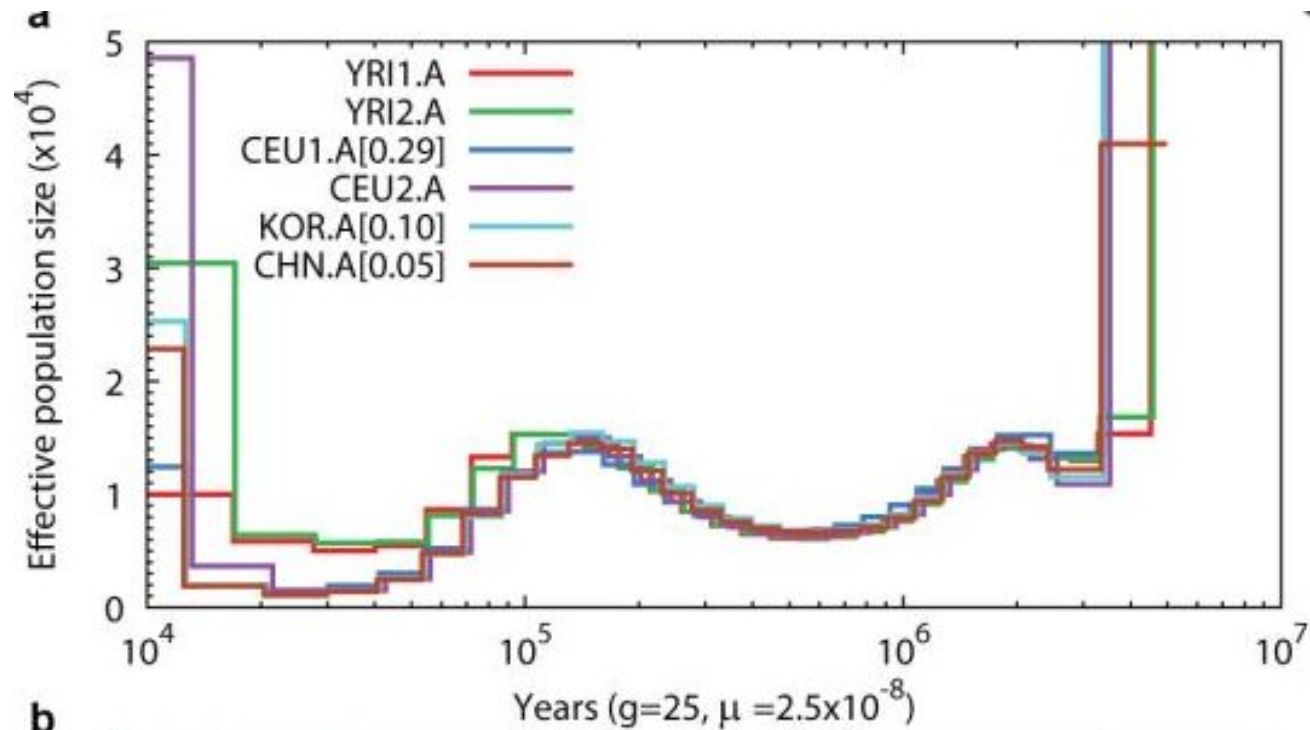
dávny spoločný predok,
veľa mutácií

nedávny spoločný predok,
málo mutácií



Príklad: História ľudskej populácie z genómu jedinca

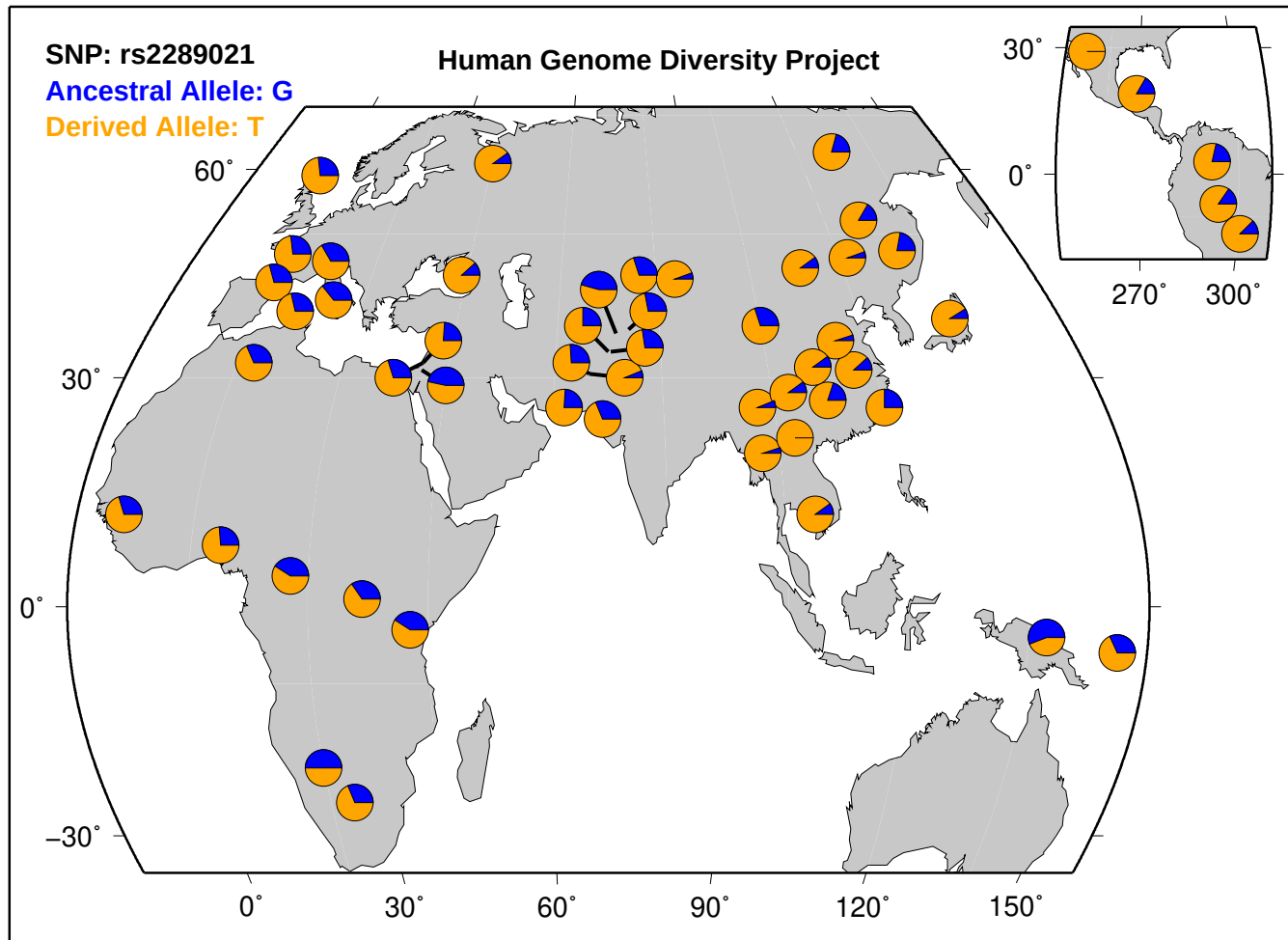
Úloha: Nájdi históriu vývoja efektívnej veľkosti ľudskej populácie, ktorá najlepšie vysvetľuje pozorované štatistiky



Štruktúra populácie

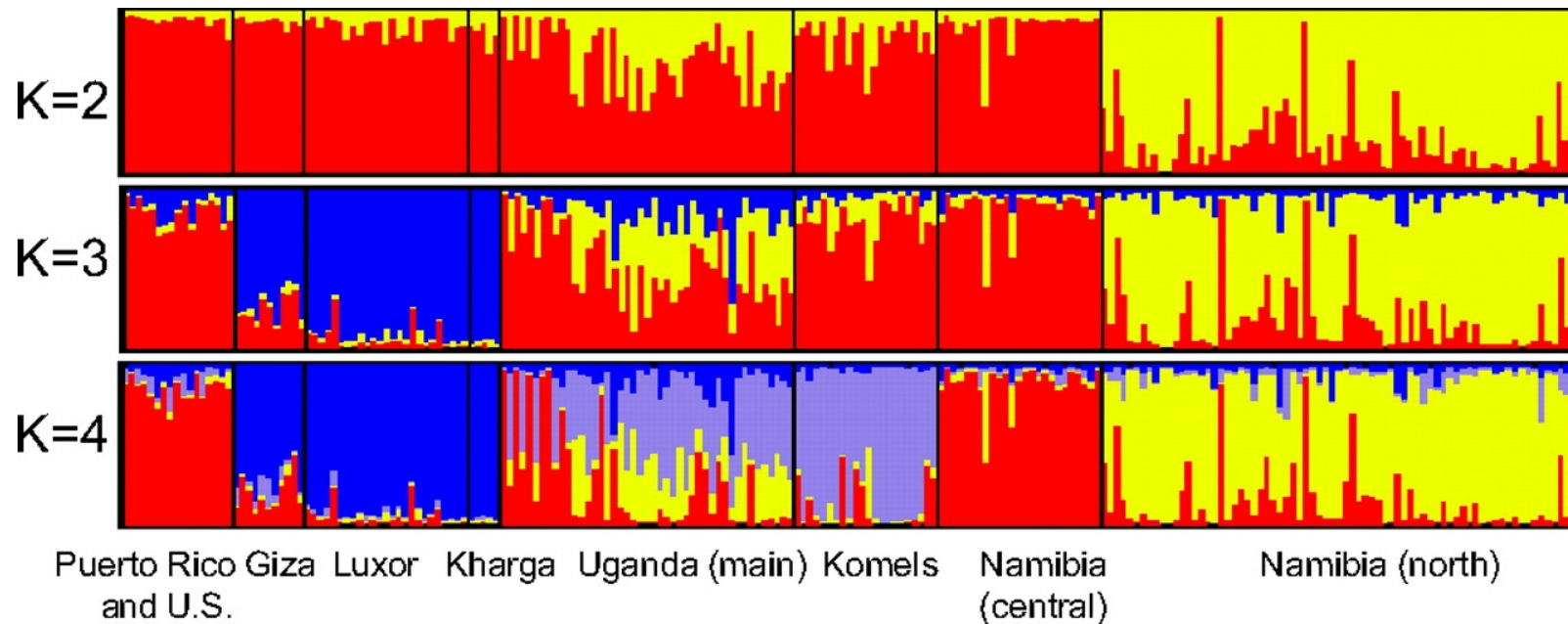
- Doteraz sme predpokladali, že nová generácia vzniká **náhodným párovaním** (random mating)
- Väčšina organizmov sa vyvíja v **subpopuláciách**, s obmedzeným prenosom genetického materiálu medzi subpopuláciami
- Frekvencie toho istého SNPu v dvoch subpopuláciách môžu byť značne odlišné
- $\Rightarrow$ “falošné” korelácie medzi SNPami (napr. aj medzi chromozómami), ak pracujeme s viacerými subpopuláciami naraz
- $\Rightarrow$ chybné výsledky pri LD a GWAS

Príklad: frekvencie alel jedného konkrétneho SNPu u ľudí v rôznych častiach sveta



zdroj: genome.ucsc.edu

Štruktúra populácie psov



Boyko et al. PNAS 2009; software STRUCTURE Pritchard et al. Genetics 2000

- Program STRUCTURE rozdelí populáciu na K subpopulácií (farby)
- Každý stĺpec je jedinec z populácie
- Pomer farieb zodpovedá pomeru SNPov z každej z K populácií

Ako funguje STRUCTURE?

- **Vstup:** Vzorka haplotypov X , ktorú chceme rozdeliť do K subpopulácií
- Definujeme stochastický model s nasledujúcimi premennými:
 - $P_{i,j}$ - frekvencia SNPu j v subpopulácii i
 - Q_i - aká časť SNPov v haplotype i patrí ku ktorej subpopulácii
 - $Z_{i,j}$ - priradenie subpopulácie SNPu j v haplotype i
- Model definuje $\Pr[X \mid P, Q, Z]$ a apriórne rozdelenie pre P, Q
- **Výstup:** $E[Q \mid X]$

Algoritmus Markov Chain Monte Carlo (MCMC)

- Premenné:
 - $P_{i,j}$ - frekvencia SNPu j v populácii i
 - $Z_{i,j}$ - priradenie subpopulácie SNPu j v haplotype i
 - Q_i - aká časť SNPov v haplotype i patrí ku ktorej populácii
- Začni s hodnotami $P^{(0)}, Z^{(0)}, Q^{(0)}$. V každej ďalšej iterácii získame novú náhodnú vzorku:
 - Vyber náhodnú vzorku $P^{(i)}, Q^{(i)}$ z distribúcie $\Pr(P, Q \mid X, Z^{(i-1)})$
 - Vyber náhodnú vzorku $Z^{(i)}$ z distribúcie $\Pr(Z \mid X, P^{(i)}, Q^{(i)})$
- Pre vhodné m, c , priemer postupnosti

$$Q^{(m)}, Q^{(m+c)}, Q^{(m+2c)}, \dots$$

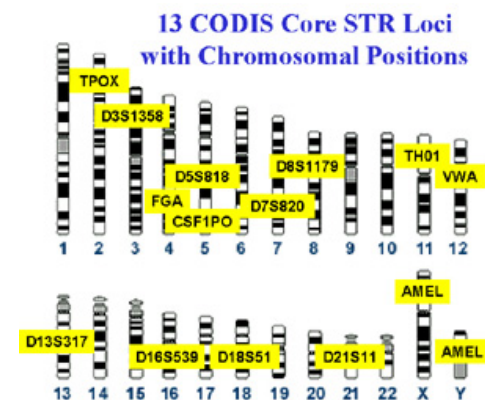
konverguje k hodnote $E[Q \mid X]$

Zhrnutie

- **SNPy (single nucleotide polymorphisms)** priebežne vznikajú a zanikajú v populáciách
- Ich frekvencia ovplyvnená navyše prirodzeným výberom
- Bez rekombinácie korelácia medzi SNPmi na tom istom chromozóme (**linkage disequilibrium**)
- Rekombinácie vytvárajú v genóme LD bloky
- Prítomnosť LD blokov vplýva na výsledky mapovania asociácií znakov (**genome-wide association mapping**)
- Pravdepodobnostné modely veľkosti LD blokov, frekvencií alel, heterozygosity a pod. nám môžu veľa prezradiť o **histórii populácie**
- Pri analýzach treba brať do úvahy **štruktúru populácie**, ktorú možno odhadnúť pomocou výpočtových metód

Ďalšie typy polymorfizmov

- **Krátke indely**
- **Mikrosatelity a minisatelity** (jednoduché krátke opakujúce sa sekvencie)
13 lokusov ako štandardný “odtlačok” pre porovnávanie DNA vzoriek na súdoch v USA



- **Transpozóny** (Alu, LINE, SINE)
Alu má cca milión kópií, cca 1 nová kópia na 20 novorodencov
- **Veľké úseky s variabilnou multiplicitou** (Large scale copy number variations)