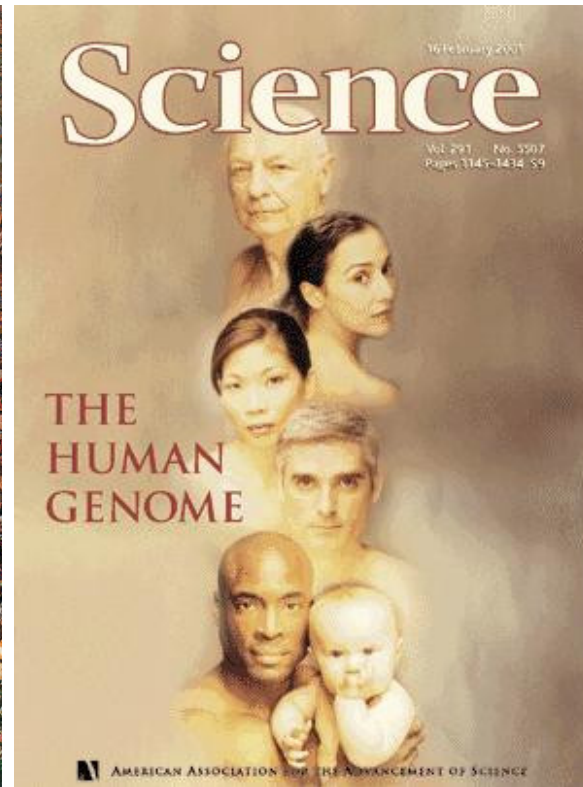


Sekvenovanie a zostavovanie genómov (genome sequencing and assembly)

Broňa Brejová

22.9.2022



Typický priebeh sekvenovania

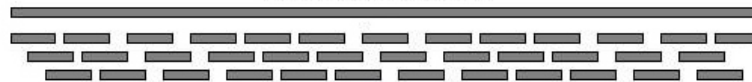
1. Chromozómy náhodne rozsekáme na menšie kúsky
(napr. pomocou sonikácie)
2. Menšie kúsky namnožíme
(napr. pomocou PCR, bakteriálneho klonovania a pod.)
3. Konce týchto kúskov osekvenujeme niektorou zo sekvenovacích technológií
⇒ mnoho krátkych reťazcov, ktoré nazývame **čítania**
4. Čítania **výpočtovo 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	≈ 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, chiméry
- Viac chromozómov, neúplné pokrytie čítaniami
- Repetitívna sekvencia (sequence repeats, opakovania)

cca 50% ľudského genómu

Príklad: 10xTTAATA, 10xATATTA, 3xTTAGCT

TTAATATTAGCT?

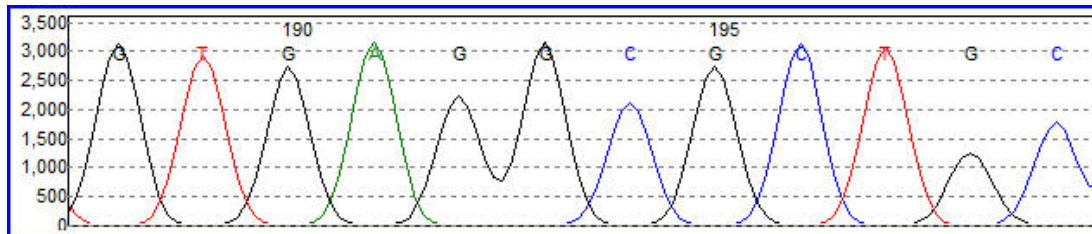
TTAATATTAATATTAATATTAATATTAGCT?

TTAATATTA + ATATTAGCT?

Čo sme nezahrnuli do formulácie: kvalita báz

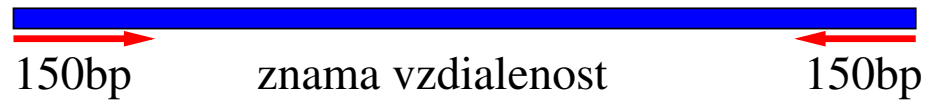
- K čítaniam máme väčšinou informáciu o **kvalite báz**
Aká je pravdepodobnosť, že daná báza je správna?
- Báza s kvalitou $q \Rightarrow$ pravdepodobnosť chyby $10^{-q/10}$
napr. báza s $q = 40$ je správna s pr. 99.99%

Príklad výsledku Sangerovho 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

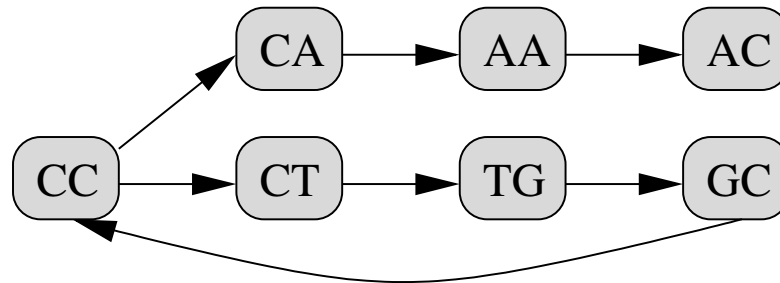
Konzervatívny prístup (radšej menej pospájať, ale nerobiť chyby)

Najkratšie spoločné nadslovo: Zhrnutie

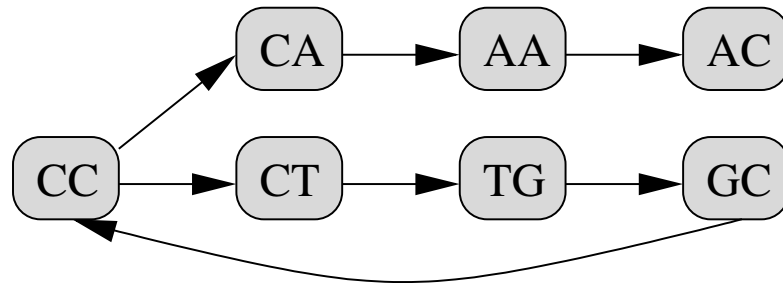
- Nerealistická formulácia, ťažký výpočtový problém
- Ale teoretický problém môže poskytnúť nejaký posun k pochopeniu skutočného problému
- Overlap-Layout-Consensus prístup
motivovaný greedy algoritmami pre najkratšie spoločné nadslovo
(budúci týždeň)

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



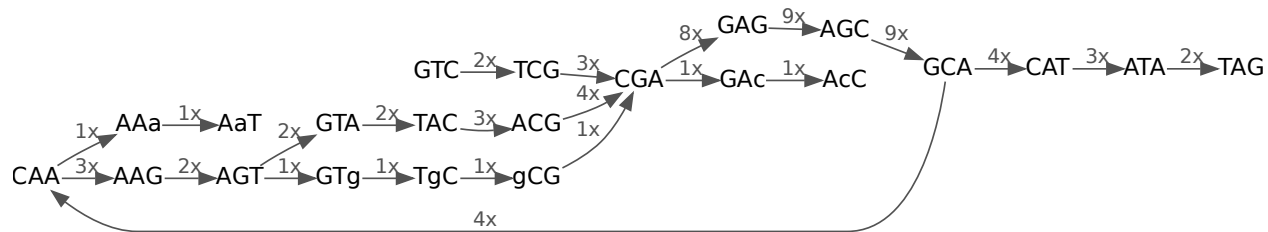
Ako použiť de Bruijnové grafy?



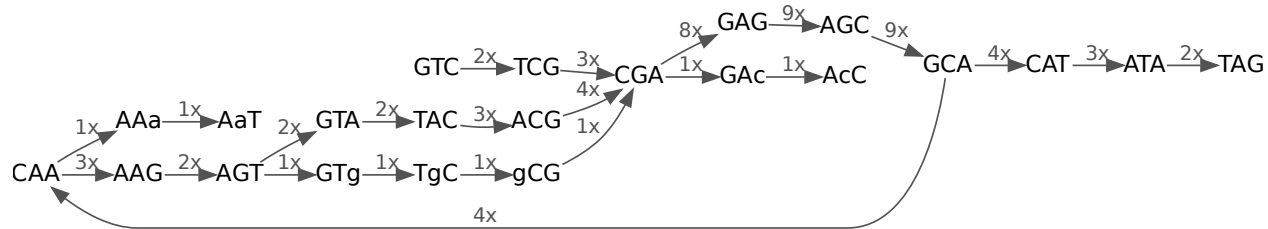
- jediný chromozóm a žiadne “nejednoznačné” k -tice
⇒ zostavenie = **Eulerovská cesta**
(cesta v grafe, ktorá použije každú hranu práve raz)
- Eulerovskú cestu možno nájsť v čase $O(m + n)$
- v realistickom prípade:
zostavenie genómu zodpovedá niekoľkým
pochôdkam v de Bruijnovom grafe (nazývame **kontigy**),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

Príklad: sada čítaní a zodpovedajúci deBruijnov graf

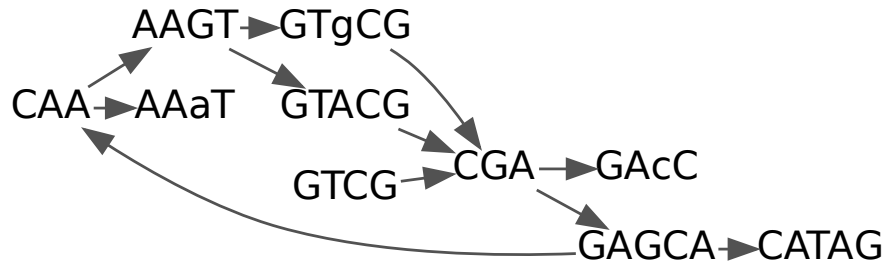
GTCGAGCAAGTACGAGCATAG
 TCGAGCA AGCATAG
 AGCAAaT AGCATAG
 GTCGAcC GTACGAG
 GTCGAGC TACGAGC
 CGAGCAA ACGAGCA
 AGTgCGA
 CAAGTAC
 GCAAGTA GAGCAT
 GAGCAAG GAGCATA
 TACGAGC



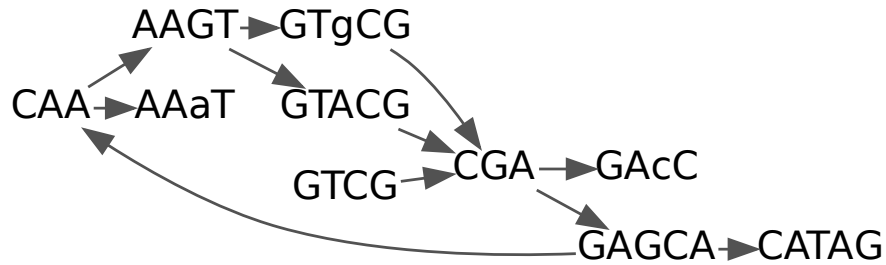
Príklad: zjednodušovanie de Bruijnovho grafu



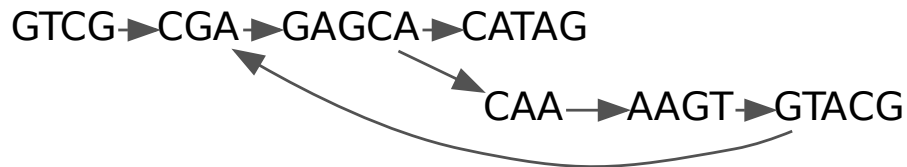
Spojíme jednoznačné cesty do vrcholov



Príklad: odstraňovanie chýb z de Bruijnovho grafu



Odstránenie chýb (výbežkov a bublín s nízkym pokrytím)



Spájaním dostaneme 4 kontigy (pôv. GTCGAAGTACGAGCATAG)



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 *H. influenzae* 2 MB, shotgun (TIGR)
- 1996 *S. cerevisiae* 10 MB, BAC-by-BAC (Belgicko, Británia)
- 1998 *C. elegans* 100 MB, BAC-by-BAC (Wellcome Trust)
- 1998 Celera: ľudský genóm do troch rokov!
- 2000 *D. melanogaster* 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
- 2021 3,5 milióna genómov SARS-CoV-2
- 2021 UK Biobank 200,000 ľudských genómov + veľa ďalších dát
- 2022 Naozaj dokončený ľudský genóm (telomere to telomere)