



32 基因预测和定量Genes

易生信

2023年4月9日

易生信，毕生缘；培训版权所有。



- 一. 质控KneadData
- 二. 物种分类kraken 2
- 三. 序列组装/拼接
- 四. **基因预测/注释**
- 五. 基因聚类cd-hit
- 六. 基因定量salmon
- 七. 基因功能注释

出现六个图形

选择格式,点View,就能看到序列

Length: 268 aa

Accept Alternative Initiation Codons

Frame	from	to	Length
+2	161..	967	807
+1	1165..	1698	534
+3	540..	839	300
-1	1129..	1374	246
+3	165..	404	240
-2	1104..	1322	219
-1	754..	957	204
-1	1..	204	204
-1	241..	435	195
-3	41..	229	189
-2	924..	1100	177
+3	1671..	1826	157
-2	1713..	1826	114

```
161 atggatgtgtgtagctggaaagaaatggaggttgctctggtcaat
    M D V C S W K E M E V A L V N
206 ttgataactcggatgaaatccatgaagagccaggctatgccaca
    F D N S D E I H E E P G Y A T
251 gactttgacccaaccagctcaaaaggccgacctggttagcagtcce
    D F D P T S S K G R P G S S P
296 ttttccaattggagagtccttatcagtgacaacaccaaccatgaa
    F S N W R V L I S D N T N H E
```



VICTORIAN BIOINFORMATICS CONSORTIUM

<http://www.vicbioinformatics.com/software.prokka.shtml>



[ABOUT](#)



[STAFF](#)



[SOFTWARE](#)



[WEB TOOLS](#)

PROKKA

Description

Prokka is a software tool for the rapid annotation of prokaryotic genomes. A typical 4 Mbp genome can be fully annotated in less than 10 minutes on a quad-core computer, and scales well to 32 core SMP systems. It produces GFF3, GBK and SQN files that are ready for editing in Sequin and ultimately submitted to Genbank/DDJB/ENA.



Download

Prokka v1.12 — 14 March 2017 — [Download \(360MB\)](#) — [MD5](#) — [Changes](#) — [Docs](#) — [Paper](#) — [GitHub](#)

Prokka: rapid prokaryotic genome annotation

[T Seemann](#) - Bioinformatics, 2014 - [academic.oup.com](#)

... Here we introduce **Prokka**, a command line software tool to fully annotate a draft bacterial ...
present **Prokka**, a command line software tool that can be installed on any Unix system. **Prokka** ...

☆ Save Cite Cited by 10644 Related articles All 7 versions



- Prodigal: 原核基因识别
- Doug Hyatt, Gwo-Liang Chen, Philip F. LoCascio, Miriam L. Land, Frank W. Larimer, Loren J. Hauser. 2010. Prodigal: prokaryotic gene recognition and translation initiation site identification. **BMC Bioinformatics** 11: 119. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-11-119> Cited by 7150
- metaProdigal: 宏基因组中基因预测
- Doug Hyatt, Philip F. LoCascio, Loren J. Hauser, Edward C. Uberbacher. 2012. Gene and translation initiation site prediction in metagenomic sequences. **Bioinformatics** 28: 2223-2230. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts429> Cited by 446

metaProdigal基因预测

```
mkdir -p temp/prodigal
```

```
# prodigal的meta模式预测基因，7s，>和2>&1记录分析过程至gene.log
```

```
time prodigal -i result/megahit/final.contigs.fa \
```

```
-d temp/prodigal/gene.fa \
```

```
-o temp/prodigal/gene.gff \
```

```
-p meta -f gff > temp/prodigal/gene.log 2>&1
```

```
# 查看日志是否运行完成，有无错误
```

```
tail temp/prodigal/gene.log
```

```
# 统计基因数量
```

```
grep -c '>' temp/prodigal/gene.fa
```



- # 统计完整基因数量，数据量大可只用完整基因部分
- 原核起始密码子通常为ATG, GTG或TTG，终止为TAA, TGA或TAG
- 00完整，01缺少终止密码子，10缺少起始密码子，11代表双端均缺失

```
grep -c 'partial=00' temp/prodigal/gene.fa
```

- # 提取完整基因

```
grep 'partial=00' temp/prodigal/gene.fa | cut -f1 -d ' ' | sed 's/> //' >  
temp/prodigal/full_length.id  
seqkit grep -f temp/prodigal/full_length.id temp/prodigal/gene.fa >  
temp/prodigal/full_length.fa  
seqkit stat temp/prodigal/full_length.fa
```



可选的最新预测方法GeneMarkS-2

Alexandre Lomsadze, Karl Gemayel, Shiyuyun Tang, Mark Borodovsky. 2018. Modeling leaderless transcription and atypical genes results in more accurate gene prediction in prokaryotes. *Genome Research* 28: 1079-1089. <https://doi.org/10.1101/gr.230615.117>

[Cited by 115](#)

Input sequence

Enter sequence (FASTA or multi FASTA format)

<http://exon.gatech.edu/GeneMark/genemarks2.cgi>

or, upload file:

选择文件

未选择任何文件

Action

Start GeneMarkS-2

重置

Options

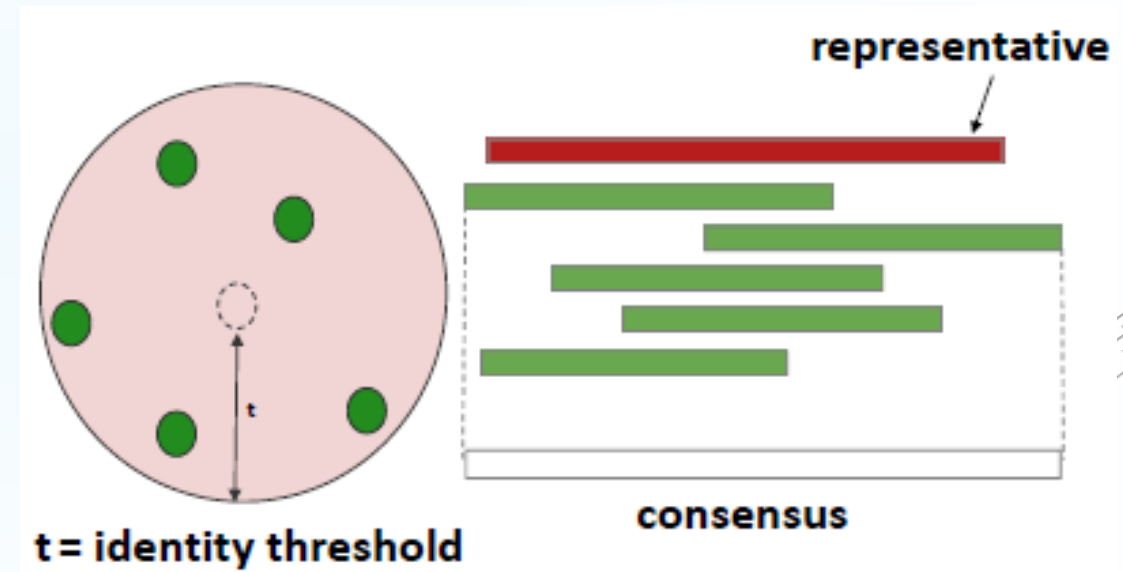
Sequence type	Output format for gene prediction	Output options	Optional: results by E-mail
<input checked="" type="radio"/> Prokaryotic <input type="radio"/> Bacteria <input type="radio"/> Archaea	<input type="radio"/> LST <input checked="" type="radio"/> GFF3 <input type="radio"/> GTF	<input checked="" type="checkbox"/> Protein sequence <input checked="" type="checkbox"/> Gene nucleotide sequence	E-mail <input type="text"/> Subject GeneMarkS-2 <input type="checkbox"/> Compress files

Advanced options

- ☒ Genetic code 11.
- ☐ Genetic code 4. "TGA" codon as Tryptophan (not a stop codon).
- ☐ Genetic code 25. "TGA" codon as Glycine (not a stop codon).



- 一. 质控KneadData
- 二. 物种分类kraken 2
- 三. 序列拼接/组装
- 四. 基因预测/注释
- 五. **基因聚类/去冗余cd-hit**
- 六. 基因定量salmon
- 七. 基因功能注释



构建非冗余基因集

- 基因聚类，实现去除冗余基因、降低基因数量级
- 多样本、多批次或公共数据合并为一致参考序列(Reference)
- 通过CD-HIT将所有样本的基因序列根据序列相似性进行聚类，去除冗余序列(宏基因组常用阈值：coverage > 90%, identity > 95%)。

About 22,800 results (0.08 sec)

CD-HIT: accelerated for clustering the next-generation sequencing data

L Fu, B Niu, Z Zhu, S Wu, W Li - Bioinformatics, 2012 - academic.oup.com

... Summary: **CD-HIT** is a widely used program for clustering ... we have developed a new **CD-HIT** program accelerated with a novel ... The enhanced **CD-HIT** is capable of handling very large ...

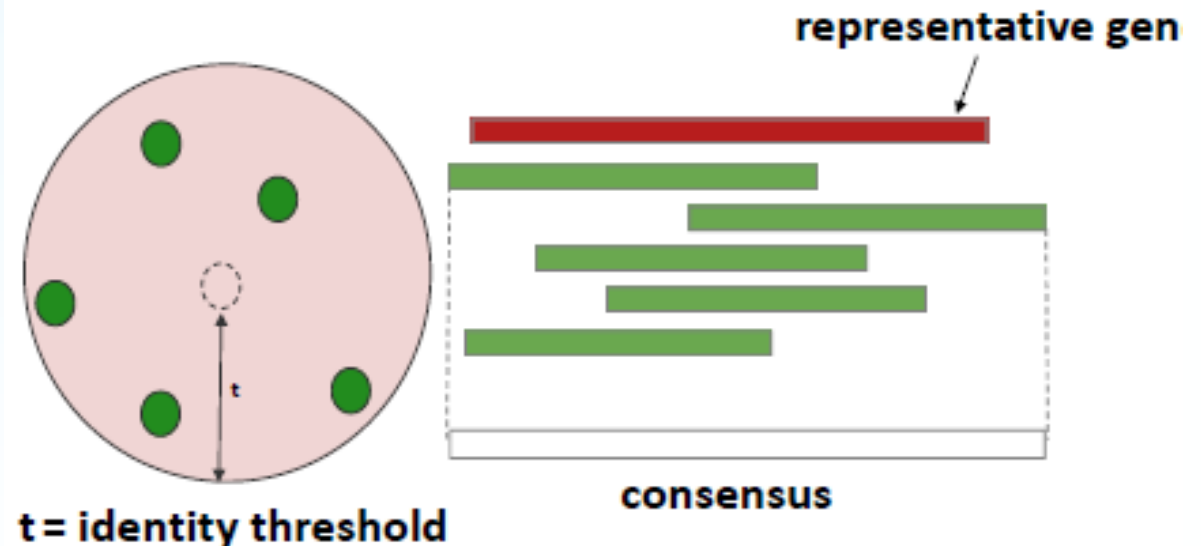
☆ Save Cite Cited by 5872 Related articles All 14 versions

Cd-hit: a fast program for clustering and comparing large sets of protein or nucleotide sequences

W Li, A Godzik - Bioinformatics, 2006 - academic.oup.com

... several new programs using the same algorithm including **cd-hit-2d**, **cd-hit-est** and **cd-hit-est-2d**. ... based on **cd-hit** algorithm including **cd-hit-2d**, **cd-hit-est** and **cd-hit-est-2d**. **Cd-hit-2d** ...

☆ Save Cite Cited by 8413 Related articles All 12 versions



小工具	功能	应用
cd-hit	按指定相似度聚类蛋白质序列	非冗余蛋白集构建，如UniRef
cd-hit-est	按指定相似度聚类核酸序列	非冗余基因集构建、重复序列 家族分析、聚类OTUs
cd-hit(-est)- 2d	两个数据库比对	多批量、来源宏基因组构建非 冗余基因集
cd-hit-otu	16S序列聚类	早期OTU鉴定方法

3.2.2 cd-hit构建非冗余基因集

aS覆盖度, c相似度, G局部比对, g最优解, M内存0不限制, T多线程

```
time cd-hit-est -i temp/prodigal/gene.fa \
```

```
-o result/NR/nucleotide.fa \
```

```
-aS 0.9 -c 0.95 -G 0 -g 0 -T 0 -M 0
```

统计非冗余基因数量19146, 目前研究经常达千万级

```
grep -c '>' temp/prodigal/nucleotide.fa
```

翻译核酸为对应蛋白序列, --trim去除结尾的*

```
seqkit translate --trim result/NR/nucleotide.fa > result/NR/protein.fa
```

cd-hit-est-2d 两批次构建非冗余基因集

- A和B基因集，分别有M和N个非冗余基因
- 两批数据合并后用cd-hit-est去冗余，计算量是 $(M + N) \times (M + N - 1)$
- cd-hit-est-2d比较，只有 $M \times N$ 的计算量

计算B中特有的基因

```
cd-hit-est-2d -i A.fa -i2 B.fa -o B.uni.fa \  
-aS 0.9 -c 0.95 -G 0 -g 0 \  
-T 96 -M 0 -d 0
```

合并为非冗余基因集

```
cat A.fa B.uni.fa > NR.fa
```

易生信
毕生缘
基因组



- 一. 质控KneadData
- 二. 物种分类kraken 2
- 三. 序列拼接/组装
- 四. 基因预测/注释
- 五. 基因聚类/去冗余cd-hit
- 六. 基因定量salmon
- 七. 基因功能注释



- Salmon(三文鱼)是一款新的、极快的转录组计数软件。它与Kallisto(熊神星)和Sailfish(旗鱼)类似，可以不通过mapping而获得基因的counts值。Salmon的结果可由edgeR / DESeq2等进行counts值的下游分析。

Rob Patro, Geet Duggal, Michael I. Love, Rafael A. Irizarry, Carl Kingsford. 2017. Salmon provides fast and bias-aware quantification of transcript expression. *Nature Methods* 14: 417-149.

<https://doi.org/10.1038/nmeth.4197>

[Cited by 5819](#)

nature|methods

Brief Communication | Published: 06 March 2017

Salmon provides fast and bias-aware quantification of transcript expression

Rob Patro ✉, Geet Duggal, Michael I Love, Rafael A Irizarry & Carl Kingsford ✉

Nature Methods **14**, 417–419 (2017) | Download Citation ⬇



Salmon安装和基本功能

- conda install salmon # 安装
- samlon -h # 查看帮助
- salmon v1.8, 主要提供以下5类功能

index Create a salmon index # 建索引

quant Quantify a sample # 样本定量

alevin single cell analysis # 单细胞分析

swim Perform super-secret operation

quantmerge Merge multiple quantifications into a single file

合并样本结果



3.2.3 基因定量——建索引

建索引, -t转录本, -p线程数, -i 索引

```
salmon index -t result/NR/nucleotide.fa \
```

```
-p 9 -i temp/salmon/index
```

直接运行salmon找不到lib库, 可重定义程序完整路径 (error while loading shared libraries: liblzma.so.0)

alias

```
salmon="~/minicond32/envs/megahit/share/salmon/bin/salmon"
```



3.2.3 基因定量——定量

```
# 定量, I文库类型自动选择, p线程, --meta宏基因组模式  
tail -n+2 result/metadata.txt|cut -f1|rush -j 2 \  
'salmon quant -i temp/salmon/index -l A -p 3 --meta \  
-1 temp/qc/{1}_1_kneaddata_paired_1.fastq \  
-2 temp/qc/{1}_1_kneaddata_paired_2.fastq \  
-o temp/salmon/{1}.quant'
```

宏基因组
易生信



3.2.3 基因定量——合并为丰度矩阵

```
mkdir -p result/salmon
```

```
# 合并百万分比TPM
```

```
salmon quantmerge --quants temp/salmon/*.quant \  
-o result/salmon/gene.TPM
```

```
# 合并原始reads count值
```

```
salmon quantmerge --quants temp/salmon/*.quant \  
--column NumReads -o result/salmon/gene.count  
sed -i '1 s/\.quant//g' result/salmon/gene.*
```



- 基因丰度矩阵(TPM), 可下游STAMP、LEfSe、limma、t.test等统计

Name	C1	C2	C3	C4	C5	C6	N1	N2	N3	N4	N5	N6
k6_1	0	0	44.1	0	0	175.4	0	67.6	0	0	0	0
k4_1	0	36.4	62.6	33.6	0	0	98.9	0	110	0	0	0
k3_1	0	12.1	10.4	54.0	0	0	0	0	0	43.1	20.3	0
k2_1	0	0	0	27.8	0	0	0	0	45.1	44.4	170.2	0

- 基因定量原始计数, 下游计算多样性或edgeR、DESeq2统计差异

Name	C1	C2	C3	C4	C5	C6	N1	N2	N3	N4	N5	N6
k6_1	0	0	1	0	0	3	0	1	0	0	0	0
k4_1	0	1	2	1	0	0	2	0	3	0	0	0
k3_1	0	1	1	5	0	0	0	0	0	5	2	0
k2_1	0	0	0	2	0	0	0	0	3	4	13	0

- Prokka提供了基因预测、注释流程，但依赖关系多容易报错；
- Prodigal的meta模式是Prokka的核心，只使用这部分可提速100倍；
- Cd-hit可建立非冗余基因集，多基因集合并等，方便开展多样品定量、比较；
- Cd-hit-2d可进行两批非冗余基因的冗余，显著减少计算时间；
- Salmon基于k-mer的非比对定量方法：快速，准确，节约空间(非比对方法没有序列比对中间文件)；主要分为建索引，定量和合并3步；
- 软件更新快，使用出问题，需要正对照。

- [宏基因组公众号文章目录](#) [生信宝典公众号文章目录](#)
- [科学出版社《微生物组数据分析》——50+篇](#)
- [Bio-protocol《微生物组实验手册》——153篇](#)
- [Protein Cell: 扩增子和宏基因组数据分析实用指南](#)
- [CMJ: 人类微生物组研究设计、样本采集和生物信息分析指南](#)
- [加拿大生信网 <https://bioinformatics.ca/> 宏基因组课程中文版](#)
- [美国高通量开源课程 <https://github.com/ngs-docs>](#)
- [Curtis Huttenhower <http://huttenhower.sph.harvard.edu/>](#)
- [Nicola Segata <http://segatalab.cibio.unitn.it/>](#)





扫码关注生信宝典，学习更多生信知识



扫码关注宏基因组，获取专业学习资料

易生信，没有难学的生信知识



附录：基因注释Prokka

- Prokka: rapid prokaryotic genome annotation
- Prokka是一个命令行软件工具，可以在一台典型台式机上在约10分钟内充分注释一个细菌基因组草图。它产生标准兼容的输出文件以进行进一步分析或者在基因组浏览器中查看。
- 2014年发表于Bioinformatics，最新版本1.12于2017年3月14日更新，大小360MB。因为它是一个复杂的分析流程，依赖关系众多。
- 安装：conda install prokka



3.2.1 prokka基因注释

查看文件大小，预估时间

```
ls -sh temp/megahit/final.contigs.fa # 31 Mb
```

```
time prokka temp/megahit/final.contigs.fa --outdir temp/prokka \  
--prefix mg --metagenome --kingdom Archaea,Bacteria,Mitochondria,Viruses \  
--force --cpus 3
```

以mg开头，注释宏基因组，多界，强制覆盖输出

3线程，耗时2m

易生信
宏基因组

Prokka运行常见问题1: Java版本过高

Error: A JNI error has occurred, please check your installation and try again
Exception in thread "main" java.lang.UnsupportedClassVersionError: minced
has been compiled by a more recent version of the Java Runtime (class file
version 55.0), this version of the Java Runtime only recognizes class file
versions up to 52.0

- 错误提示: 系列中为Java55, 而软件最高支持Java52
- 解决办法: 使用另一个conda虚拟环境, 如metawrap
- `source ${soft}/bin/activate metawrap`
- 结束后 `conda deactivate` 退出



Prokka运行常见问题2：找不到Perl模块

- Can't locate XML/Simple.pm
- 错误描述：找不到*.pm，即Perl模块
- 解决思路：手动查找位置，并添加环境变量
- locate XML/Simple.pm # locate或find找模块位置
- # export设置PERL5LIB变量包括找到的包位置即可
- export

```
PERL5LIB=$PERL5LIB:${soft}/envs/metawrap/lib/perl5/site_perl/5.2  
2.0
```



Prokka结果说明

.gff: 基因注释文件，包括gff和序列，可用igv直接查看

.gbk: Genbank格式，来自gff

.fna: 输入contig核酸文件

.faa: 翻译CDS的AA序列

.ffn: 所有转录本核酸序列

.sqn: 用于提交的序列

.fsa: 输入序列，但有sqn的描述，用于tbl2asn生成sqn文件

.tbl: 特征表，用于tbl2asn生成sqn文件

.err: 错误报告

.log: 日志

.txt: 统计结果

.tsv: 所有注释基因特征表格



其它基因注释软件

- MetaGeneAnnotator conda install metagene_annotator
<http://metagene.nig.ac.jp/> 2006 NAR, 2008 DNA Res, 引用516和504次
- FragGeneScan conda install fraggenescan
<https://sourceforge.net/projects/fraggenescan/> 2010年发表于NAR, 引用580次
- MetaGeneMark 未被conda收录, 有在线工具
<http://exon.gatech.edu/GeneMark/> 2010年发表于NAR, 引用796次
- GeneMarkS-2 未被conda收录, 有在线工具
<http://exon.gatech.edu/GeneMark/genemarks2.cgi> 2018年发表于GR, 引用51次

Noguchi, Hideki, Jungho Park, and Toshihisa Takagi. "MetaGene: prokaryotic gene finding from environmental genome shotgun sequences." *Nucleic acids research* 34.19 (2006): 5623-5630.

Noguchi, Hideki, Takeaki Taniguchi, and Takehiko Itoh. "MetaGeneAnnotator: detecting species-specific patterns of ribosomal binding site for precise gene prediction in anonymous prokaryotic and phage genomes." *DNA research* 15.6 (2008): 387-396.

Rho, Mina, Haixu Tang, and Yuzhen Ye. "FragGeneScan: predicting genes in short and error-prone reads." *Nucleic acids research* 38.20 (2010): e191-e191.

Zhu, Wenhan, Alexandre Lomsadze, and Mark Borodovsky. "Ab initio gene identification in metagenomic sequences." *Nucleic acids research* 38.12 (2010): e132-e132.

Lomsadze, A., Gemayel, K., Tang, S. & Borodovsky, M. Modeling leaderless transcription and atypical genes results in more accurate gene prediction in prokaryotes. *Genome Research* 28, 1079-1089, doi:10.1101/gr.230615.117 (2018).

