

Analisis de datos (II): Mapping y Filtrado de duplicados.

Sara Monzón

BU-ISCI III

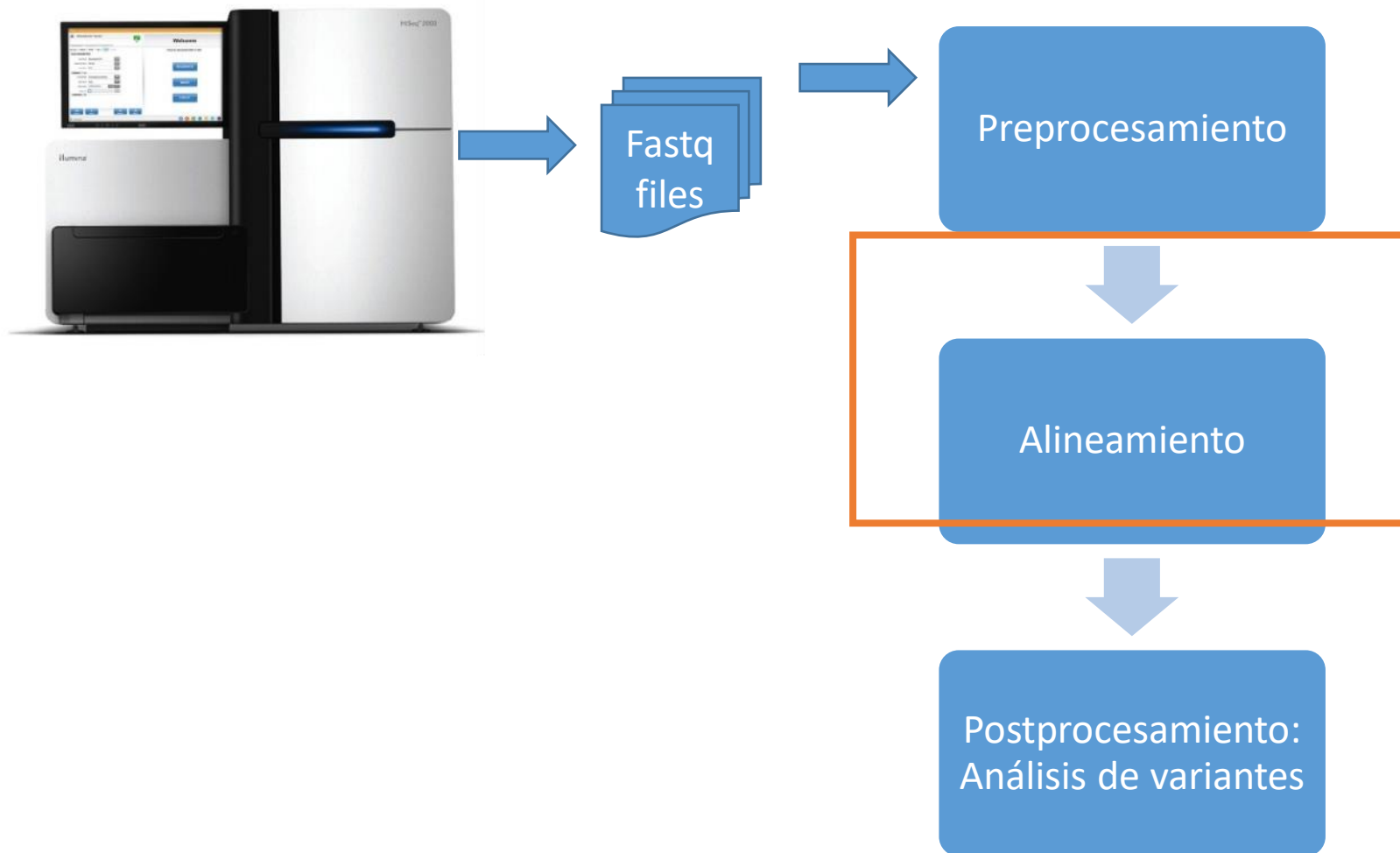
Unidades Científico Técnicas – SGAFI-ISCI III

13-17 Junio 2022, 9ª Edición
Programa Formación Continua, ISCI III

Índice

- Dónde estamos
- Mapping vs Alineamiento
- Qué es el mapping
- Elección de alineador para NGS
- Formato SAM/BAM
- Filtrado de duplicados
- Objetivo de la práctica

Dónde estamos



Alineamiento

Definición:

Colocar dos o mas secuencias de nucleótidos o de aminoácidos para identificar las regiones de similitud.

```
AAB24882      TYHMCQFHCERYVNNHSGEKLIECNERSKAFSCPSHLQCHKRRQIGKTHEHNQCGKAFPT
AAB24881      -----YECNQCGKAFAQHSSLKCHYRTHIGKPYECNQCGKAFSK

AAB24882      PSHLQYHERTHTGKPYECHQCGQAFKKCSLLQRHKRTHTGKPYE-CNQCGKAFAQ-
AAB24881      HSHLQCHKRTHTGKPYECNQCGKAFSQHGLLQRHKRTHTGKPYMNVINMVKPLHNS
```

Alineamiento

Alineamiento global: Needleman-Wunch (1970)

Encuentra el mejor posible alineamiento de dos secuencias a lo largo de toda su longitud .

```
--T--CC-C-AGT--TATGT-CAGGGGACACG-A-GCATGCAGA-GAC
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
AATTGCCGCC-GTCGT-T-TTCAG----CA-GTTATG-T-CAGAT--C
```

Alineamiento local: Smith-Waterman (1981)

Encuentra regiones de altamente similares entre dos secuencias.

```
          tccCAGTTATGTCAGgggacacgagcatgcagagac
            | | | | | | | | | |
aattgccgccgtcggttttcagCAGTTATGTCAGatc
```

Alineamiento múltiple (MSA)

Definición:

Un alineamiento múltiple es una colección de tres o mas secuencias de aminoácidos o nucleótidos parcial o completamente alineados.

File		Edit	Colour	Sort	Picked:	Column 50: seq_cons/0-0 c = 48 (1 match)
(16x225)		-----10-----20-----30-----40-----50-----60-----70				
ALSE_ECOLI	2	202	KISPSLMCDLLKFKEQIEFIDS.HADYFHIDIMDGHFVPNLTLSFFVVSQVKKL.....AT			
RPE_YEAST	5	214	IIAPSILASDFANLGCECHKVINAGADWLHIDVMDGHFVPNITLGQPIVTSLRSVPRPGDASNTEKKPT			
O14105	5	204	KIAPSLLAGDFANLEKEVGRMLKYGSDWLHVDVMDAQFVPNLTIGPIVVKAMRNHYT.....KEE			
RPE_SYNY3	5	207	VVAPSILSADFSRLGEEIKAVDEAGADWIHVDVMDGRFVPNITIGPLIVDAIRPL.....Tk			
RPE_SOLTU	58	260	IVSPSILSANFSKLGEQVKAIEQAGCDWIHVDVMDGRFVPNITIGPLVVDSLRPI.....TI			
RPE_BACSU	3	204	KVAPSILSADFAALGNEIKDVEKGGADCIHIDVMDGHFVPNITIGPLIVEAVRPV.....TI			
RPE_HAEIN	5	206	LIAPSILSADLARLGDDVQNVNLNAGADVIHFDVMDNHYVPNLTFGPAVCQALRDYG.....IT			
RPE_ECOLI	5	206	LIAPSILSADFARLGEDTAKALAAAGADVVFHDVMDNHYVPNLTIGPMVLKSLRNYG.....IT			
RPEC_ALCEU	17	221	RLAPSILSADFARLGEEVCAIEAGADLVHFDVMDNHYVPNLTIGPLVCEAIRPL.....VS			
RPE_RHORU	6	204	RIAPSLLSADFAISRPRCPSDGRGADILHFDVMDNHYVPNLTIGPLVCAALRPH.....TS			
RPE_MYCTU	9	207	LIAPSILAADFARLADEAAAVN..GADWLHVDVMDGHFVPNLTIGLPVVESLLAVTD.....IP.			
RPE_HELPY	2	200	KVAPSLLSADFMHLAKEIESVSNAA..DFLHVDVMDGHYVPNLTMGPPVLENTQM.....SG			
RPE_METJA	3	201	KIGASILSADFGHLREEIKKAEAGVDFHVDMDGHFVPNITSMGIGIAKHVKKL.....TE			
SGCE_ECOLI	2	198	ILHPSLASANPLHYGRELTALDNLDFGSLHLDIEDSSFINNITFGMKTQVAVARQ.....TF			
RPE_MYCPN	9	203	ETAFSLPLLLHQFDRKLLLEQFFADGLRLIHYDVMD.HFVDNTVFQGEHLDELQQIG.....			
RPE_MYCGE	15	198RFDKSLLESYFQDGLRLIHYDVMD.QFVHNTAFKGEYLDELKTIG.....			

Mapeo (mapping)

Definición:

Situar una secuencia dentro de una secuencia mucho más larga. Por ejemplo, determinar la posición de una lectura dentro de un genoma.

```
Referencia/ genoma
...GTGGGCCGGCAATTCGATATCGCGCATATTTTCGGCGCATGCTTAGC...

Lecturas:
GCAATTCGATAT
GCGCATATATTT
TGGGCCGGCAAT
CGCATGCTTAGC
ATTCGATATCGC
GCCGGCAATTCG

Mapeo
...GTGGGCCGGCAATTCGATATCGCGCATATTTTCGGCGCATGCTTAGC...
      GCAATTCGATAT          CGCATGCTTAGC
TGGGCCGGCAAT    GCGCATATATTT
      ATTCGATATCGC

GCCGGCAATTCG
```

⁰Imagen:<http://personales.upv.es/jcanizar/bioinformatica/mapeo.html>

Alineamiento múltiple vs Mapeo

			coord	12345678901234	5678901234567890123456
9	t	ttt	ref	aggtttttataaaac----	aattaagtctacagagcaacta
10	a	aaaC	sample	aggtttttataaaacAAAT	aattaagtctacagagcaacta
11	a	aaaaa	read1	aggtttttataaaac	<u>aaA</u> ttaa
12	a	aaaaaaa	read2	ggtttttataaaac	<u>aaA</u> ttaaTt
13	a	aaaaaaa	read3	ttataaaac	<u>AAAT</u> aattaagtctaca
14	c	cccTTT	read4	<u>CaaaT</u>	aattaagtctacagagcaac
15	a	aaaaaaa	read5	<u>aaT</u>	aattaagtctacagagcaact
16	a	aaaaaaa	read6	<u>T</u>	aattaagtctacagagcaacta
17	t	AAttttt	read1	aggtttttataaaac	<u>aaat</u> aa
18	t	ttttttt	read2	ggtttttataaaac	<u>aaat</u> aatt
19	a	aaaaaaa	read3	ttataaaac	<u>aaat</u> aattaagtctaca
20	a	aaaaaaa	read4		<u>caaat</u> aattaagtctacagagcaac
21	g	Tggggg	read5		<u>aat</u> aattaagtctacagagcaact
			read6		<u>t</u> aattaagtctacagagcaacta

⁹Heng Li Mapping, alignment and SNP calling. MPG Next Gen Workshop 2011.

Alineamiento múltiple vs Mapeo

Mapeo:

- Esta bien si la secuencia solapa la región correcta
- Cada secuencia se mapea independientemente
- De miles a millones de secuencias

Alineamiento múltiple

- Está bien si cada base se sitúa correctamente
- Minimiza las diferencias entre las secuencias
- De decenas a centenares de secuencias

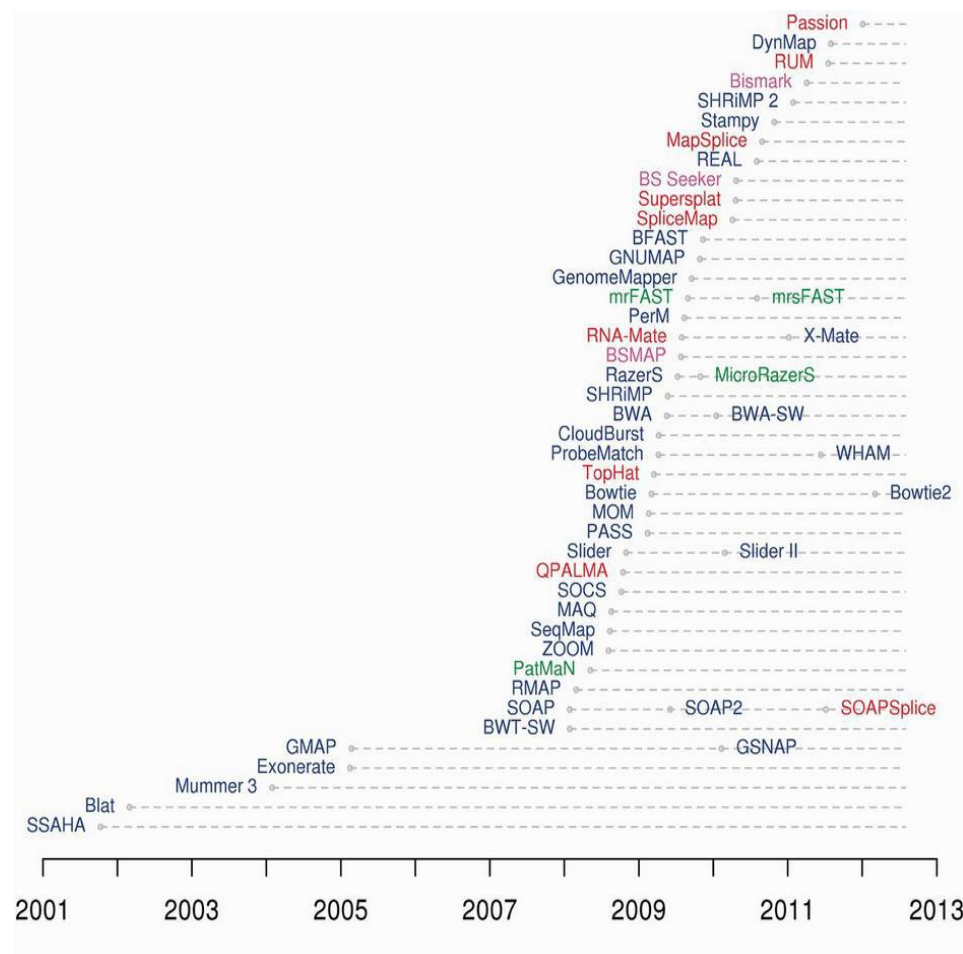
Problema:

- Un algoritmo puede ser bueno mapando pero no necesariamente alineando
- Un buen alineamiento minimiza las diferencias entre lecturas mientras que un mapador solo ve la referencia

Qué alineador usar

Alineadores:

- Más de 60 alineadores disponibles.
- Muchos papers con reviews comparando características y rendimiento.



Qué alineador usar

Cosas a tener en cuenta:

- Recursos de computación vs sensibilidad
- Plataforma y tipo de experimento (Illumina/454/etc, paired-end, DNA/RNA/etc)
- Variación (permite indels, número de mismatch, etc.)
- Repeticiones (todas las regiones, best match, random, user defined number)

Importante:

- Las opciones por defecto no tienen porqué ser las mejores
- “... there is no tool that outperforms all of the others in all the tests. Therefore, the end user should clearly specify his needs in order to choose the tool that provides the best results.” - Hatem et al *BMC Bioinformatics* 2013, **14**:184

Qué alineador usar

TABLE 1: Application-specific alignment features distribution among multiple aligners.

Aligners	Operate system	Programming language	Input Format ¹ ? (Fasta and Fastq)	Output format	Multithread?	Gapped alignment?	Paired-end alignment?	Trimming alignment?	Bisulfite alignment?	Note
Bowtie	★	C++	✓	SAM	✓		✓	✓		Maximum allowed mismatches ≤3
BWA	⊗	C++	✓	SAM	✓	✓	✓			BWA-short: 200 bp; BWA-SW: 100 kbp
BOAT	⊗	C	✓	*	✓	✓				Maximum allowed mismatches ≤3
GASSST	⊗	C++	Fasta	SAM	✓	✓				Merely Fasta format required for reads
Gnumap	⊗	C	✓ (prb)	SAM	✓	✓		✓	✓	Maximum read length <1000 bp
GenomeMapper	⊗	C	✓	BED	✓	✓				Maximum read length < 2000 bp
mrFAST	★	C	✓	SAM		✓	✓			Maximum read length <300 bp
mrsFAST	★	C	✓	SAM			✓		✓	Maximum read length <200 bp
MAQ	⊗	C++	Fastq	map			✓			Maximum read length ≤128 bp
NovoAlign	●	C++	✓	SAM	✓	✓	✓	✓	✓	Restrictions for academic version
PASS	⊗	C++	✓ (stf)	GFF3	✓	✓	✓			Maximum read length <1000 bp
PerM	⊗	C++	✓	SAM	✓		✓	✓		Maximum read length ≤128 bp
RazerS	★	C++	✓ (prb)	Eland, GFF		✓	✓	✓		Arbitrary read length
RMAP	⊗	C++	✓	BED			✓		✓	Fixed-length reads required
SeqMap	★	C++	Fasta	Eland		✓				Maximum allowed mismatches ≤5
SOAPv2	⊗	C++	✓	*	✓	✓	✓			Maximum read length <1000 bp
SHRiMAP2	⊗	Python	Fasta	SAM	✓	✓	✓			Parallel computing supported
Segemehl	⊗	C	Fasta	*	✓	✓	✓	✓	✓	Large memory usage required
SSAHA2	●	NA	✓	GFF, SAM			✓			For long reads mapping

¹We here only consider short-reads input format.

★Windows, Linux, or Unix operating system.

⊗Windows, Linux, Unix, or Mac X operating system.

●Linux, Unix, or Mac X operating system.

⊗Linux or Unix operating system.

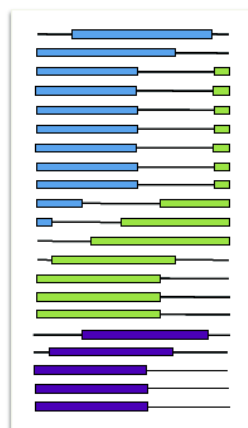
* The short-read aligning algorithms' own output format.

⁰Shang et al 2014

Qué alineador usar

- DNA
 - Whole Genome
 - Whole Exome
 - Amplicon
- Alineador: bowtie, bwa, bfast...

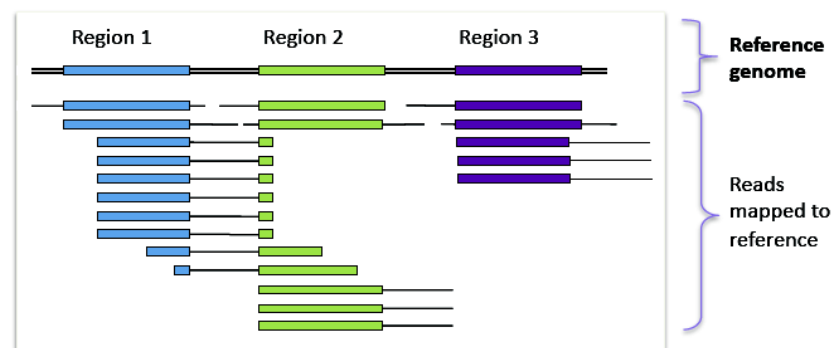
Enormous pile of short reads from NGS



Mapping and alignment algorithms

Identify where the read matches the reference sequence and record match details as CIGAR string

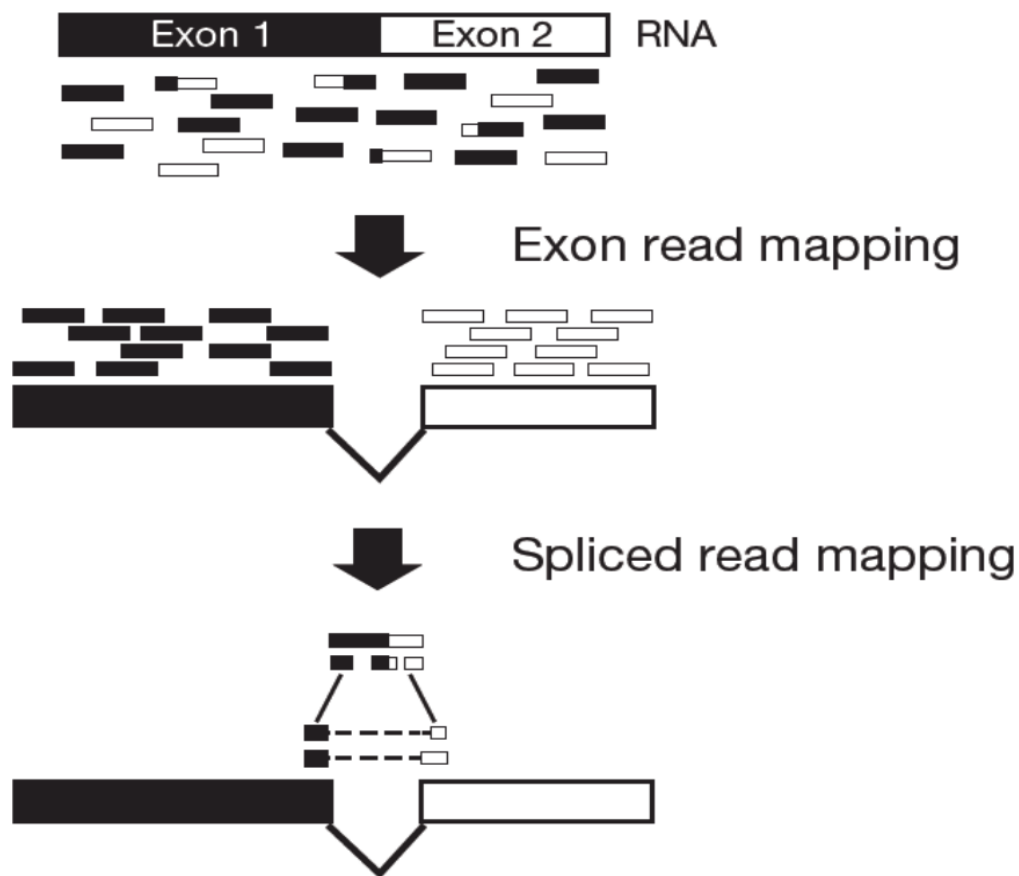
RefPos:	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
Reference:	C	C	A	T	A	C	T	-	G	A
Read:		C	A	T	-	C	T	A	G	
POS: 2										
CIGAR:					3M	1D	2M	1I	1M	



Qué alineador usar

- RNA
 - RNA-Seq
- Alineador: tophat, start...

Exon-first approach



Qué alineador usar

- Bisulphite sequencing
- Alineador: Bismark, BSMAP, BSeeker2



Formato SAM

Definición:

Es una especificación que define un formato genérico para representar alineamiento de nucleótidos. Describe el alineamiento de una secuencia query a una secuencia de referencia o ensamblaje.

```
@HD VN:1.5 S0:coordinate
@SQ SN:ref LN:45
r001 99 ref 7 30 8M2I4M1D3M = 37 39 TTAGATAAAGGATACTG *
r002 0 ref 9 30 3S6M1P1I4M * 0 0 AAAAGATAAGGATA *
r003 0 ref 9 30 5S6M * 0 0 GCCTAAGCTAA * SA:Z:ref,29,-,6H5M,17,0;
r004 0 ref 16 30 6M14N5M * 0 0 ATAGCTTCAGC *
r003 2064 ref 29 17 6H5M * 0 0 TAGGC * SA:Z:ref,9,+,5S6M,30,1;
r001 147 ref 37 30 9M = 7 -39 CAGCGGCAT * NM:i:1
```


<https://broadinstitute.github.io/picard/explain-flags.html>

Formato SAM

Col	Field	Type	Regex/Range	Brief description
1	QNAME	String	[!-?A-~]{1,255}	Query template NAME
2	FLAG	Int	[0,2 ¹⁶ -1]	bitwise FLAG
3	RNAME	String	* [!-()+-<>-~] [!-~]*	Reference sequence NAME
4	POS	Int	[0,2 ³¹ -1]	1-based leftmost mapping POSition
5	MAPQ	Int	[0,2 ⁸ -1]	MAPping Quality
6	CIGAR	String	* ([0-9]+[MIDNSHPX=])+	CIGAR string
7	RNEXT	String	* = [!-()+-<>-~] [!-~]*	Ref. name of the mate/next read
8	PNEXT	Int	[0,2 ³¹ -1]	Position of the mate/next read
9	TLEN	Int	[-2 ³¹ +1,2 ³¹ -1]	observed Template LENgth
10	SEQ	String	* [A-Za-z=.]+	segment SEQUENCE
11	QUAL	String	[!-~]+	ASCII of Phred-scaled base QUALity+33

@HD VN:1.5 S0:coordinate

@SQ SN:ref LN:45

```
r001 99 ref 7 30 8M2I4M1D3M = 37 39 TTAGATAAAGGATACTG *
r002 0 ref 9 30 3S6M1P1I4M * 0 0 AAAAGATAAGGATA *
r003 0 ref 9 30 5S6M * 0 0 GCCTAAGCTAA * SA:Z:ref,29,-,6H5M,17,0;
r004 0 ref 16 30 6M14N5M * 0 0 ATAGCTTCAGC *
r003 2064 ref 29 17 6H5M * 0 0 TAGGC * SA:Z:ref,9,+,5S6M,30,1;
r001 147 ref 37 30 9M = 7 -39 CAGCGGCAT * NM:i:1
```

Formato SAM

Bit	Description
0x1	template having multiple segments in sequencing
0x2	each segment properly aligned according to the aligner
0x4	segment unmapped
0x8	next segment in the template unmapped
0x10	SEQ being reverse complemented
0x20	SEQ of the next segment in the template being reversed
0x40	the first segment in the template
0x80	the last segment in the template
0x100	secondary alignment
0x200	not passing quality controls
0x400	PCR or optical duplicate
0x800	supplementary alignment

<https://broadinstitute.github.io/picard/explain-flags.html>

Formato SAM

Op	BAM	Description
M	0	alignment match (can be a sequence match or mismatch)
I	1	insertion to the reference
D	2	deletion from the reference
N	3	skipped region from the reference
S	4	soft clipping (clipped sequences present in SEQ)
H	5	hard clipping (clipped sequences NOT present in SEQ)
P	6	padding (silent deletion from padded reference)
=	7	sequence match
X	8	sequence mismatch

Formato SAM

Formato texto - SAM

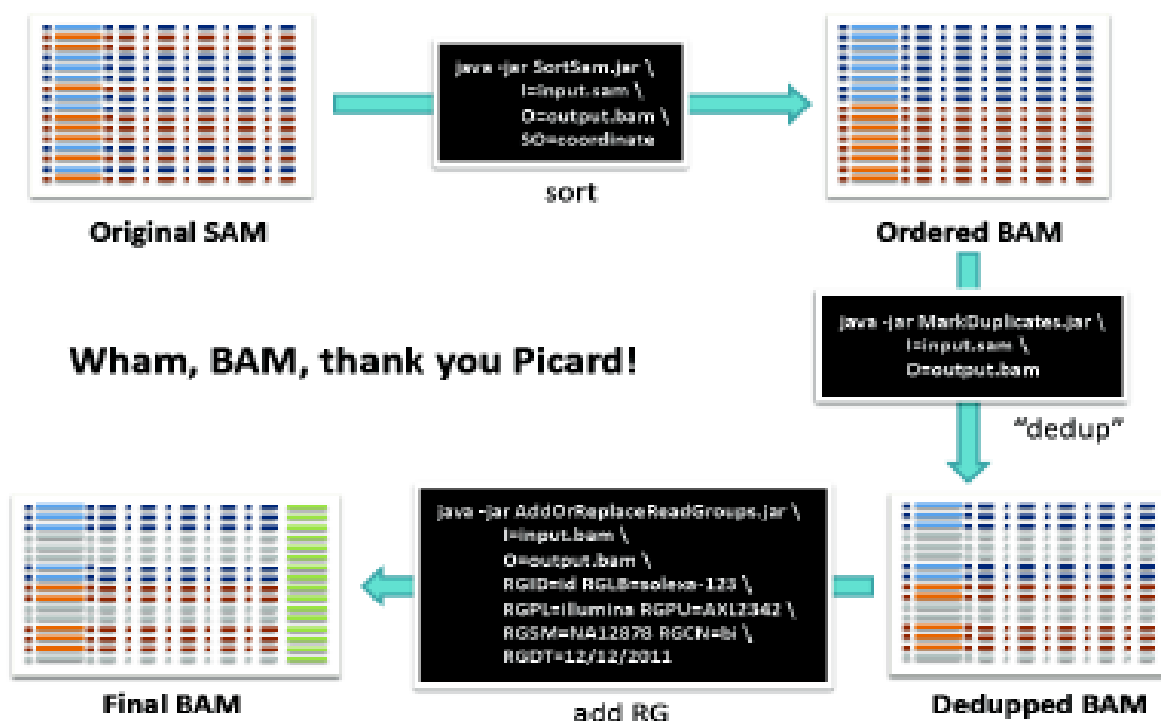
- Delimitado por tabuladores
- Es lo suficientemente sencillo para ser generado por los programas de alineamiento o ser convertido desde otros formatos existentes
- Es simple de *parsear* y puede ser producido al vuelo (*streaming*) desde un BAM
- Es adecuado para un análisis exploratorio o para conectar con otras aplicaciones

Formato binario - BAM

- Utiliza una compresión BGZF
- Sus valores numéricos son independientes del sistema base
- Es lo suficientemente sencillo para ser generado por los programas de alineamiento o ser convertido desde otros formatos existentes
- Permite ser indexado para proporcionar un acceso rápido a las lecturas que solapan un determinado *locus*
- Debe ordenarse por coordenadas antes de indexar

Duplicados de PCR

Utilización de *Picard* para finalizar la preparación del fichero SAM/BAM



¿Preguntas?
