

SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA

Poboljšanje djelomično sastavljenog genoma dugim očitanjima

Dan Ambrošić

Stjepan Dugonjić

Mihaela Bošnjak

Zagreb, siječanj 2019.

SADRŽAJ

1. Opis problema i podataka	1
2. Opis implementacije	2
2.1. Graf preklapanja	3
2.2. Generiranje konsenzusa	4
2.3. Spajanje spojenih contiga	5
3. Rezultati	7
3.1. EColi	7
3.2. CJejuni	8
3.3. BGrahamii	13
4. Zaključak	16
Literatura	17

1. Opis problema i podataka

Cilj ovog projekta je poboljšati djelomično sastavljen genom koristeći duga očitanja. Ukoliko genom ima puno ponavljajućih sekvenci, pogotovo ako su iste duže od duljine očitanja, teško ga je sastaviti u potpunosti. Ulazni podaci su skup sastavljenih sekvenci (contig-a), koje su dobivene nekim od alata za sastavljanje genoma, te skup dugih očitanja. Zadatak je napisati program koji pokušava sastaviti contig-e u jednu sekvencu koristeći dobivena očitanja.

Za provjeru rada implementacije korištena su 3 genoma:

1. EColi - sintetski podaci (3 contig-a)
2. CJejuni - stvarni podaci (6 contig-a)
3. BGrahamii - stvarni podaci (6 contiga-a)

Svi podaci se sastoje od datoteke s očitanjima te datoteke s već sastavljenim sekvencama koje su u FASTA formatu. Uz njih algoritmu su potrebna i preklapanja između contig-a i očitanja, te međusobna preklapanja očitanja koja su dobivena alatom Minimap2¹ u PAF formatu. Konačno, dobivena je i datoteka koja sadrži referentnu sekvencu s kojom se uspoređuje krajnji rezultat.

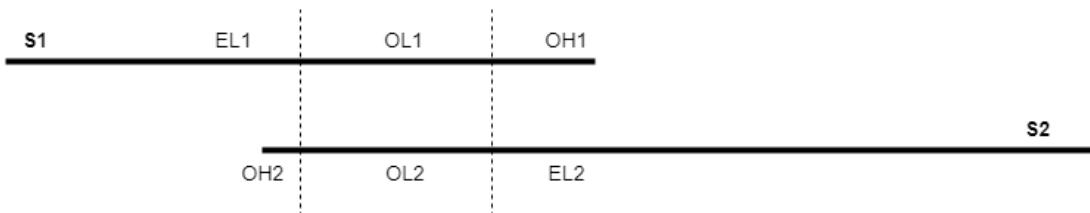
¹<https://github.com/lh3/minimap2>

2. Opis implementacije

Implementacija uglavnom slijedi algoritam HERA (engl. *Highly Efficient Repeat Assembly*) opisan u radu [1] uz nekoliko manjih modifikacija. Algoritam se sastoji od tri glavnih koraka. Prvo se gradi graf preklapanja u kojem se traže putevi između contig-a. Nakon što su pronađeni mogući putevi, za svaki par contig-a se traži reprezentativna sekvenca te se u konačnici sastavlja jedna sekvenca između povezanih contig-a.

Alat Minimap2, ukoliko pronađe preklapanje između dvije sekvene (očitanje ili contig), da informacije o indeksima početka i kraja preklapanja za obje sekvene. Prvi korak je odbacivanje preklapanja koja zadovoljavaju barem jedan od sljedećih uvjeta:

- preklapanje je između dvije iste sekvene,
- preklapanje u kojem jedna sekvenca u potpunosti sadrži drugu,
- SI (engl. *sequence identity*) mjera je ispod određene granice (primjerice 40%).



Slika 2.1: Primjer preklapanja između S1 i S2

Za preostale sekvene se računaju mjere preklapanja i produživanja. Na slici 2.1 je prikazano preklapanje između sekvenca S_1 i S_2 gdje se sekvenca S_2 nalazi nakon sekvence S_1 . U sredini između isprekidanih linija je regija preklapanja čija je duljina OL_1 i OL_2 , ovisno koju sekvencu gledamo, a izvana su OH (engl. *overhang length*) i EL (engl. *extension length*). Koristeći navedene duljine, računa se mjera preklapanja OS i mjere produživanja ES_1 i ES_2 prema izrazima 2.1 -

2.3. Pri tome je potrebno voditi računa preklapaju li se sekvene na istim ili suprotnim lancima. Primjerice da se S_1 i S_2 preklapaju na suprotnim lancima, potrebno bi bilo zamijeniti vrijednosti OH_2 i EL_2 .

$$OS = \frac{(OL_1 + OL_2) * SI}{2} \quad (2.1)$$

$$ES_1 = OS + \frac{EL_1}{2} - \frac{OH_1 + OH_2}{2} \quad (2.2)$$

$$ES_2 = OS + \frac{EL_2}{2} - \frac{OH_1 + OH_2}{2} \quad (2.3)$$

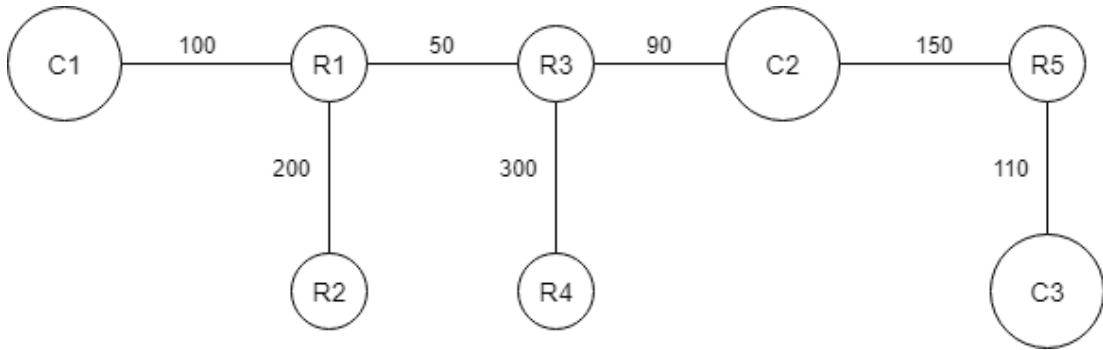
Nakon što su sve mjere izračunate, odbacuju se preklapanja gdje je zbroj OH_1 i OH_2 veći od 20% duljine produživanja EL_1 ili EL_2 te je moguće prijeći na izradu grafa preklapanja.

2.1. Graf preklapanja

Čvorovi u grafu predstavljaju contig-e i očitanja, a grane preklapanja, s time da grana može biti povezana na glavu ili rep čvora. Drugim riječima, svaki čvor ima svoje prefikse i sufikse. Sljedeći korak je traženje puteva između dva contig-a koji se obavlja pretraživanjem u dubinu (engl. *DFS*) uz nekoliko pravila. Postupak kreće iz svakog contig-a i zaustavlja se kada dođe do očitanja koje je povezano s drugim contig-om ili je trenutni put veći od maksimalne dopuštene duljine. Dodatno ograničenje je da se jedno očitanje ne može više puta pojaviti u istom putu.

Za izgradnju puteva koriste se tri pristupa. Prvi pristup iz početnog contiga izabere sve produžetke, ali za svaki sljedeći produžetak bira onaj koji ima najveću mjeru preklapanja OS . Ukoliko se dođe do čvora koji nema produžetke, vraća se jedan korak nazad i bira sljedeći najbolji produžetak. Drugi pristup radi isto kao prvi jedino koristi mjeru produživanja ES . Konačno, treći pristup nasumično bira produživanja proporcionalno mjeri produživanja ES , s time da je potrebno odrediti koliko puta će se iz svakog contig-a pokušati pronaći put ovom metodom. Po završetku postupka pronalaženja puteva između contig-a potrebno je samo odbaciti duplike i moguće je prijeći na sljedeći korak algoritma.

Na slici 2.2 je primjer jednostavnog grafa preklapanja gdje brojevi na granama predstavljaju mjeru preklapanja OS . Prepostavimo da tražimo put iz contig-a C_1 prvim pristupom. Prvo ćemo produžiti put u R_1 , nakon toga u R_2 jer ima veću mjeru preklapanja od puta koji vodi u R_3 . Međutim, kako dalje nema čvorova



Slika 2.2: Primjer grafa preklapanja

moramo se vratiti nazad i ići u R_3 . Iako je po mjeri preklapanja veći put u R_4 , za sljedeći čvor biramo C_2 jer predstavlja contig i time je jedan put završen.

2.2. Generiranje konsenzusa

Jednom kada je konstruiran graf preklapanja, od potencijalno velikog broja pronađenih puteva između svakog od parova contig-a potrebno je odabratи jednu reprezentativnu (konsenzusnu) sekvencu (engl. *consensus sequence*).

Proces odabira takve sekvence započinje grupiranjem pronađenih puteva u tzv. konsenzusne grupe temeljem distribucije njihovih duljina, pri čemu razlikujemo 3 različita slučaja.

1. Prvi slučaj nastupa ukoliko su duljine svih pronađenih puteva usko distribuirane (unutar 10 kilobaza). Tada se svi putevi slažu u istu grupu, a kao reprezentativna sekvenca odabire se ona s najvećom prosječnom *sequence identity* mjerom.
2. Ukoliko su duljine distribuirane šire od 10 kb, no ne šire od 100 kb, pokušava se formirati više konsenzusnih grupa. Na početku se putevi razvrstavaju (temeljem njihove duljine) u 10 podgrupa veličine 10 kb, koje pokrivaju čitavo područje distribucije. Zatim se za svaku podgrupu koja sadrži barem jedan put izračuna suma globalnih frekvencija pojavljivanja sadržanih puteva određene duljine. Sve podgrupe čija je suma frekvencija manja od 20% najveće sume označavaju se kao doline (engl. *valleys*) dok u suprotnom postaju vrhovi (engl. *peaks*). Nad tako označenim podgrupama tada se traže sve doline okružene s vrhovima te ukoliko iste postoje, duljina puta s najmanjom globalnom frekvencijom pojavljivanja svake od njih postaje granična duljina cijepanja glavne grupe (u kojoj su prvotno sadržani

svi putevi). Pronalazak n takvih dolina dovodi do cijepanja glavne grupe na $n + 1$ dijelova, od kojih svaki postaje zasebna konsenzusna grupa čija se reprezentativna sekvenca bira identično kao i u prvom slučaju.

3. Ukoliko su duljine distribuirane šire od 100 kb, u potpunosti se odbacuje mogućnost odabira reprezentativne sekvene između tog para contig-a.

Nakon stvaranja svake od grupe, iz istih se filtriraju putevi čija je frekvencija pojavljivanja duljine manja od 50% najveće frekvencije. Jednom kada su stvorene grupe između svih parova contig-a prelazi se na zadnji korak algoritma.

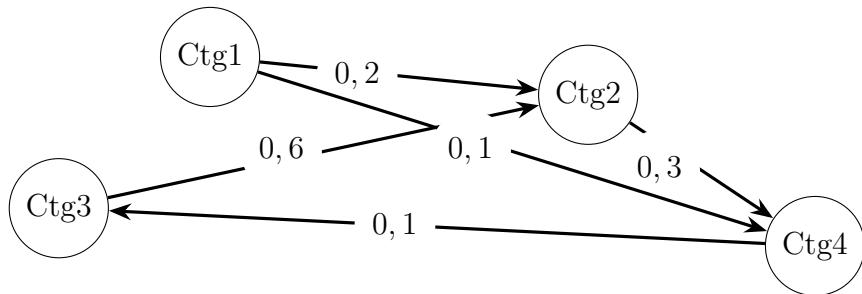
2.3. Spajanje spojenih contiga

Za svaki par spojenih contiga dobijemo n-grupa te uzmemu path koji je najbolji s obzirom na neku mjeru. Implementrali smo dvije mjere koje koristimo a to su:

- prosjek svih SI
- medijan svih SI

Nakon odabira najboljeg puta između dvije contige radimo još jedan graf. Graf koji radimo radimo radi pronađaka najboljeg puta koji prolazi kroz sve contige ili kroz njih maksimalno koliko može.

Graf je usmjeren jer razlikujemo poveznicu $Ctg1 \rightarrow Ctg2$ i $Ctg2 \rightarrow Ctg1$. Contiga 1 je povezana sa svojim krajom s početkom contige 2. Dok Contiga 2 je povezana sa svojim krajom s početkom contige 1. Ako idemo kroz graf nakon što uđemo kroz glavu moramo proći kroz rep pa je tako potrebno da ovo bude ili usmjereni graf ili kompleksnija struktura. Osim što je usmjeren graf je i težinski. Težine su ili medijan SI ili prosjek svih SI između te dvije contige. Primjer na slici 2.2 je ilustracija kako graf može izgledati ako imamo 4 spojene contige. Za ovaj primjer još je relativno jednostavno pronaći Hamiltonov put ali kada imamo više konekcija potrebno je proći kroz sve moguće kako bismo odabrali najbolju poveznicu svih contiga.



Slika 2.3: Graf contiga - pronalazak Hamiltonovog puta

Nakon što smo sagradili graf moramo pronaći Hamiltonov put. Pronalazak Hamiltonovog puta je implementiran kao rekurzija. Nakon što dobijemo sve puteve koji i nisu nuzno Hamiltonovi, sortiramo sve puteve po duljini a nakon toga po "dobroti"(suma medijana ili prosjeka). Odabiru se trenutno 3 najbolja puta i šalju na ispis.

Ispis je implementiran tako da pazi na kojem smo contigu te prva contigu mu je referentna strana. Prilikom ispisa obilazimo contige redoslijedom iz put te contige i readove koji su na suprotnoj strani okrećemo i uzimamo komplement kako bi bili na istoj DNA zavojnici.

Krajnji rezultat su maksimalno 3 datoteke koje u svojim imenima sadrže redoslijed contiga koje je algoritam pronašao.

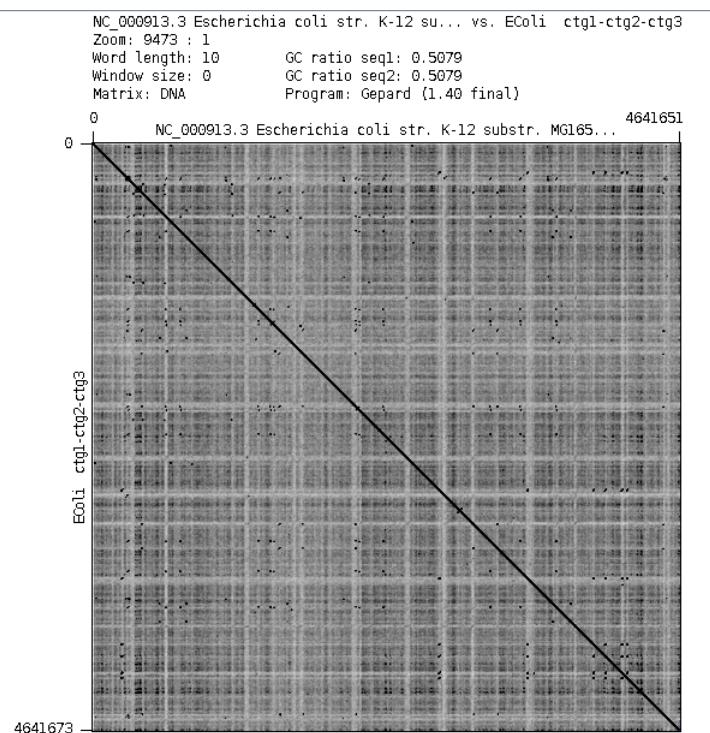
3. Rezultati

Dana su nam 3 genoma za testiranje:

1. EColi - sintetski podaci (3 contig-a)
2. CJejuni - stvarni podaci (6 contig-a)
3. BGrahamii - stvarni podaci (6 contiga-a)

3.1. EColi

Kod EColi smo uspjeli ostvariti skoro savršenu pododarnost kao što vidimo na slici 3.1.



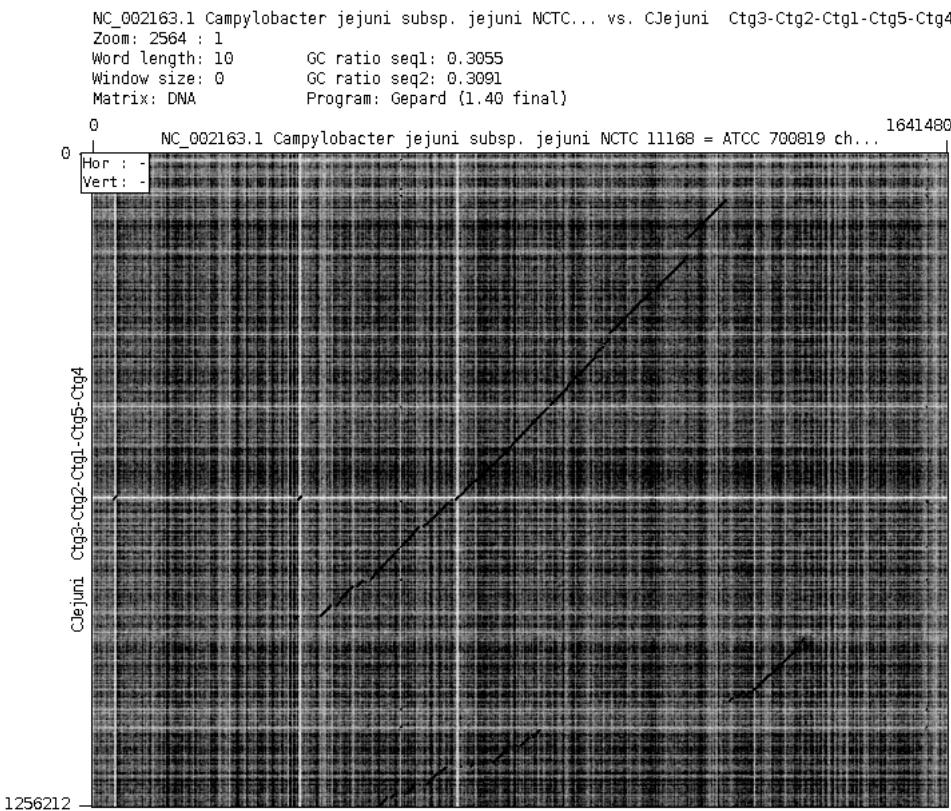
Slika 3.1: EColi - rezultati s Geparda

Duljina referentne sekvence je 4,641,651, a naše 4,641,673 baza. GC omjer je za obje sekvence jednak. Naravno da i podudarnost nismo dobili na bazu, ali smo uspjeli dobiti jednu konzistentnu sekvencu. Količina vremena koja je potrebna da se sastavi genom je u prosjeku 10 sekundi, a zauzima otprilike 50 MiB memorije.

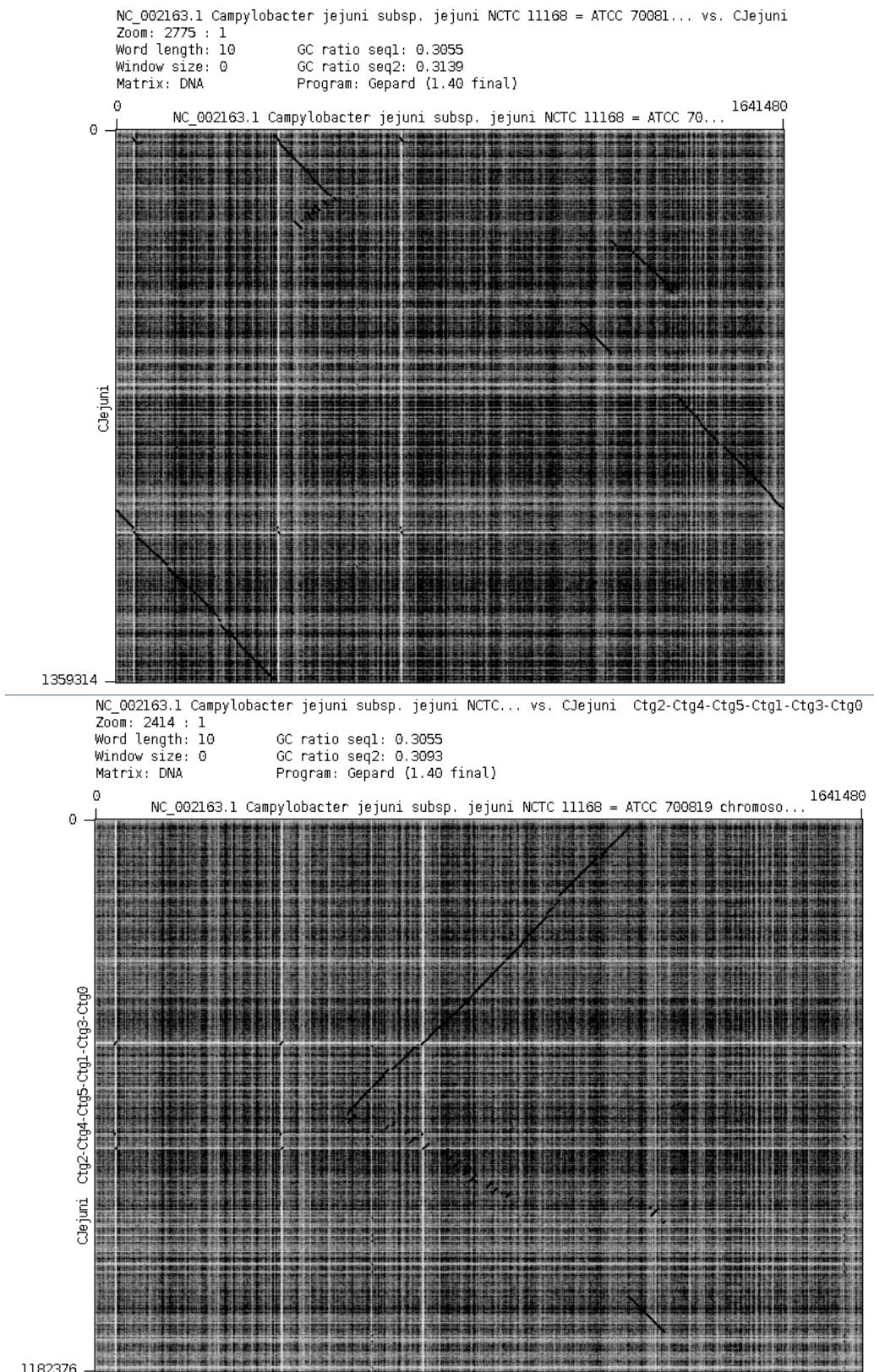
3.2. CJejuni

Kod CJejuni nismo uspjeli dobiti sekvencu koja je u potpunosti u skladu s referencom. U nastavku slijedi nekoliko vrijednih pokušaja. Za procesiranje ovih podataka je potrebna 1 minuta i 200 MiB memorije.

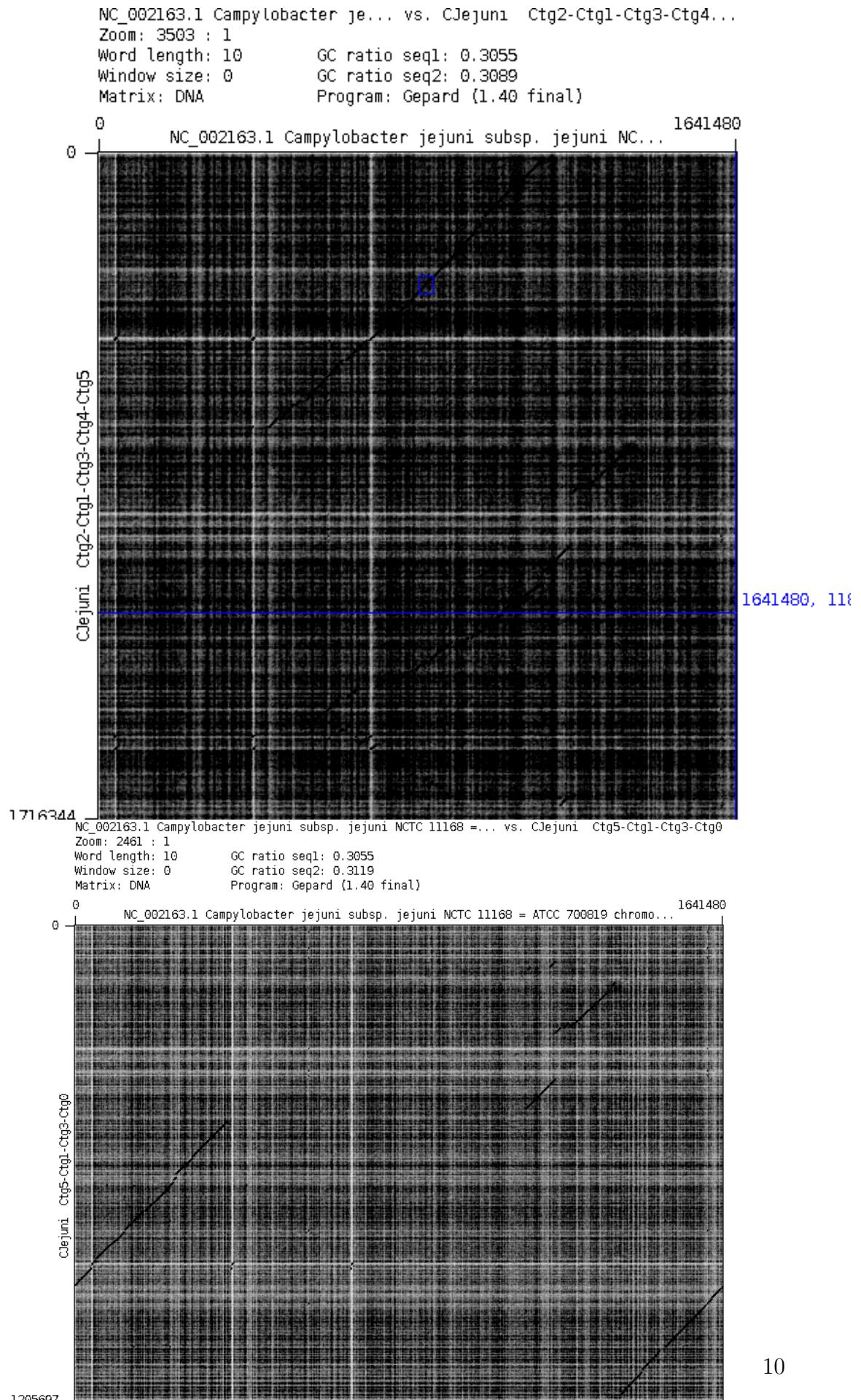
Najdulja sekvencia koju smo dobili je Ctg2-Ctg4-Ctg5-ctg1-Ctg3-Ctg0. Iako smo povezali sve contige u jednu sekvencu, nisu povezani potpuno točno. Uspjeli smo puno bolje naći manje dijelove od par sekvenci i povezati ih kao što vidimo na narednim slikama.



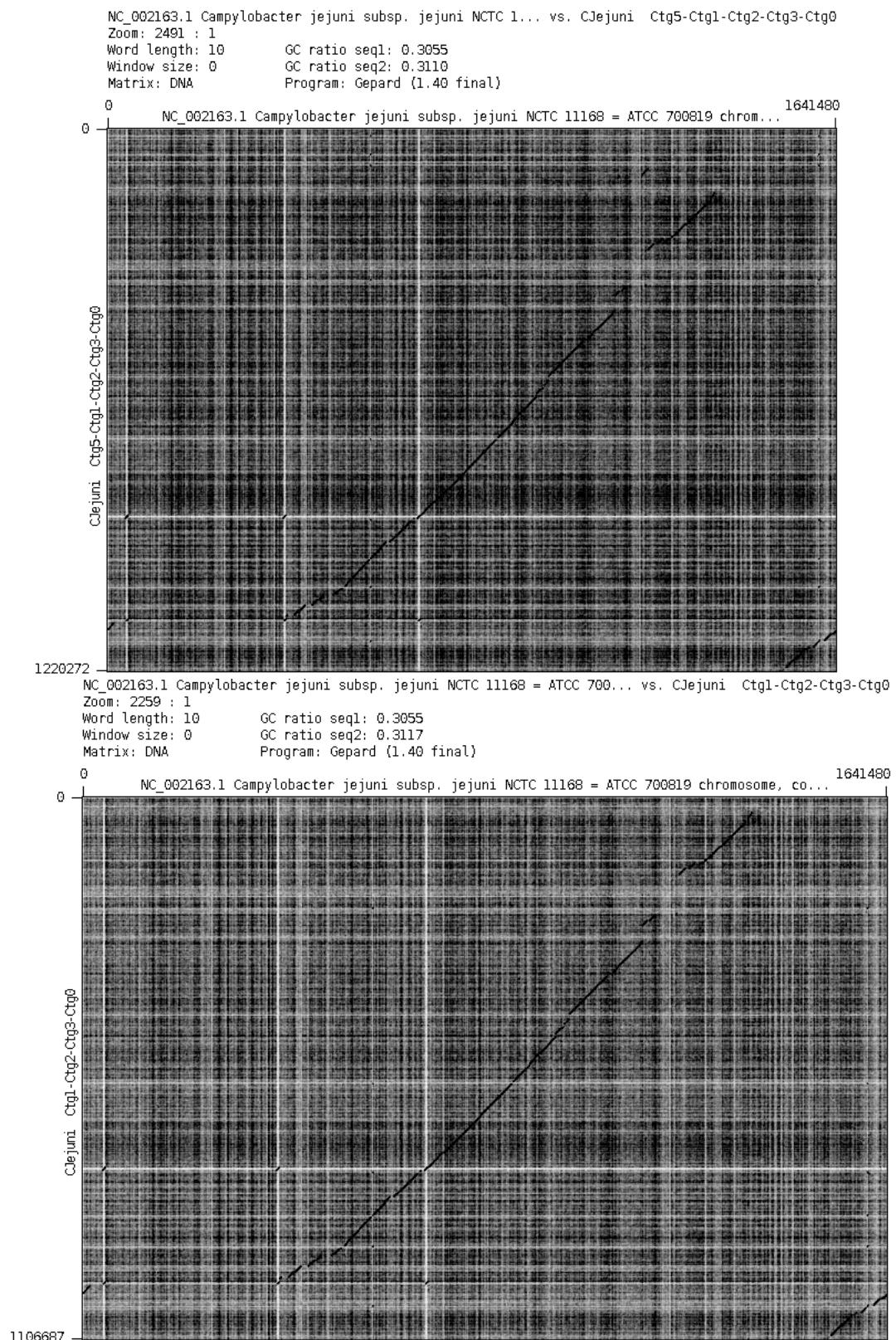
Slika 3.2: CJejuni - rezultati s Geparda 1



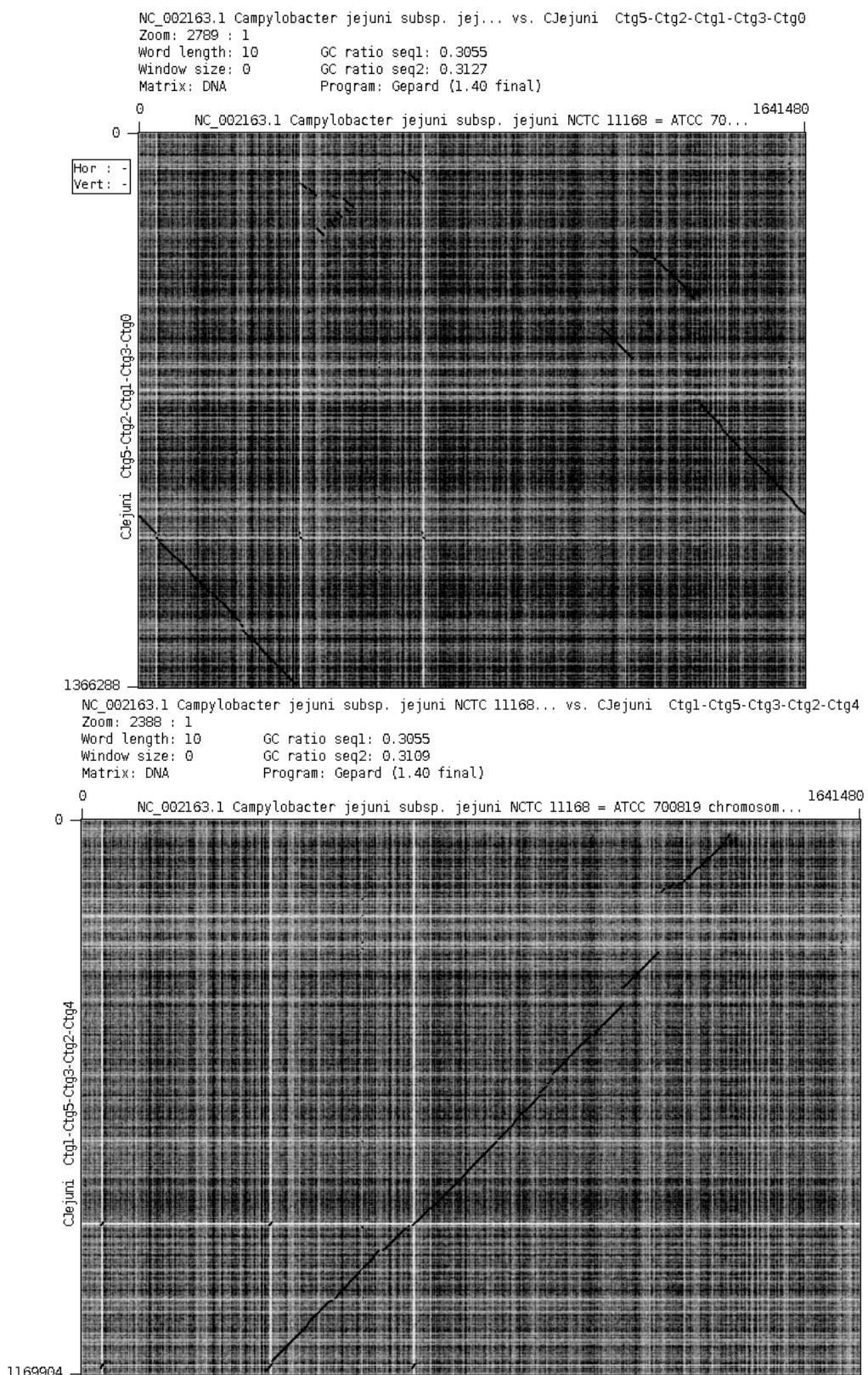
Slika 3.3: CJejuni - rezultati s Geparda 2



Slika 3.4: CJejuni - rezultati s Geparda 3



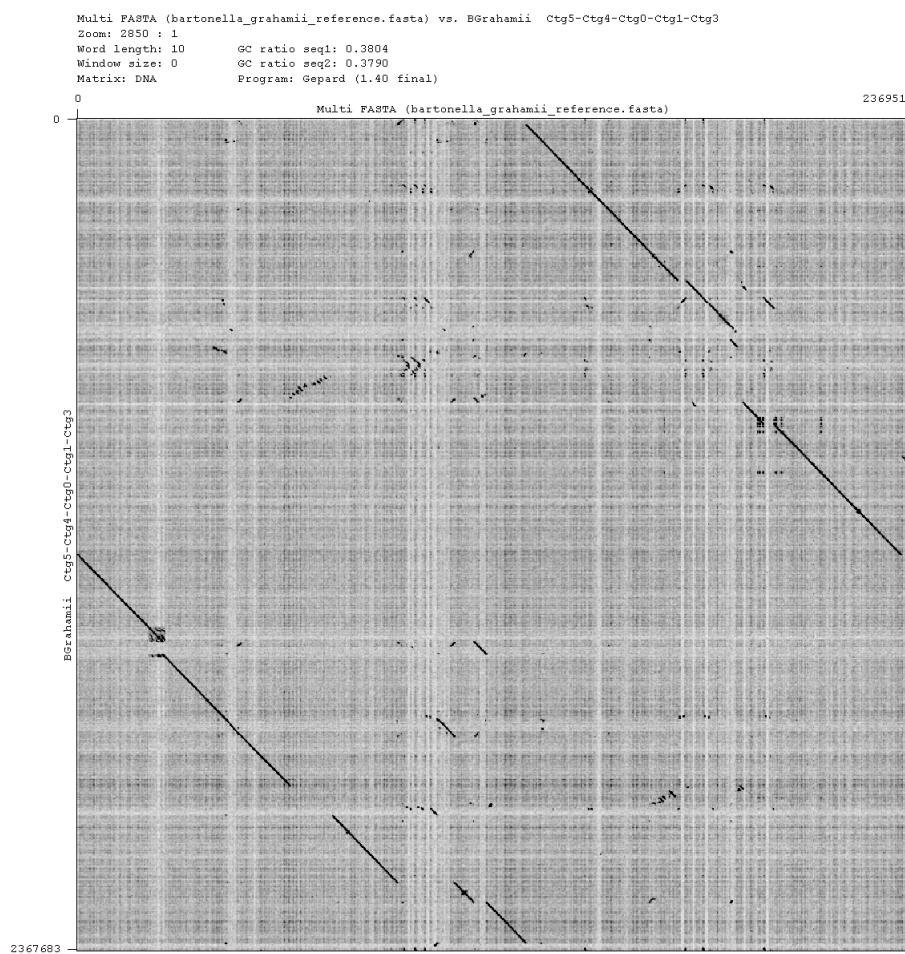
Slika 3.5: CJejuni - rezultati s Geparda 4



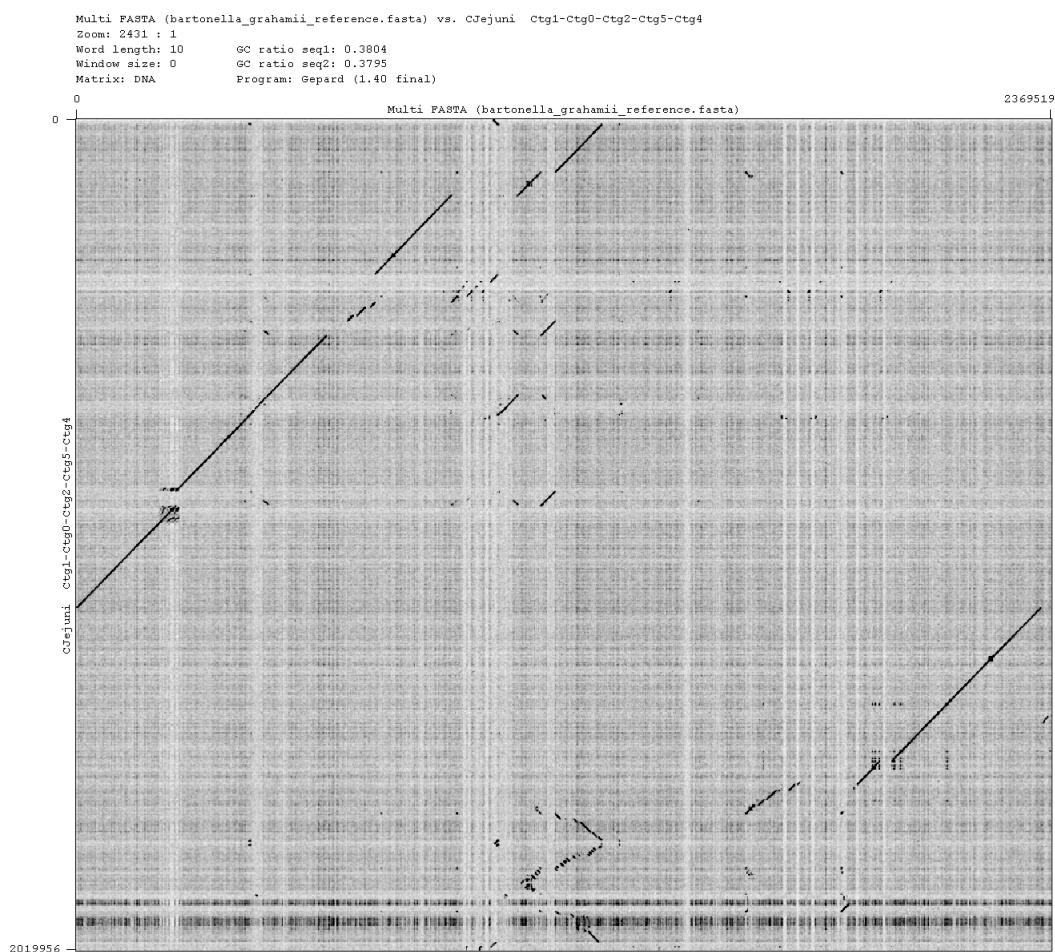
Slika 3.6: CJejuni - rezultati s Geparda 5

3.3. BGrahamii

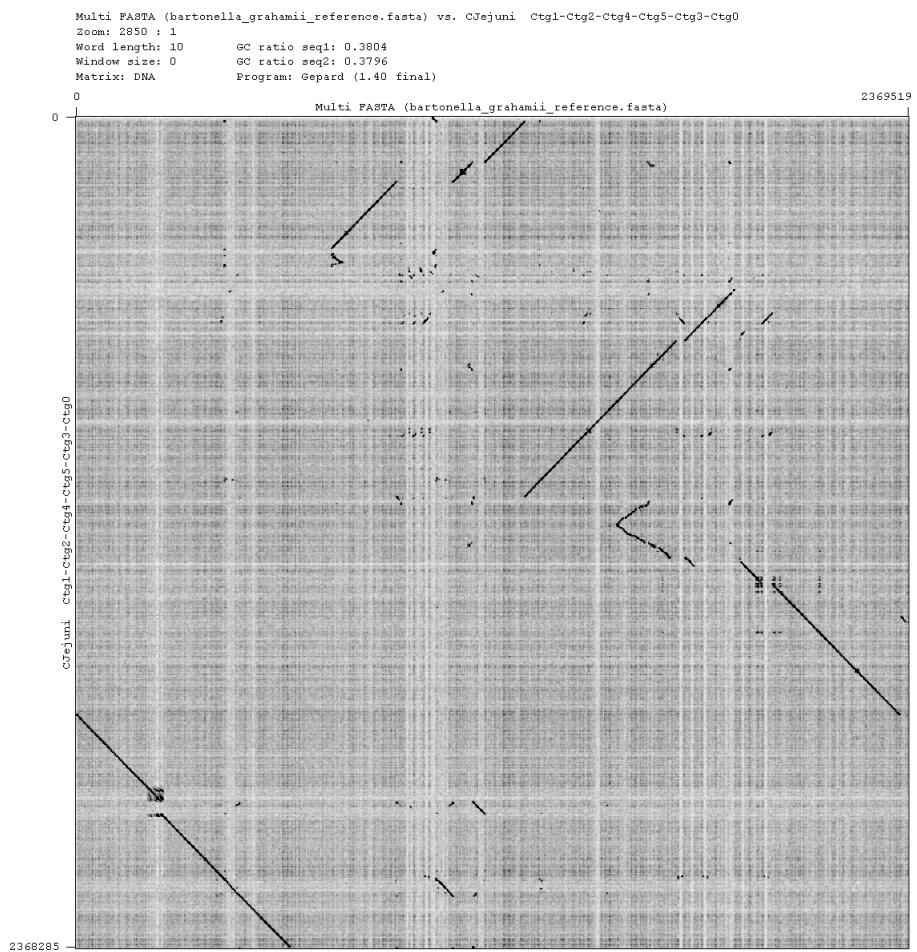
Rezultati kod BGrahamii genoma isto se ne poklapaju u potpunosti s referentnom sekvencom. Za procesiranje ovih podataka je potrebno 3-10 minuta i 2 GiB memorije (ovisno o parametrima programa). Sastavljene sekвенце су видљиве на slikama u nastavku.



Slika 3.7: BGrahamii - rezultati s Geparda 1



Slika 3.8: BGrahamii - rezultati s Geparda 2



Slika 3.9: BGrahamii - rezultati s Geparda 3

4. Zaključak

Implementacija pomalo obskurnog i loše napisanog algoritma nam je donijela brojne probleme i natjerala nas da se fokusiramo više na maštu i vlastitu reimplementaciju. Napravili smo dosta promjena u radu. Neke iz neshvaćanja, a neke jer su nam naše implementacije bolje radile. Poigravali smo se s različitim načinima filtriranja te razrješavanjem konsenzusa grupe. Sami rezultati nisu bajni, ali postoji još puno mjesta za napredak. Nismo se pozabavili stvarima poput drugačijih mjera za razješavanje konsenzusa grupe te nismo pretraživali u suprotnom smjeru od contige jer u tom slučaju bismo morali započeti pretragu ne samo od glave do repa već i od repa do glave svake contige što bi dodatno zakompliciralo implementaciju te prodljilo sam rad algoritma. Isto tako samo promatramo SI mjeru prilikom razrješavanja puteva i nije nam se isplatilo komplikirati implementaciju u slučaju da putevi imaju jednaku važnost.

LITERATURA

- [1] Huilong Du i Chengzhi Liang. Assembly of chromosome-scale contigs by efficiently resolving repetitive sequences with long reads. *bioRxiv*, 2018. doi: 10.1101/345983. URL <https://www.biorxiv.org/content/early/2018/06/13/345983>.