

Capstone Project

Diemer Harbers & Douwe Metselaar

16-2-2021

Contents

1	Achtergrond	2
1.1	Inleiding	2
1.2	Methoden	2
1.3	Data	2
2	Analyse	3
2.1	Op basis van count matrix	3
2.2	Op basis van fastq	3

1 Achtergrond

1.1 Inleiding

Een tekort aan ijzer kan de gewasopbrengst sterk beïnvloeden. Daarnaast speelt ijzer een belangrijke rol in het metabolisme en is het nodig voor plantengroei. IJzer fungeert onder andere als cofactor van veel enzymen. Verder is het betrokken bij de elektronentransportketen en fotosynthese. In eerdere onderzoeken is al onderzoek gedaan naar ijzertekorten in verschillende planten, echter is het achterliggend moleculaire mechanisme betreffende ijzertekorten niet bekend voor tarwe. Met behulp van RNA-seq zal getracht worden dit mechanisme te ontrafelen. (Wang et al., 2020)

De gebruikte cultivar is *Triticum aestivum* cv. Bobwhite S26 s. Zaden werden in gelijke omstandigheden gekiemd met voldoende ijzer aanwezig. Na 7 dagen werd de helft van de zaden overgebracht naar een ijzerarme omgeving. Vervolgens werden de planten gegroeid gedurende 90 dagen. Vervolgens werden van de wortels en bladeren van de planten in de twee condities RNA geïsoleerd. Per sample werden drie biologische replicaten genomen. Na een zuiveringsstap werden de sequencing libraries gemaakt. Na de library preparation werden de samples met behulp van de Illumina HiSeq gesequenced. In totaal werden 12 samples gesequenced. (Wang et al., 2020)

Na de transcriptoom analyse is gebleken dat 5969 genen differentieel tot expressie kwamen in bladeren. In de wortels kwamen minder genen differentieel tot expressie tussen de controle en behandelgroep, namelijk 2591. In figuur 1 zijn de hoeveelheden DEG's in samples samengevat. Een Gene ontology (GO) enrichment analysis is uitgevoerd op de data om inzicht te krijgen welke pathways in respons op ijzertekort verhoogd of verlaagd worden. Uit de resultaten is gebleken dat verschillende genfamilies, MFS, ABC transporters, OPT en NRAMP, differentieel gereguleerd werden. (Wang et al., 2020)

1.2 Methoden

De reads in het artikel die zijn verkregen door RNA-seq zijn voor verdere verwerking gecontroleerd met FastQC, getrimmd met Trimmomatic en gemapt tegen het genoom doormiddel van Star. Om iets over genexpressie te kunnen zeggen is een kwantificatie gedaan in R met de functie `featureCounts` van het package Rsubread. De functie `featureCounts` wordt gebruikt voor een telling van reads die zijn gegenereerd op basis van RNA of DNA-sequencing. Het voordeel is dat het een snelle methode is en weinig computergeheugen vereist. Omdat het genoom van gewone tarwe hexaploid is het nodig om ook de subgenomen te identificeren, hiervoor is HomeoRoq gebruikt. Om een differentiële genexpressie uit te voeren is de functie `DESeq2` nodig in R. Dit is een functie die verpakt is in het pakket van Bioconductor. Met de functie `DESeq2` worden onbewerkte tellingen aan een NB-model toegekend, daar worden ook statistische test voor differentieel tot expressie gebrachte genen uitgevoerd. In deze stap wordt dus bepaald of de gemiddelde expressieniveaus van verschillende steekproefgroepen significant verschillen. Voor de GO-verrijkings analyse die ook is uitgevoerd in R is gebruik gemaakt van het R-pakket "TopGo". Om de significante GO-termen te berekenen is een gekeken naar de WeightFisher-algoritme. Na alle voorgaande stappen zijn de resultaten gevisualiseerd met ggplot en ggnetwork. Hierin kunnen grafieken en plots gemaakt worden ter visuele assistentie van de theoretische informatie. Daarnaast zijn ook visualisaties gemaakt met VennDiagram en Pheatmap., met deze functies kan met Venndiagrammen maken en headmaps. (Wang et al., 2020)

1.3 Data

De dataset van het artikel is opgeslagen in de GEO database op NCBI in de vorm van een Excel bestand. Dit Excel bestand is opgedeeld in twee onderdelen, de twee onderdelen bestaand uit samples van de wortelen en samples van de bladeren. Van elk onderdeel zijn zes samples, drie controle samples en drie samples met een laag ijzergehalte. De dataset is zo opgebouwd dat in de eerste kolom de reads zijn weergegeven. Deze zijn te herkennen aan de TreasCS naam. In de kolommen 2 tot en met 7 staat de ruwe data van de samples weergegeven in de vorm van counts. Naast de ruwe data zijn in de kolommen 8 tot en met 23 nog extra data te vinden. Hierin zijn bijvoorbeeld log2 Foldchanges al weergegeven, Wald Test p-waarden en adjusted p-waarden te vinden, functie omschrijving van de genen en de locatie in de PFAM, GO en Interpro databases.

2 Analyse

2.1 Op basis van count matrix

2.2 Op basis van fastq

2.2.1 Data

Een referentiegenoom van tarwe is beschikbaar via deze **site**. Een annotatie bestand in ggf3 formaat is te vinden op deze webstite, daarbij is gekozen voor het `iwgsc_refseqv2.1_gene_annotation_200916.zip` bestand. Vervolgens zijn de volgende bestanden opgeslagen: `iwgsc_refseqv2.1_annotation_200916_LC.gff3`, `iwgsc_refseqv2.1_annotation_200916_HC.gff3`. De accession code voor het BioProject op de NCBI website is **PRJNA680330**, vanaf hier zijn links te vinden naar de 12 SRA pagina's van het onderzoek.

2.2.2 Stap 1: SRA bestanden downloaden

De eerste stap in de analyse is het downloaden van de `.fastq` bestanden van SRA. De volgende 12 samples moeten gedownload worden:

- SRR13114670
- SRR13114671
- SRR13114672
- SRR13114673
- SRR13114674
- SRR13114675
- SRR13114676
- SRR13114677
- SRR13114678
- SRR13114679
- SRR13114680
- SRR13114681

Met het onderstaande commando worden twee `.fastq` bestanden gedownload, een met de forward reads en een met de reverse reads.

```
fasterq-dump SRR13114670
```

2.2.3 Stap 2: QC

Op de `.fastq` bestanden moet als eerst een kwaliteitscontrole uitgevoerd worden, hiervoor wordt gebruik gemaakt van FASTQC.

2.2.4 Stap 3: trimmen & filteren

Trimmen: Trimmomatic-0.36 cutting Illumina TruSeq adapters from the reads, cutting Illumina TruSeq adapters from the reads, and read length below 36 bp was dropped

```
trimmomatic PE reads_1.fastq reads_2.fastq \
  outputFile1P.fastq outputFile1U.fastq outputFile2P.fastq outputFile2U.fastq \
  MINLEN:36 \
  ILLUMINACLIP:TruSeq3-PE.fa:2:30:1
```

2.2.5 Stap 4: genoom indexeren met STAR

https://physiology.med.cornell.edu/faculty/skrabanek/lab/angsd/lecture_notes/STARmanual.pdf

```
STAR --runThreadN ... \
--runMode genomeGenerate \
--genomeDir ... \
```

```
--genomeFastaFiles ...\  
--sjdbGTFfile ... \  
--sjdbOverhang 100
```

2.2.6 Stap 5: reads mappen tegen genoom met STAR

2.2.7 Stap 6: featureCounts

https://hbctraining.github.io/Intro-to-rnaseq-hpc-O2/lessons/05_counting_reads.html