

Обзор литературы по ассемблерам

Дмитрий Яковлев

EPAM Systems

17 октября 2016 г.

- 1 Введение
- 2 Модель ошибки на данных BioNano
- 3 Ассемблеры
 - TWIN
 - OPTIMA
 - MAligner
 - OMBlast

Введение

Модель ошибки на данных BioNano

Ассемблеры

TWIN

OPTIMA

MAligner

Два подхода:

- На основе алгоритма Смита-Ватермана
 - ❶ Построение множества выравниваний на референсе
 - ❷ Отклонение выравниваний с помощью M-Score
- На основе индексации

Пусть имеются два выравненных участка с n и m пропущенными фрагментами длины r и m на референсе и карте соответственно. Тогда выравнивание имеет следующее значение:

$$Score(q, r, m, n) = S(q, r) + C_q m + C_r n$$

$$S(q, r) = \left(\frac{q - r}{\sigma(r)} \right)^2$$

$$\sigma(r) = \max(\alpha r, \sigma_{min})$$

C_q - штраф за пропущенные фрагменты на карте

C_r - штраф за пропущенные фрагменты на референсе

σ_{min} - для фрагментов малой длины, ошибка больше

α - доля референса, которая будет использоваться как стандартное отклонение

Предложена оценка M-Score для определения значимости выравнивания:

$$m_{\mathcal{A}} = \underset{A \in \mathcal{A}}{\text{median}}\{\text{Score}(A)\}$$

$$MAD_{\mathcal{A}} = \underset{A \in \mathcal{A}}{\text{median}}\{|\text{Score}(A) - m_{\mathcal{A}}|\}$$

$$M - \text{Score}_{\mathcal{A}}(A) = \frac{\text{Score}(A) - m_{\mathcal{A}}}{MAD_{\mathcal{A}}}$$

$\text{Score}(A)$ - значение выравнивания A

\mathcal{A} - 100 лучших выравниваний по $\text{Score}(A)$

MAligner: Алгоритм на основе индексов

OMBlast

Этапы выравнивания:

- Поиск стартовых мест (сидов) для начала выравнивания
- Расширение сидов
- Объединение пересекающих выравниваний
- Построение итогового выравнивания

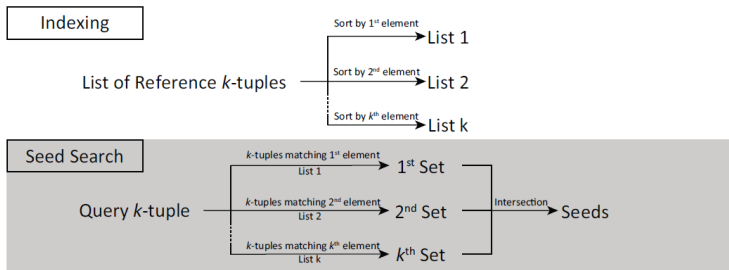
OMBlast: Поиск стартовых сидов - индексация

Фрагмент q на карте совпадает с фрагментом r на референсе:

$$r(1 - T_s) - T_m \leq q \leq r(1 + T_s) + T_m$$

T_s - ошибка масштабирования

T_m - ошибка измерений



OMBlast: Поиск стартовых сидов - бины

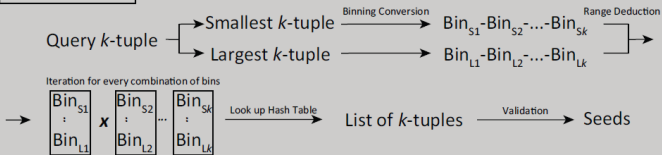
Binning

Bin	Interval
A	1-5000
B	5001-10000
C	10001-15000
...	...

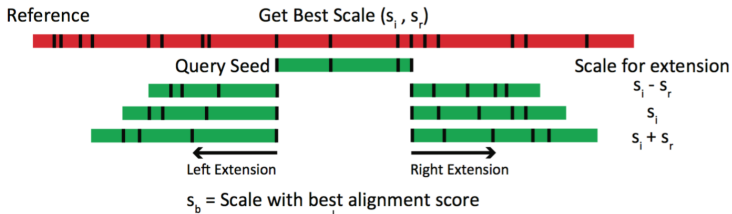
Indexing

Reference k -tuple $\xrightarrow{\text{Binning Conversion}}$ $\text{Bin}_1\text{-Bin}_2\text{-...-Bin}_k \xrightarrow{\text{Hashing}}$ Hash Table

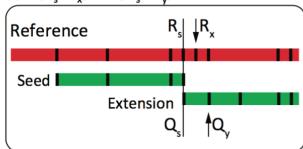
Seed Search



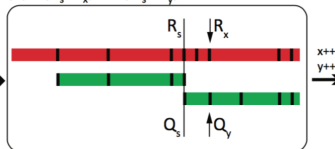
OMBlast: Расширение сидов



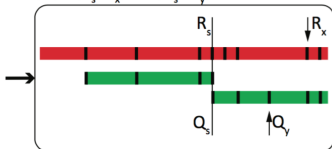
(i) $D(R_s, R_x) < D(Q_s, Q_y)$



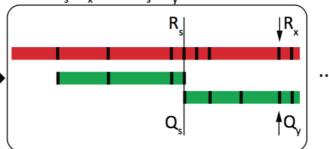
(ii) $D(R_s, R_x) \sim D(Q_s, Q_y)$



(iii) $D(R_s, R_x) > D(Q_s, Q_y)$



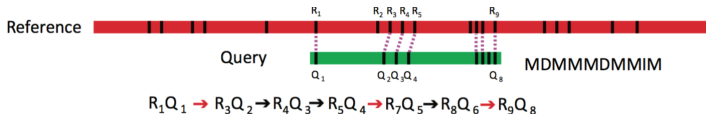
(iv) $D(R_s, R_x) \sim D(Q_s, Q_y)$



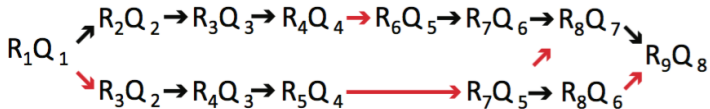
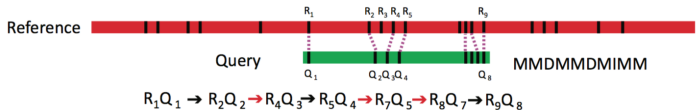
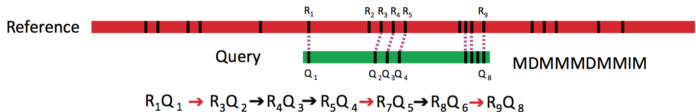
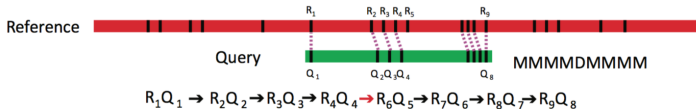
OMBlast: Объединение выравниваний (1)

Строится взвешенный ациклический граф:

- Вершины - выравненные разрезы
- Рёбра - между двумя парами последовательно (на одной карте) выравненных разрезов
- Веса - $t_m u_m - t_{es} u_{es} - t_{ms} u_{ms}$
 u_m - количество совпадений
 u_{es} - количество лишних разрезов
 u_{ms} - количество пропущенных разрезов

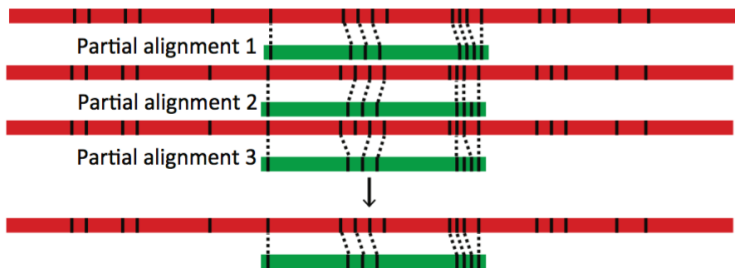


OMBlast: Объединение выравниваний (2)



OMBlast: Объединение выравниваний (3)

С помощью динамического программирования определяется путь в графе с наибольшим весом



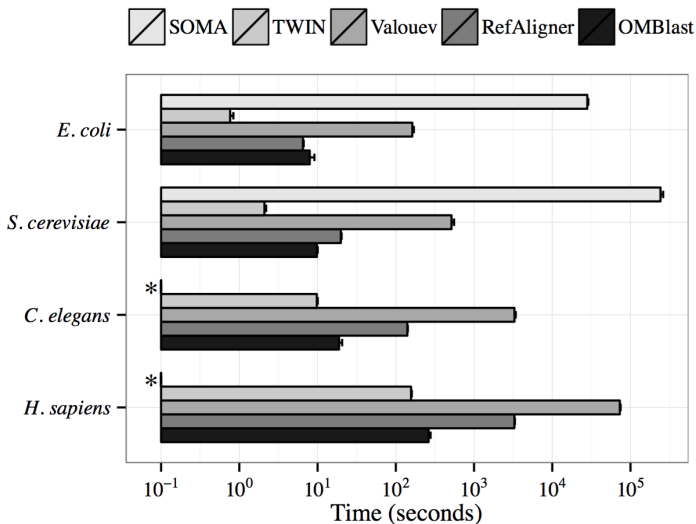
OMBlast: Построение итогового выравнивания

OMBlast: Результаты - входные данные

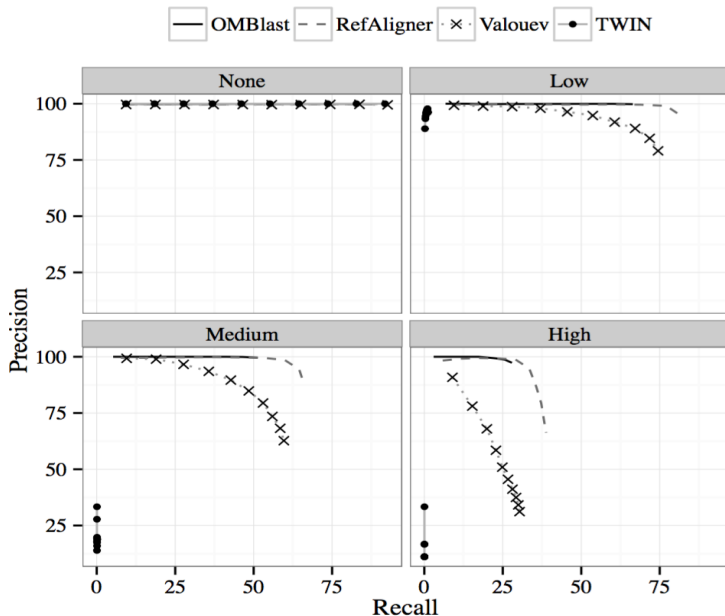
Organism	Genome Size (Mbp)	Total Signals	Average Bases Between Signals (kbp)
<i>E. coli</i>	4.6	683	6.8 ± 7.3
<i>S. cerevisiae</i>	12.1	1953	6.2 ± 6.7
<i>C. elegans</i>	100.3	14837	6.8 ± 8.0
<i>H. sapiens</i>	3088.3	377143	8.2 ± 83.2

Error Rate	None	Low	Medium	High
Extra Signal Rate	0	0.000005	0.00001	0.00002
Missing Signal Rate	0	0.05	0.1	0.2
Scaling	0	0.02	0.04	0.08
Measurement (bp)	0	500	500	500
Resolution (bp)	0	1200	1200	1200

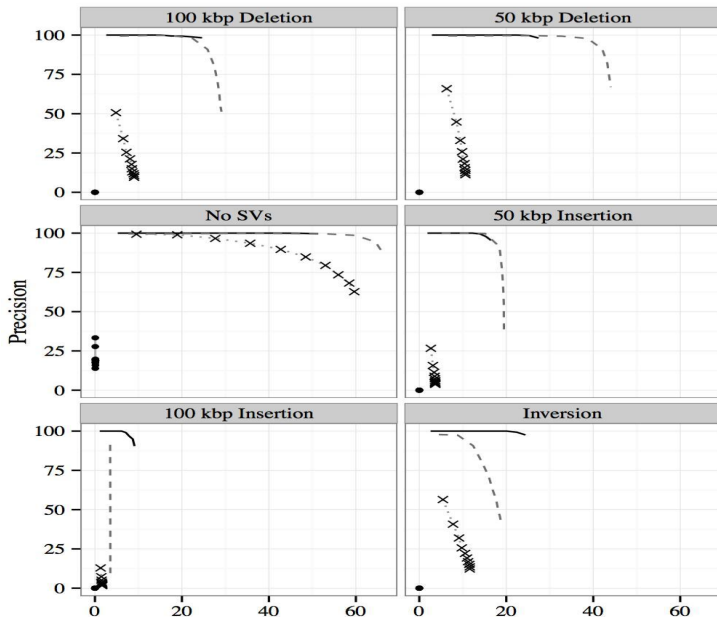
OMBlast: Результаты - время работы



OMBlast: Результаты - точность и полнота



OMBlast: Результаты - наличие SV



Спасибо за внимание!