

Поиск молекулярных конвергентных замен у высокогорных грызунов

Лабораторный журнал

- автор: Халенёва Дарья
- под руководством: Бондарева Ольга, Петрова Татьяна, Бодров Семён

Институт биоинформатики & Зоологический институт РАН

Пайплайн работы

1. Сборка транскриптомов, контроль качества

В данном пайплайне все сырые риды, а также риды после очистки и отбора генов лежат в папке data, а все результаты работы программ сохраняются в папку results в подпапку соответствующей программы (кроме очистки и поиска генов). Все используемые скрипты лежат в папке scripts

1.1 FastQC

```
fastqc -o results/fastQC data/trimmed/*PE*.fastq
```

1.2 Trimmomatic

запуск для консоли:

```
trimmomatic PE -phred33 -threads 3 data/raw/A2_S117_R1_001.fastq.gz data/raw/A2_S117_R2_001.fastq.gz  
data/trimmed/A2_S117_R1_PE.fastq.gz data/trimmed/A2_S117_R1_SE.fastq.gz data/trimmed/A2_S117_R2_PE.fastq.gz  
data/trimmed/A2_S117_R2_SE.fastq.gz ILLUMINACLIP:TruSeq2-PE.fa:2:30:10 SLIDINGWINDOW:4:15 MINLEN:60  
HEADCROP:12  
fastqc -o data/trimmed/FQC data/trimmed/A2_S117_R1_PE.fastq.gz
```

TruSeq2-PE убрал адаптеры наполовину

Запуск многих файлов (из папки с адаптерами, которые лежат в установленном trimmomatic в папке adapters):

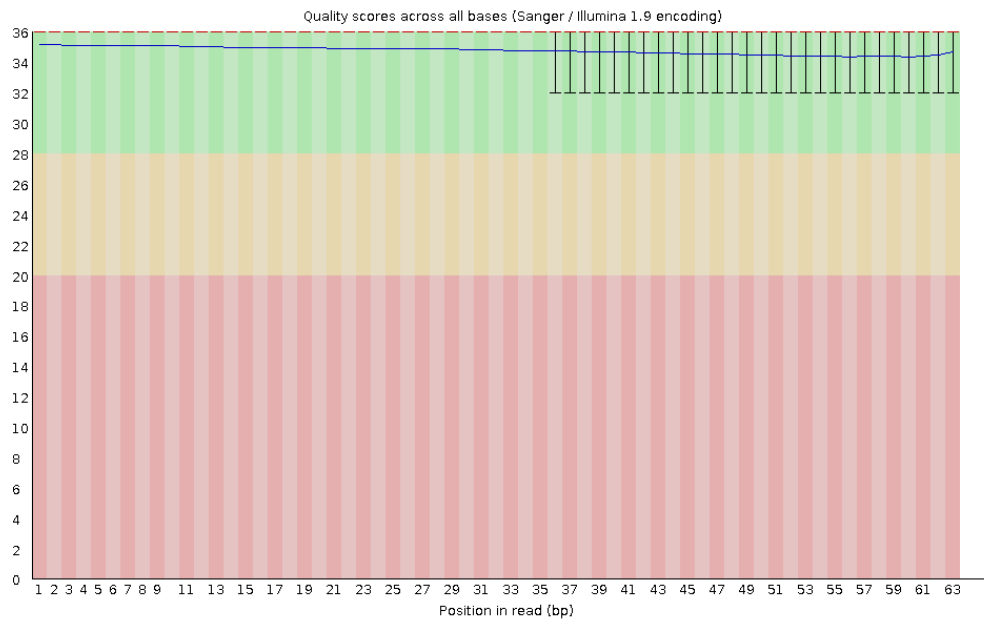
```
for file in data/raw/*.gz  
do  
withpath="${file}"  
filename=${withpath##*/}  
base="${filename%*_*}.gz"  
echo "${base}"  
trimmomatic PE data/raw/"${base}"_001.fastq.gz data/raw/"${base}"_001.fastq.gz  
data/trimmed/"${base}".trimmed_PE.fastq data/trimmed/"${base}".trimmed_SE.fastq  
data/trimmed/"${base}".trimmed_PE.fastq data/trimmed/"${base}".trimmed_SE.fastq HEADCROP:12  
ILLUMINACLIP:TruSeq3-PE-2.fa:2:30:10 LEADING:2 TRAILING:2 MINLEN:36  
done
```

Удаление адаптеров:

```
for adaptors in `ls *.fa`; do base=$(basename $adaptors ".fa");  
trimmomatic PE -phred33 -threads 3 data/trimmed/A10_S120_R1.trimmed_PE.fastq  
data/trimmed/A10_S120_R2.trimmed_PE.fastq data/trimmed2/"${base}"_1_PE.fastq data/trimmed2/"${base}"_1_SE.fastq  
data/trimmed2/"${base}"_2_PE.fastq data/trimmed2/"${base}"_2_SE.fastq ILLUMINACLIP:"${base}":2:30:10  
SLIDINGWINDOW:4:10; done
```

Итоговое качество - хорошее для всех прочтений!

✓ Per base sequence quality



1.3 Trinity

Установка

1. Качаем сам тринити в папку откуда будем запускать

```
wget https://github.com/trinityrnaseq/trinityrnaseq/releases/download/v2.11.0/trinityrnaseq-v2.11.0.FULL.tar.gz
tar -xf trinityrnaseq-v2.11.0.FULL.tar.gz # разархивируем
#ВАЖНО!!! python version = 3.9.0 не работает, сработало на 3.7
#Поэтому: (скорее всего можно 3.8 тоже)
conda install python=3.7.0
```

2. для тринити нужны (у меня было пустое окружение):

```
conda install -c bioconda bowtie2
conda install -c bioconda jellyfish
conda install -c bioconda samtools=1.9
conda install -c bioconda salmon=1.4.0
conda install -c anaconda numpy
```

3. Перед запуском заходим в корневую папку где установлена тринити и там запускаем команду:

```
make -i clean && make
```

Запуск

После установочных шагов, приведенных выше, Trinity запустилась командой:

```
# ЗАПУСК ДЛЯ (НЕСКОЛЬКИХ) L.LAGURUS
scripts/trinityrnaseq-v2.11.0/Trinity --seqType fq --left
data/trimmed/5465_S3_R1.trimmed_PE.fastq,data/trimmed/5466_S4_R1.trimmed_PE.fastq --right
data/trimmed/5465_S3_R2.trimmed_PE.fastq,data/trimmed/5466_S4_R2.trimmed_PE.fastq --max_memory 60G --output
data/assembly/Trinity_lagurus
```

После этого проводим оценку качества сборки:

```
scripts/trinityrnaseq-v2.11.0/util/TrinityStats.pl Trinity.fasta > Clethrionomys.sp.trinity.stats.txt
```

Транскриптомы, собранные мной

- Clethrionomys.sp.trinity.fasta
- glareolus.trinity.fasta
- lemminus1.trinity.fasta
- oeconomus.trinity.fasta
- rutilus1.trinity.fasta
- tuvinicus.trinity.fasta
- agrestis.trinity.fasta
- lagurus.trinity.fasta
- macrotis.trinity.fasta

- rufocanus.trinity.fasta
- rutilus2.trinity.fasta

2. Аннотация собранных транскриптомов

2.1 diamond

```
conda install -c bioconda diamond
>diamond version 2.0.8
```

Запуск

Для нуклеотидов:

```
diamond blastx --db nr.gz --query data/assembled/nucleotide_trinity/lemminus2.trinity.fasta --out
data/annotated/by_nuc1/lemminus2.diamond.tsv --max-target-seqs 1 --threads 10 -b8 -c 1 -e 0.00001
```

Для белков:

```
diamond blastp --db /home/DBS/nr.gz --query data/assembled/peptide_trinity/torquatus.trinity.pep.fasta --out
data/annotated/by_protein/torquatus.diamond.tsv --max-target-seqs 1 --threads 10 -b8 -c 1 -e 0.00001
```

Запуск через скрипт:

```
python3 scripts/diamond_query.py
```

(отсюда скачиваем таксонмап если нужна):

```
wget ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/pub/taxonomy/accession2taxid/prot.accession2taxid.gz
taxonmap/prot.accession2taxid.gz
```

Параметры:

- `--db` позволяет выбрать базу данных для референса
- `-b` выделяет объем памяти на каждую обчитываемую в одно время ячейку (-b2 соответствует примерно 12 Гб памяти)
- `--max-target-seqs` если указано, алгоритм выведет только указанное количество матчей (25 по умолчанию)
- `--out` адрес и имя создаваемого файла
- `--query` последовательности для сравнения с базой

Diamond выдаст последовательности, для которых нашелся match в базе. Далее те id, для которых нашелся match, необходимо сравнить с имеющимися и "пересечь", то есть отобрать из исходного файла только те последовательности, которые соответствуют генам.

Отфильтровать по значению e-value готовые файлы можно так:

```
awk '$11<=0.00000000001 {print}' amphibiuss.diamond.tsv
```

На выходе с diamond имеем следующее число хитов по белкам: (wc -l) - это количество найденных для каждого вида генов

- ✓ 36998 agrestis.diamond.tsv
- ✓ 51351 amphibiuss_200.diamond.tsv
- ✓ 57935 brandtii_200.diamond.tsv
- ✓ 38950 Clethrionomys.diamond.tsv
- ✓ 36276 fortis.diamond.tsv
- ✓ 64749 glareolus2.diamond.tsv
- ✓ 41336 glareolus.diamond.tsv
- ✓ 33020 gregalis.diamond.tsv
- ✓ 38337 griseus.diamond.tsv
- ✓ 35685 lagurus.diamond.tsv
- ✓ 48603 lemminus2.diamond.tsv (Танин)
- ✓ 28320 lemminus.diamond.tsv
- ✓ 68547 lutescens_200.diamond.tsv
- ✓ 49772 macrotis.diamond.tsv
- ✓ 58167 mandarinus.diamond.tsv
- ✓ 37770 nivalis.diamond.tsv
- ✓ 37766 ochrogaster.diamond.tsv
- ✓ 74671 oeconomus.diamond.tsv
- ✓ 46559 pennsylvanicus.diamond.tsv
- ✓ 46181 raddei.diamond.tsv
- ✓ 45762 rufocanus.diamond.tsv
- ✓ 58466 rutilus1_300.diamond.tsv

- ✓ 62660 rutilus2.diamond.tsv
- ✓ 46527 schaposchnikowi.diamond.tsv
- ✓ 41376 schisticolor.diamond.tsv
- ✓ 42172 sibiricus.diamond.tsv
- ✓ 64878 subterraneus.diamond.tsv
- ✓ 25659 torquatus.diamond.tsv
- ✓ 20606 tuvinicus.diamond.tsv
- ✓ 33565 zibethicus.diamond.tsv

2.2 Трансдекодер

```
conda install -c bioconda transdecoder
TransDecoder.LongOrfs # поиск рамок считывания
TransDecoder.Predict # предсказание, какие из рамок считывания могут соответствовать генам
```

Ищет открытые рамки считывания. Его нужно прогнать на собранных тринити транскриптомах чтобы получить последовательности пептидов. Они нужны, так как с ними в дальнейшем будет работать proteinortho.

Запуск

Переходим в папку с файлом assembly.trinity.fasta, куда тринити положила его после сборки

запускаем поиск самых длинных рамок считывания:

```
TransDecoder.LongOrfs -t assembly.trinity.fasta
```

он создаст много папочек где будут лежать координаты рамок и сиквенсы как нуклеотидные так и пептидные. Теперь над нашим же исходным фаста файлом можно запускать предикт, он найдет предполагаемые гены:

```
TransDecoder.Predict -t assembly.trinity.fasta
```

Файл с пептидными последовательностями будет *transdecoder.pep*

Сопоставление сборки и отблащенных id

Далее нужно "пересечь" полученные заголовки (id) последовательностей (которые нашел diamond) с самими последовательностями из исходной сборки, чтобы получить итоговый фаста файл, где содержатся только гены.

ИНТЕРСЕКТ:

```
grep -F -A 1 -f 'ids' 'lin.fastas.fa' > intersected.fa
sed '/^-/d' intersected.fa > final.fa
```

ВНИМАНИЕ! ФАЙЛЫ ОЧЕНЬ БОЛЬШИЕ, ПОЭТОМУ ВЫТЯГИВАЕМ ЧЕРЕЗ samtools:

```
# (аминокислотные)
awk '{print $1}' data/annotated/by_protein/mandarinus.diamond.tsv | xargs samtools faidx
data/assembly/peptide_trinity/mandarinus.trinity.fasta > data/clean_genes/peptides/mandarinus.genes.fasta

# (нуклеотидные)
awk -F '.' '{print $1}' data/annotated/by_protein/lemminus2.diamond.tsv | xargs samtools faidx
data/assembly/nucleotide_trinity/lemminus2.trinity.fasta >
data/clean_genes/nucleotide/mountains/lemminus2.genes.nucl.fasta
```

3. Поиск ортологических генов

3.1 Proteinortho

Proteinortho is a tool to detect orthologous genes within different species.

```
conda install -c bioconda proteinortho
>version 6.0.28
```

Запуск

из папки results/proteinortho

```
proteinortho ../../data/clean_genes/peptides/mountains/*.fasta -project=mountain_ortho -cpus=15 -verbose=2 -clean
```

Получили сводную табличку с ортологами для 14-ти файлов:

- ✓ lemminus2.genes.fasta
- ✓ rufocanus.genes.fasta
- ✓ macrotis.genes.fasta

- ☒ tuvinius.genomes.fasta
- ☒ glareolus.genomes.fasta
- ☒ rutilus2.genomes.fasta
- ☒ nivalis.genomes.fasta
- ☒ ochrogaster.genomes.fasta
- ☒ brandtii.genomes.fasta
- ☒ mandarinus.genomes.fasta
- ☒ gregalis.genomes.fasta
- ☒ raddei.genomes.fasta
- ☒ fortis.genomes.fasta
- ☒ pennsylvanicus.genomes.fasta

табличка выглядит примерно так (уже отфильтрована по условию количество генов = количество видов для поиска только универсальных однокопийных ортологов):

#	Species	Genes	Alg-Cont	brandtii.genomes.fasta	fortis.genomes.fasta	glareolus.genomes.fasta	gregalis.genomes.fasta	lemmus2.genomes.fasta	macrotis.genomes.fasta	mandarinus.genomes.fasta	nivalis.genomes.fasta	ochrogaster.genomes.fasta	pennsylvanicus.genomes.fasta
2921	14	14	0.523	TRINITY_DN3388_c0_g1_i2.p1	TRINITY_DN1328_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN8415_c0_g1_i2.p1	TRINITY_DN3568_c0_g3_i1.p1	TRINITY_DN13995_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN12476_c1_g1_i1.p1	TRINITY_DN5464_c0_g1_i2.p1	TRINITY_DN16439_c1_g1_i1.p1	XP_005365546.1	TRINITY_D
2922	14	14	0.516	TRINITY_DN1242_c0_g1_i2.p1	TRINITY_DN3746_c0_g1_i10.p1	TRINITY_DN2495_c0_g1_i3.p1	TRINITY_DN2119_c0_g1_i2.p1	TRINITY_DN2105_c0_g1_i3.p1	TRINITY_DN928_c0_g1_i2.p1	TRINITY_DN1597_c2_g1_i8.p1	TRINITY_DN1008_c0_g1_i1.p1	XP_005362054.1	TRINITY_D
2923	14	14	0.515	TRINITY_DN1066_c6_g1_i1.p1	TRINITY_DN5_c0_g5_i1.p1	TRINITY_DN276_c2_g1_i2.p1	TRINITY_DN1170_c2_g1_i2.p1	TRINITY_DN854_c2_g1_i1.p1	TRINITY_DN1373_c0_g2_i2.p1	TRINITY_DN191_c5_g1_i2.p1	TRINITY_DN517_c2_g1_i1.p1	XP_005371696.1	TRINITY_D
2924	14	14	0.513	TRINITY_DN7256_c0_g1_i7.p1	TRINITY_DN3662_c0_g3_i2.p1	TRINITY_DN10739_c0_g1_i3.p1	TRINITY_DN19184_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN20199_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN10903_c1_g3_i1.p1	TRINITY_DN1211_c21_g1_i3.p1	TRINITY_DN3541_c0_g1_i1.p1	XP_005358460.1	TRINITY_D
2925	14	14	0.512	TRINITY_DN2545_c2_g1_i1.p1	TRINITY_DN26542_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN3504_c1_g1_i3.p1	TRINITY_DN1733_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN2066_c1_g1_i1.p1	TRINITY_DN45526_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN1510_c5_g1_i1.p1	TRINITY_DN562_c0_g4_i1.p1	XP_005366515.1	TRINITY_D
2926	14	14	0.507	TRINITY_DN11297_c0_g1_i3.p1	TRINITY_DN54557_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN76663_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN4143_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN13271_c0_g2_i1.p1	TRINITY_DN76577_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN6742_c0_g1_i3.p1	TRINITY_DN7883_c0_g1_i1.p1	XP_026643801.1	TRINITY_D
2927	14	14	0.504	TRINITY_DN10297_c0_g1_i4.p1	TRINITY_DN18193_c0_g2_i1.p1	TRINITY_DN5628_c0_g1_i8.p1	TRINITY_DN19811_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN1920_c0_g1_i2.p1	TRINITY_DN2965_c0_g2_i1.p1	TRINITY_DN7871_c0_g1_i3.p1	TRINITY_DN227_c1_g3_i1.p1	XP_005353120.1	TRINITY_D
2928	14	14	0.504	TRINITY_DN43532_c0_g1_i2.p1	TRINITY_DN724_c5_g2_i1.p1	TRINITY_DN32074_c1_g1_i1.p1	TRINITY_DN1433_c1_g2_i2.p1	TRINITY_DN1192_c3_g1_i1.p1	TRINITY_DN989_c0_g4_i1.p1	TRINITY_DN5355_c2_g1_i5.p1	TRINITY_DN1724_c1_g1_i1.p1	XP_005358816.1	TRINITY_D
2929	14	14	0.502	TRINITY_DN102548_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN35795_c0_g2_i1.p1	TRINITY_DN141849_c0_g1_i2.p1	TRINITY_DN7826_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN5629_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN489_c0_g2_i2.p1	TRINITY_DN4895_c0_g1_i1.p1	TRINITY_DN22835_c0_g1_i1.p1	XP_005351458.1	TRINITY_D

Нам нужно теперь вытащить сами гены. Для этого:

1. фильтруем результат протеинорто таким образом чтобы оставить только те гены, которых для каждого вида нашлось по 1 штуке (любым простым скриптом на bash/R/Python, я в пандасе отсортировала и сохранила новую табличку) - **УНИВЕРСАЛЬНЫЕ ОДНОКОПИЙНЫЕ ОРТОЛОГИ**
2. Из исходной сборки trinity вытягиваем нуклеотидные фасты для генов, на них будем считать отбор
3. для каждой ортогруппы (там где присутствуют все 14 видов) вытягиваем ортологичные гены с помощью скрипта (make_orthogroup_genes.py)
4. В полученных файликах могут оказаться дубликаты, поэтому убираем их с помощью seqkit rmdup (можно в цикле для всех сразу):

```
for f in *.fasta; do seqkit rmdup "$f" > deduplicated/"${f%.*}.fa"; done
```

РЕЗУЛЬТАТ:

получили 251 файл - это ортогруппы, в каждой из них один единственный ген для всех 14ти видов

3.2 Выравнивание

- Стартовый пайплайн (вышел плохо):

Выравнивала mafft, вышло плохо, гены очень сильно разорвало. Поэтому выравнивала prank-ом (wget). Выравнивала исходные транскрипты целиком

```
for f in *.fa; do prank -d="$f" -o=results/proteinortho/aligned_genes/"${f%.*}_ali.fa" -codon; done

#ПРОГОН ЧЕРЕЗ GBLOCKS для чистки выравнивания
for f in *.fas; do /home/usr/programms/Gblocks_0.91b/Gblocks "$f" -s
results/proteinortho/aligned_gb_ortho_genes/"${f%.*}.fa" -g; done
```

- **НОВЫЙ ПАЙПЛАЙН**

Выравнивать будем не просто вытащенные нуклеотидные последовательности, а непосредственно CDS. Пайплайн усовершенствован в связи с 1) плохой работой Gblocks (рамка считывания для большинства генов уничтожена из-за некачественного выравнивания исходных транскриптов) 2) плохой работой Ete на выравниваниях без Gblocks и на выравниваниях после Gblocks. НАБЛЮДЕНИЕ: часто ген находится на (-) цепи, и выравнивается очень плохо!!!

Поэтому:

```
# скачаем поисковик рамок считывания от NCBI (можно и трансдекодером, а можно так)
wget https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/TOOLS/ORFfinder/linux-i64/ORFfinder.gz
gzip -d ORFfinder.gz
# принимает на вход мультифасту и выдает список всех ORF во всех последовательностях (во всех направлениях ищет)
scripts/ORFfinder -in 2.fa -ml 190 -outfmt 1 -out results/proteinortho/ORFs/2_CDS.fa
```

```
-ml - минимальная длина рамки
-outfmt <Integer>
Output options:
0 = list of ORFs in FASTA format
1 = CDS in FASTA format
2 = Text ASN.1
3 = Feature table
```

подробнее на <https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/TOOLS/ORFfinder/USAGE.txt>

Прогоняем все файлы через него:

```
for f in results/proteinortho/aligned_genes/; do scripts/ORFfinder -in "$f" -ml 200 -outfmt 1 -out
results/proteinortho/ORFs/"${f%.*}_CDS.fa"; done
```

В полученных файлах нас будет интересовать только самая длинная ORF для каждого вида в ортогруппе. Поэтому необходимо дополнительно причесать аутпут (скрипт /CDS_id_cleaner.py, запускается изнутри 1 раз)

На выходе имеем чистые кодирующие регионы для каждого гена каждого вида в каждой из 251 ортогрупп.

Пример выходного файла после скрипта: (таких 251 по количеству ортогрупп)

```
>rutilus2
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>brandii
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>tuvinicus
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>rufocanus
CTGGCGGGCTCTCGTGGAGTCTCGGGCAGCAGCAGGAGATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>mandarinus
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>ivialis
CTGGCGGGCTCTCGTGGAGTCTCGGGCAGCAGCAGGAGATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>fortis
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>regalis
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>lemminus2
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>glareolus
TTGAAGAGTTCTCTGTGGCCGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>macrotis
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>genneyianicus
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
>raddei
ATGGCGAGGACCTCCGGTCTCAGGCACTTTAAATTCAGTACAGATGCTGCTGAGTTTCCTCTCAGGAGAGAAAAATCTGGTCTAAATTGTGGACCCAAAGAAGACTAGACTTAGGATTGGCAGAAAGAAATACAGTTCTCACCTCCGTCACTCTCCAGGCGAGAATCTTACGATGACATCTCTGCTATTATCAGCAGTACGCCCTGGGAAGCAAACTAGGA
```

4. Оценка действия отбора

Для оценки действия отбора очень важно правильно подобрать группу видов, которые будут сравниваться. Нас интересуют представители одной трибы - трибы *Clethrionomyini*, а именно три лесных (*Clethrionomys glareolus*, *C. rutilus*, *Craseomys rufocanus*) и три горных обитателя (*Alticola lemmings*, *A. macrotis*, *A. tuvinicus*)

4.1 MrBayes

Для тестирования моделей эволюции необходимо построить филогенетическое дерево, на котором будут присутствовать исследуемые виды. Филогенетическое дерево было построено на митогеномных данных (все необходимые виды есть в базе ZINa, а также в NCBI).

Пайплайн:

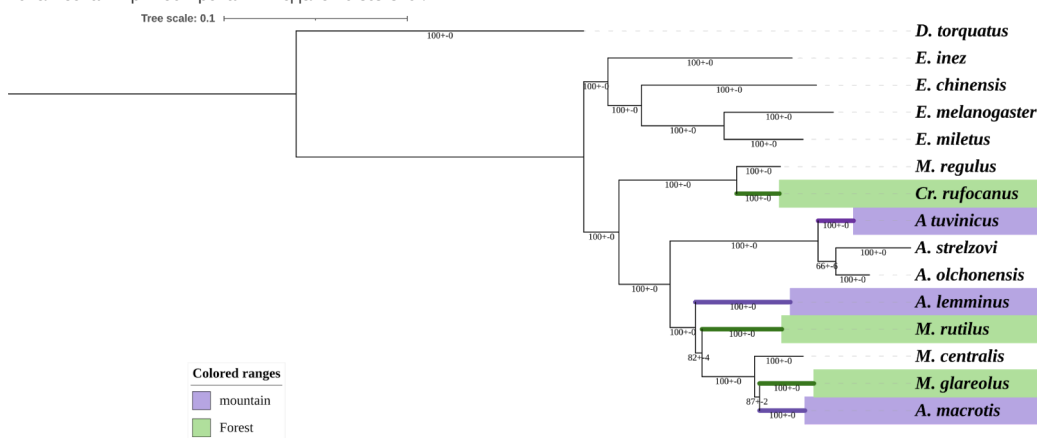
- ✓ Собираем фаста-файл с митогеномами видов для выравнивания
- ✓ Выравниваем (я использовала MUSCLE в программе MEGA X)
- ✓ Конвертируем формат в NEXUS (удобно с помощью mesquite - экспортировать файл в формате NEXUS for MrBayes)

```
sudo apt update
sudo apt install mrbayes
```

✓ http://mrbayes.sourceforge.net/mb3.2_manual.pdf

```
mb execute mito_alignment.nex
```

На выходе получим дерево в файле *.con.tre, его сконвертируем в .phy формат (любым удобным способом) и будем использовать при тестировании моделей с ete-evol.



4.2 ETE-toolkit

Установка (необходимы дополнительные пакеты, без них работать не будет, пришлось поискать)

```
sudo apt-get install python-numpy python-qt4 python-lxml python-six
pip install PyQt5
pip install QtPy
pip install --upgrade ete3
```

```
# Достанем 6 видов которые нас интересуют для анализа, их названия находятся в clethrionomyini_for_ete.txt в
точности как имена fasta последовательностей:
for f in results/proteinortho/aligned_clean_ORF/; do xargs samtools faidx "$f" <
data/ete/clethrionomyini_for_ete.txt > results/ete/data_clethrionomyini/"${f%.*}.fasta"; done
```

параметры:

```
-t # файл с деревом в .phy формате, полученный ранее
--alg # само выравнивание
--mark # промаркирует горные виды, отделив их от background то есть от лесных видов
--models # модели, которые будем использовать для оценки отбора
--tests # модели, которые хотим сравнивать между собой
--clear_all # нужен если тестируем несколько раз и хотим очищать уже созданные файлы с тем же названием
```

Запуск

```
ete3 evol -t data/tree/clethrionomyini_tree.phy --alg data/ete/1_ali.fasta --models b_neut,b_free,M0 --tests
b_neut,b_free,M0 --mark lemminus2,macrotis,tuvanicus --cpu 6 --clear_all > 2_cds.out

for f in results/ete/data_clethrionomyini/; do ete3 evol -t data/tree/clethrionomyini_tree.phy --alg "$f" --
models b_neut b_free M0 --tests b_neut,b_free,M0 --mark lemminus2,macrotis,tuvanicus --cpu 6 --clear_all >
results/ete/clethrionomyini/"$f".txt; done
```

Результаты

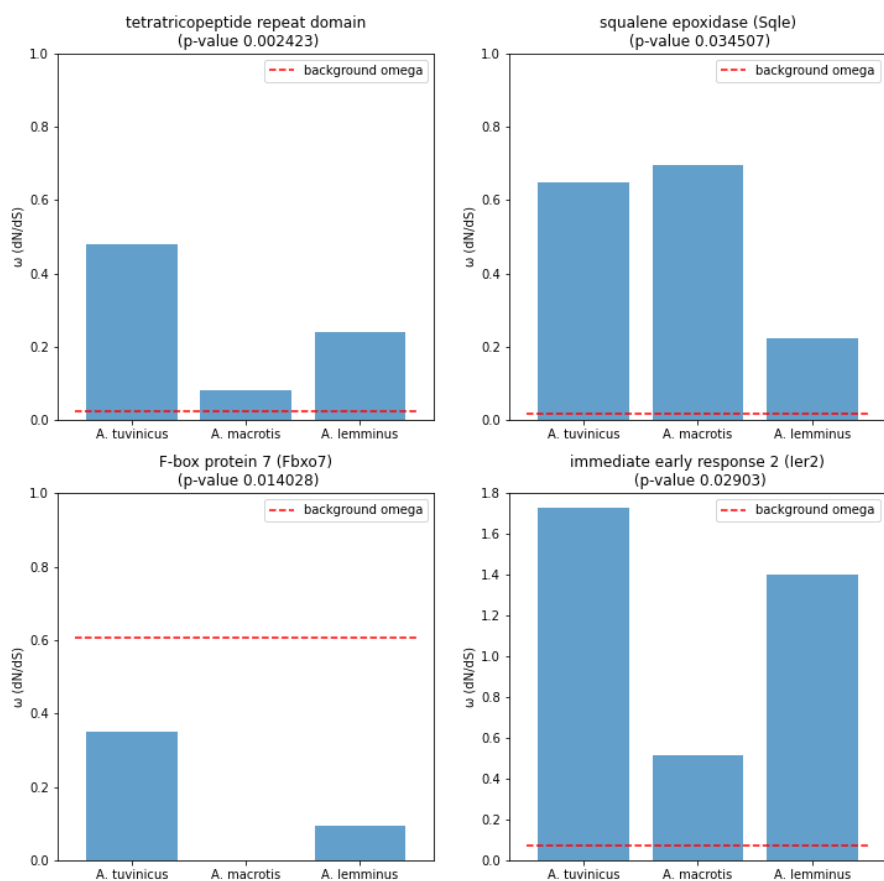
Среди 251 универсального однокопийного ортолога в трибе **Clethrionomyini** найдено 20 генов, для которых показано действие отбора, при уровне значимости $p < 0.01$.

Найденные гены (цифры для каждого вида - рассчитанное значение омеги):

orthogroup	tuvanicus	macrotis	lemminus2	background	p-value	models	average_omega	BLAST гена
33	0.48	0.08	0.239	0.024	0.002423	M0/b_free	0.07	tetratricopeptide repeat domain
55	999	0.197	0.922	0.227	0.045188	M0/b_free	0.297	lipase maturation factor 2
59	0.647	0.694	0.224	0.018	0.034507	M0/b_free	0.136	squalene epoxidase (Sqle)
60	0.677	0.247	0.082	0.038	0.015774	M0/b_free	0.08	glycine-tRNA ligase (Gars1)
77	0.035	0	0	0.226	0.00478	M0/b_free	0.102	beta-glucuronidase transcript (Gusb)
83	0.13	0	0	0.179	0.01996	M0/b_free	0.097	elongator complex protein 3 transcript variant X1 (Elp3)
99	8.963	0.864	0.633	0.231	0.00081	M0/b_free	0.854	transcription elongation factor, mitochondrial (Tefm)
100	0.35	0	0.094	0.608	0.014028	M0/b_free	0.357	F-box protein 7 (Fbxo7)
112	2.042	0	0	0.129	0.029111	M0/b_free	0.195	thioredoxin related transmembrane protein 1 (Tmx1)
146	1.478	2.266	0	0.184	0.041966	M0/b_free	0.247	reticulophagy regulator family member 3 (Retreg3)
173	0	999	999	0.354	0.004692	M0/b_free	0.413	small nuclear RNA activating complex polypeptide 2 (Snapc2)
177	0.75	0	999	0.022	0.00236	M0/b_free	0.096	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like (Hnmp1l)
178	0	0.818	0	0	0.009515	M0/b_free	0.076	thymidylate kinase transcript variant X1 (Dtymk)
185	916.762	999	999	0.017	0.009461	M0/b_free	0.067	biogenesis of lysosome-related organelles complex 1 subunit 4 (Bloct1s4)
205	0.734	999	0.738	0	0.004302	M0/b_free	0.073	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 8 (Psm8)
208	0	0	0.056	0.324	0.002271	M0/b_free	0.158	3-ketoacyl-CoA thiolase, mitochondrial (Acaa2)
243	0.874	0	0.182	0.022	0.001341	M0/b_free	0.121	rhomboid domain-containing protein 2 transcript variant X1 (Rhbdd2)
245	1.253	999	0	0	0.012813	M0/b_free	0.207	NEDD4 family-interacting protein 1 (Ndfip1)
249	1.731	0.518	1.401	0.074	0.02903	M0/b_free	0.275	immediate early response 2 (Ier2)
251	0.375	999	999	0.11	0.037962	M0/b_free	0.331	zinc finger protein 282 (Znf282)

В настоящее время проводится анализ найденных генов для установления их потенциальной роли в адаптации к высокорьям.

Пример генов, для которых показано действие отбора с высоким уровнем значимости:



ПРИЛОЖЕНИЕ

ПОЛЕЗНЫЕ КОМАНДЫ

```
#получить список айдишек фаста файла
perl -ne 'if(/^>(\S+)/){print "$1\n"}' ochrogaster.trinity.fasta > ochrogaster_ID.txt
# линейризуем фаста файлы
cat fastas.fa | awk '/^>/ {printf("%s%s\n", (N>0?"\n":""), $0); N++; next;} {printf("%s", $0);} END {printf("\n");}' > lin_fastas.fa
# ORF-поиск
for f in *; do scripts/ORFfinder -in "$f" -ml 500 -outfmt 1 -out
results/proteinortho/genes_by_group/CDS/"${f%.*}_CDS.fa"; done
# sort fastas by length
for f in *; do scripts/seqkit sort -l "$f" > sorted/"${f%.*}.fa"; done
#ищем значимые по p-val гены и копируем такие файлы в significant_group_1
grep -lE '[0-9]+\*' * | xargs cp -t results/ete/clethrionomyini/significant_group_1
#замена расширения у файлов
for file in *.fas; do mv "$file" "${file%.fa}.best.fasta.out".fa; done
# копируем файлы с сервера
scp -i newkey -P 8122 usr@XXX:path/to/*.fasta path/to/save
```

Overrepresented sequences BLAST (были в рядах, был вопрос чистить или нет, в итоге не чистила тк не мусор)

TGCAGCTTGTCACAGTGACGCTCACTCAGGGAAGAAAGGTGCCCTTGA - Myodes glareolus haplotype 1901_HBB_T2_B beta-globin (HBB-T2) gene
AGAGGAAAGATGCCCAAAGGCATTATCATTTTCCACAGGTGGCAGTT - PREDICTED: Microtus ochrogaster hemoglobin subunit beta-like (LOC101992662), mRNA
CAGGTGTTTCAGGCCATCACCAAAGGCAGTGATCACCTTCTTGCCATGGG - Myodes glareolus haplotype 1901_HBB_T2_B beta-globin (HBB-T2) gene

Литература

Andrews, S. (2010). **FastQC**: A Quality Control Tool for High Throughput Sequence Data [Online]

Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina Sequence Data. *Bioinformatics*, btu170

Buchfink B, Reuter K, Drost HG, "Sensitive protein alignments at tree-of-life scale using **DIAMOND**", Nature Methods 18, 366–368 (2021).

ETE 3: Reconstruction, analysis and visualization of phylogenomic data. Jaime Huerta-Cepas, Francois Serra and Peer Bork. Mol Biol Evol 2016; [doi: 10.1093/molbev/msw046](https://doi.org/10.1093/molbev/msw046)

Grabherr MG, Haas BJ, Yassour M, Levin JZ, Thompson DA, Amit I, Adiconis X, Fan L, Raychowdhury R, Zeng Q, Chen Z, Mauceli E, Hacohen N, Gnirke A, Rhind N, di Palma F, Birren BW, Nusbaum C, Lindblad-Toh K, Friedman N, Regev A. Full-length transcriptome assembly from RNA-seq data without a reference genome. *Nat Biotechnol.* 2011 May 15;29(7):644-52. doi: 10.1038/nbt.1883. [PubMed PMID: 21572440](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21572440/).

Huelsenbeck, J. P. and F. Ronquist. 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics* 17:754-755.

Lechner, M., Findeisz, S., Steiner, L., Marz, M., Stadler, P. F., & Prohaska, S. J. (2011). Proteinortho: detection of (co-) orthologs in large-scale analysis. *BMC bioinformatics*, 12(1), 124.

Patro, R., Duggal, G., Love, M. I., Irizarry, R. A., & Kingsford, C. (2017). Salmon provides fast and bias-aware quantification of transcript expression. *Nature Methods*.

<https://github.com/TransDecoder/TransDecoder/wiki>