

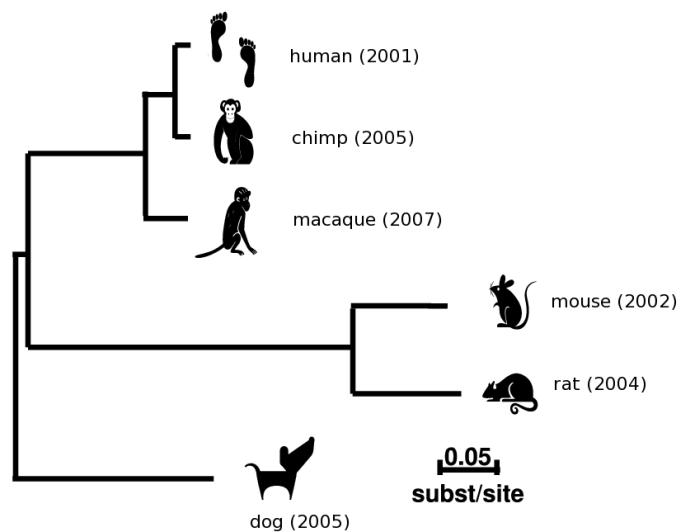
Organizačné poznámky

- Domáca úloha 1 do stredy 12.11. 22:00
Otázky k zadaniu emailom
- Nezabudnite na **prvé stretnutie** ohľadom journal clubu
(najneskôr 21.11., osobne alebo online).
Pred stretnutím oznámte čas a miesto do diskusie na Moodli
Po stretnutí napíšte krátku správu v Moodli
(kto sa zúčastnil, čo sa dohodlo, či sú nejaké problémy, stačí pári viet)

Komparatívna genomika

Tomáš Vinař

14.11.2024



Komparatívna genomika

- Štúdium evolúcie genómov
 - Mutácie jednotlivých báz DNA (táto prednáška)
 - Krátke inzercie a delécie
 - Väčšie udalosti: prestavby genómu, duplikácie
- Typy mutácií:
 - Neutrálne
 - Škodlivé (deleterious)
⇒ **Purifikačný výber (purifying selection)**
 - Prospešné (advantageous)
⇒ **Pozitívny výber (positive selection)**
- Na základe porovnávania genómov chceme nájsť oblasti s nezvyčajnou evolučnou históriou
(zachovávanie dôležitých funkcií, vývoj nových funkcií)

Komparatívna genomika

- Zostavíme viacnásobné zarovnanie genómov
(zarovnané miesta by mali pochádzať z tej istej sekvencie spoločného predka)

Human	AGTGGCTGCCAGGCTG---GGATGCTGAGGCCTTGTTCAGGGAGGT
Rhesus	AGTGGCTGCCAGGCTG---GGTTGCTGAGGCCTTGTTCGCCGGGAGGT
Mouse	GGTGGCTGCCGGGCTG---GGTGGCTGAGGCCTTGTGGTGGGTGGT
Dog	AGTGGCTGCCCGGCTG---GGTGGCTGAGGCCTTATTGCAGGGAGGT
Horse	GATGGCTGCCGGGCTG---GGCTGCCGAGGCCTTGTTCGTGGGAGGT
Armadillo	AGTGGCTGCCGGGCTG---GGAGGCCAAGGCCTTGTTCGCCGGCAGGT
Chicken	AGTGGCTGCCAGTCTGCCGTGGCCGACGTCTGCTCGGGGAAGGT
X. trop	AATGGCTTCCATTGTGCCGTGAGGTCTGTTCTGGGAAGAT

- **Metódy:** Kombinujeme techniky na anotáciu (HMM) a pravdepodobnostné modely evolúcie

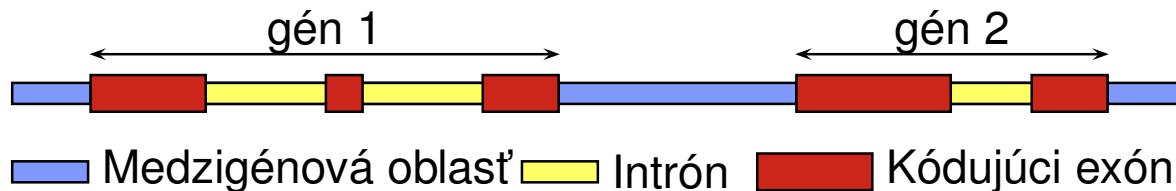
Príklad 1: Hľadanie funkčných oblastí sekvencií

Dôsledky purifikačného výberu:

- Funkčné časti sekvencie zostávajú zachované, menia sa pomalšie
- Nefunkčné sekvencie sa vyvýjajú rýchlejším tempom
- **Príklad:** gény kódujúce proteíny, porovnanie človek myš
 - kódujúce časti: 85% zhoda (zarovnanie na 98% dĺžky)
 - intróny: 69% zhoda (zarovnanie na 48% dĺžky)
- **Úloha:** Hľadáme nadmerne dobre zachované sekvencie
- Veľká časť bude zodpovedať známym funkčným elementom (kódujúce gény, regulačné regióny, a pod.)
- Zachované sekvencie ktoré sa neprekryvajú so známymi funkčnými elementami: zaujímavé objekty pre výskum

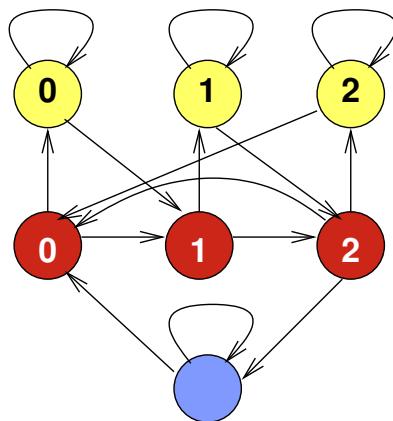
Opakovanie: hľadanie génov

Úlohou je nájsť polohu génov v genóme a ich exónovú štruktúru.



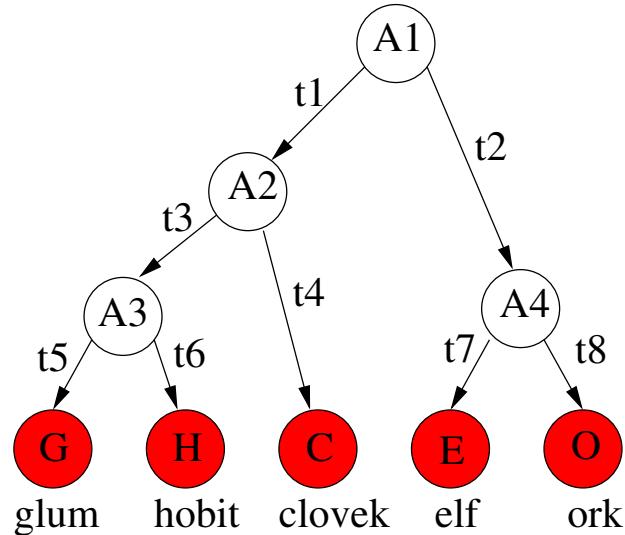
Vytvoríme skrytý Markovovský model (HMM), ktorý vie generovať sekvencie a ich anotácie podobné skutočným.

Pýtame sa, ktorá anotácia je najpravdepodobnejší páriť k danej sekvencii.



Opakovanie: pravdepodobnosné modely evolúcie

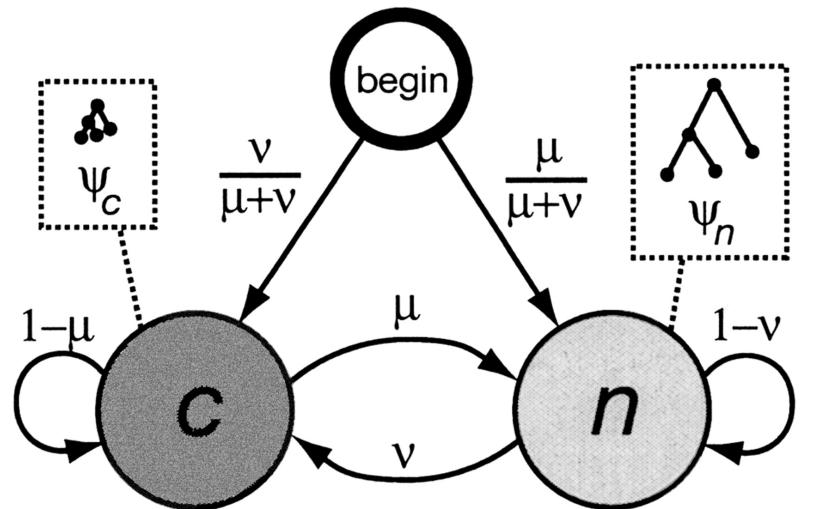
- Strom môžeme chápať ako **jednoduchý generatívny model**



- Pre hranu z Y do X dĺžky t možno pravdepodobnosť mutácie spočítať použitím evolučného modelu, napr. Jukes-Cantor:
$$\Pr(A \xrightarrow{t} C) = \frac{1}{4}(1 - e^{-\frac{4}{3}\alpha t})$$
- Pre celý strom $\Pr(G, H, C, E, O, A1, \dots, A4) = \Pr(A1) \cdot \Pr(A1 \xrightarrow{t_1} A2) \cdot \Pr(A1 \xrightarrow{t_2} A4) \cdot \Pr(A2 \xrightarrow{t_3} A3) \cdot \Pr(A2 \xrightarrow{t_4} C) \cdot \Pr(A3 \xrightarrow{t_5} G) \cdot \Pr(A3 \xrightarrow{t_6} H) \cdot \Pr(A4 \xrightarrow{t_7} E) \cdot \Pr(A4 \xrightarrow{t_8} O)$

PhastCons: detekcia dobre zachovaných sekvenčí

Fylogenetické HMM: kombinácia HMM a fylogenetického stromu.

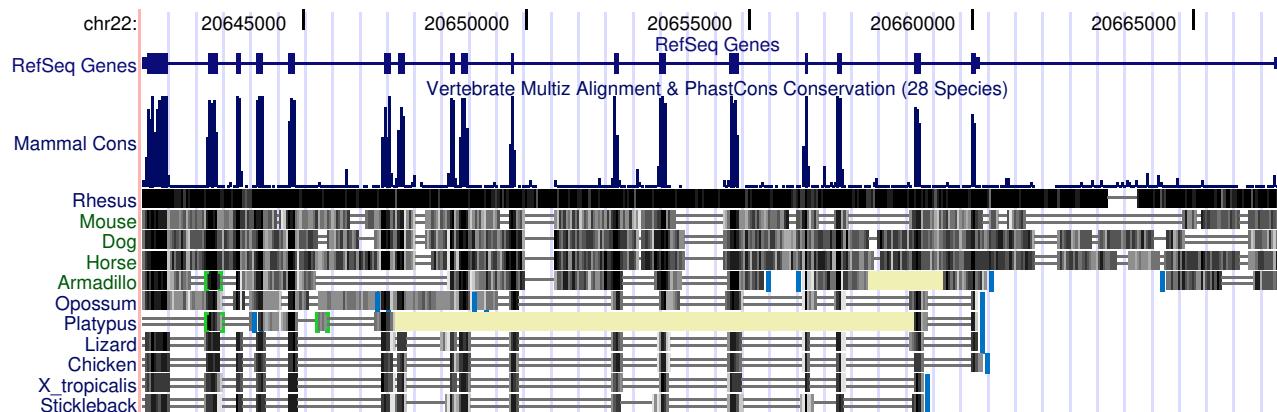


- Dva stavy: zachovaná sekv., neutrálna sekv.
- V každom stave generujeme celý stĺpec zarovnania
- Zachovaná sekvenčia má kratšie hrany stromu, teda menšia divergencia sekvenčí

$\mathbf{x} = \begin{matrix} \text{TCGCGACATATACGA...} \\ \text{TTGGGGCATGTGGGT...} \\ \text{AGCAGACGTCCGCAA...} \end{matrix} \rightarrow$

Použitie fylogenetického HMM

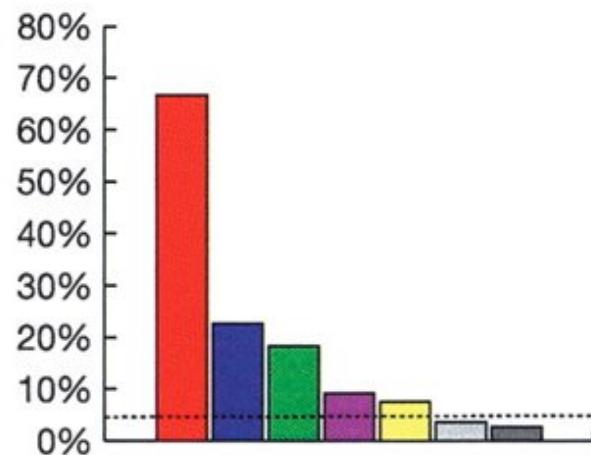
- Model určuje rozdelenie pravdepodobnosti cez zarovnania a anotácie
(tu: anotácia = označenie zachovaných sekvencií)
- Pre dané zarovnanie hľadáme najpravdepodobnejšiu anotáciu
- Kombinácia Viterbiho a Felsensteinovho algoritmu



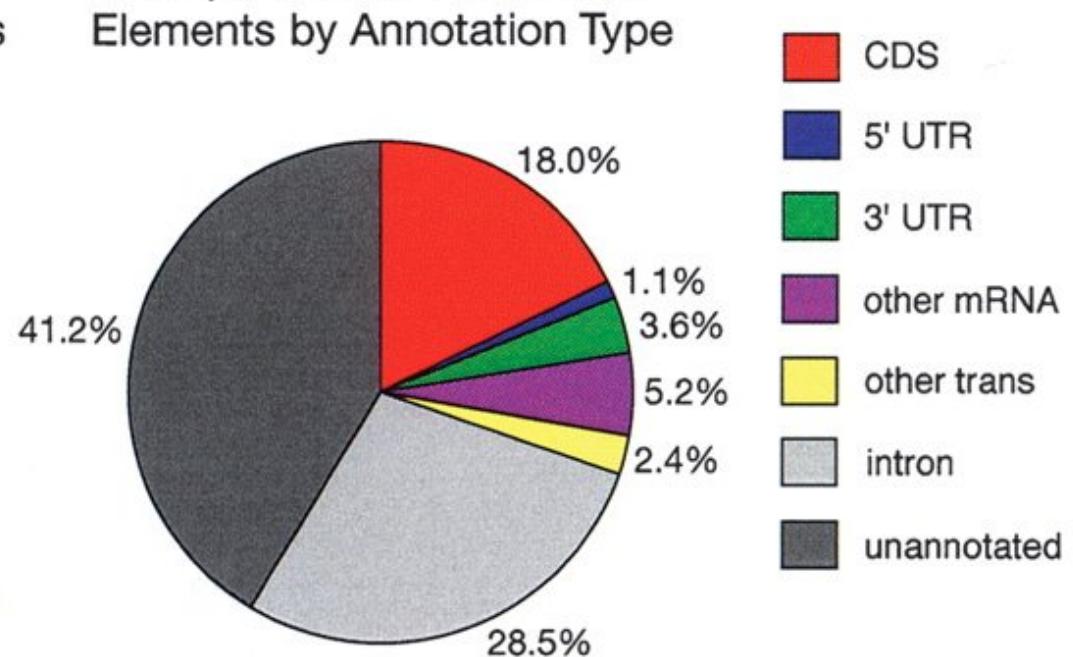
Výsledky celogenómovej aplikácie PhastCons-u

Zarovnania genómov človeka, myši, sliepky, fugu

Coverage of Annotation Types by Conserved Elements



Composition of Conserved Elements by Annotation Type



Fylogenetické HMM pre hľadanie génov

- Použijeme stavy z hľadača génov
- Pre každý stav máme evolučný model
(maticu rýchlosťí, dĺžky hrán)
- Trojperiodickosť frekvencií mutácií pomáha nájsť gény

Ako veľmi pomôžu zarovnania zlepšiť presnosť

Program	Exóny		Gény	
	sn	sp	sn	sp
AUGUSTUS (1 genóm)	52%	63%	24%	17%
NSCAN (zarovnanie)	68%	82%	35%	37%

Guigo et al 2006, evaluácia na 1% ľudského genómu

Genetický kód

Ala / A	GCT, GCC, GCA, GCG	Leu / L	TTA, TTG, CTT, CTC, CTA, CTG
Arg / R	CGT, CGC, CGA, CGG, AGA, AGG	Lys / K	AAA, AAG
Asn / N	AAT, AAC	Met / M	ATG
Asp / D	GAT, GAC	Phe / F	TTT, TTC
Cys / C	TGT, TGC	Pro / P	CCT, CCC, CCA, CCG
Gln / Q	CAA, CAG	Ser / S	TCT, TCC, TCA, TCG, AGT, AGC
Glu / E	GAA, GAG	Thr / T	ACT, ACC, ACA, ACG
Gly / G	GGT, GGC, GGA, GGG	Trp / W	TGG
His / H	CAT, CAC	Tyr / Y	TAT, TAC
Ile / I	ATT, ATC, ATA	Val / V	GTT, GTC, GTA, GTG
START	ATG	STOP	TAA, TGA, TAG

Príklad 2: Hľadanie génov pod vplyvom pozitívneho výberu

- **Pozitívny výber** = proces, ktorým sa v genóme ustália **prospešné mutácie**
- Neobvykle vysoké množstvo mutácií, ktoré by mohli súvisieť so zmenou funkcie
- V rámci génov, ktoré kódujú proteíny:
 - **Synonymné mutácie** nemenia zakódovanú aminokyselinu
napr. ACA (Thr) \Rightarrow ACT (Thr)
 - **Nesynonymné mutácie** menia zakódovanú aminokyselinu
napr. ACA (Thr) \Rightarrow AAA (Lys)
- Vytvoríme pravdepodobnostný model evolúcie, ktorý bude rozlišovať synonymné a nesynonymné mutácie \Rightarrow identifikácia sekvenčí s neobvykle vysokým podielom nesynonymných mutácií

Od Jukes-Cantorovho modelu ku všeobecnejším modelom mutácií

- Jukes-Cantor predpokladá, že každá mutácia rovnako pravdepodobná
- Všeobecnenší model:
zavedieme μ_{xy} **rýchlosť substitúcie** z bázy x na bázu y
- Matica rýchlosťí (substitution rate matrix)

$$\begin{pmatrix} -\mu_A & \mu_{AC} & \mu_{AG} & \mu_{AT} \\ \mu_{CA} & -\mu_C & \mu_{CG} & \mu_{CT} \\ \mu_{GA} & \mu_{GC} & -\mu_G & \mu_{GT} \\ \mu_{TA} & \mu_{TC} & \mu_{TG} & -\mu_T \end{pmatrix}$$

Pre daný čas t , môžeme vypočítať pravdepodobnosť každej substitúcie z bázy x na bázu y (**transition probabilities**): $\Pr(x \xrightarrow{t} y)$

Znižovanie počtu parametrov — HKY matica

Hasegawa, Kishino a Yano

$$\begin{pmatrix} -\mu_A & \pi_C & \kappa\pi_G & \pi_T \\ \pi_A & -\mu_C & \pi_G & \kappa\pi_T \\ \kappa\pi_A & \pi_C & -\mu_G & \kappa\pi_T \\ \pi_A & \kappa\pi_C & \pi_G & -\mu_T \end{pmatrix} \quad \mu_{x,y} = \begin{cases} \kappa\pi_y & \text{ak } x \Leftrightarrow y \text{ je tranzícia} \\ \pi_y & \text{ak } x \Leftrightarrow y \text{ je transverzia} \end{cases}$$

- **ekvilibrium:** frekvencie $\pi_A, \pi_C, \pi_G, \pi_T$
- rozlišujeme **tranzicie** $C \Leftrightarrow T, A \Leftrightarrow G$ a **transverzie** $\{C, T\} \Leftrightarrow \{A, G\}$
tranzicie sú κ krát častejšie (typicky $\kappa \approx 2$)
- Máme iba štyri parametre: $\pi_A, \pi_C, \pi_G, \kappa$
(π_T sa dopočíta do 1)

Substitučný model pre kodóny

Namiesto jednotlivých báz uvažujeme trojice

Rýchlosť zmeny z kodónu i na kodón j :

$$\mu_{i,j} = \begin{cases} 0, & \text{ak sa } i, j \text{ líšia na } > 1 \text{ pozíciách,} \\ \kappa\pi_j, & \text{synonymné tranzície,} \\ \pi_j, & \text{synonymné transverzie,} \\ \omega\kappa\pi_j, & \text{nesynonymné tranzície,} \\ \omega\pi_j, & \text{nesynonymné transverzie.} \end{cases}$$

Príklad: $\mu_{AAC,GGC} = 0$, $\mu_{CTA,CTT} = \pi_{CTT}$, $\mu_{CTA,CCA} = \omega\kappa\pi_{CCA}$

Parametre: Frekvencie kodónov π_j , ω , κ

neutrálna evolúcia $\omega = 1$, pozitívny výber $\omega > 1$,
purifikačný výber $\omega < 1$

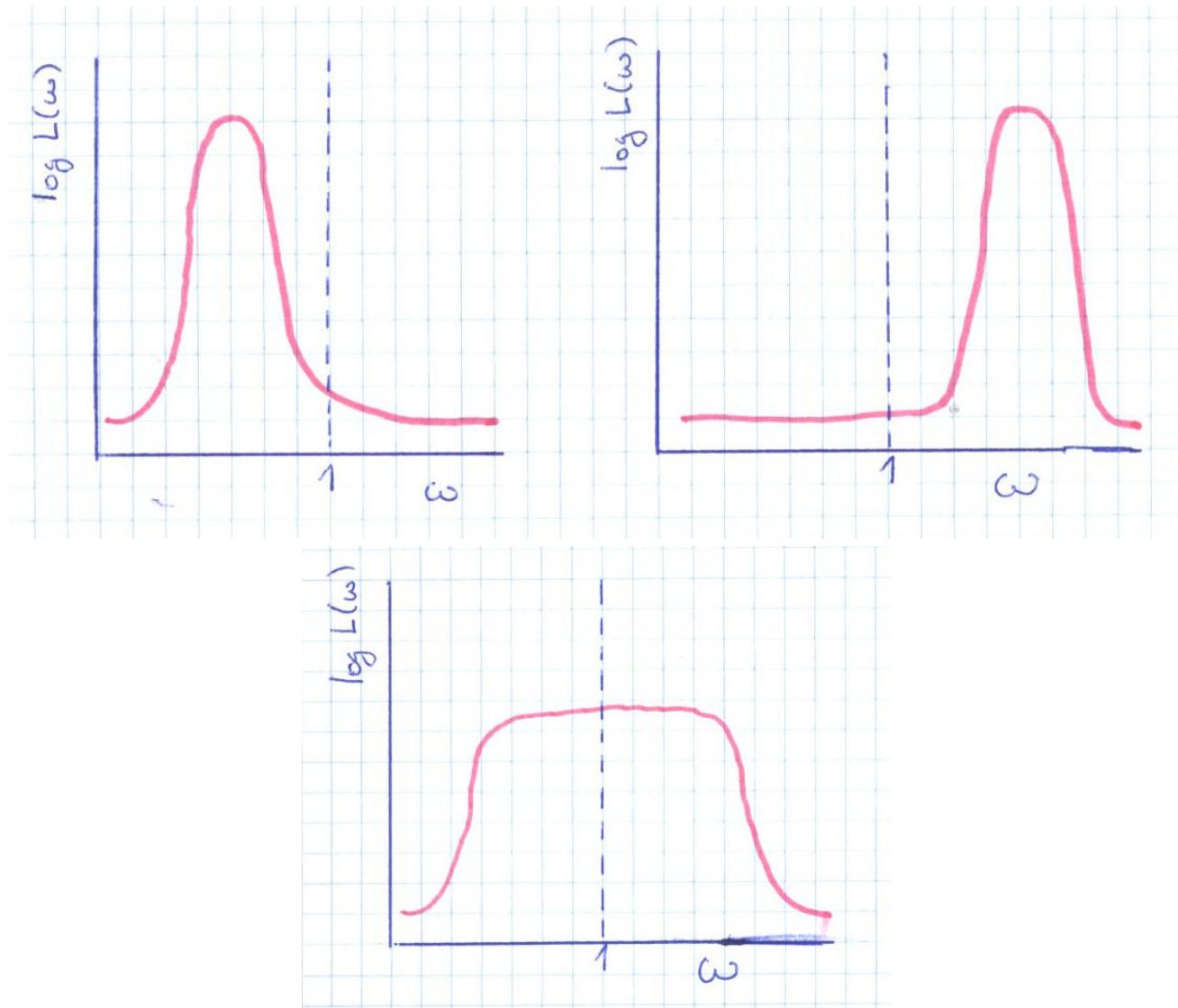
Aplikácia kodónového substitučného modelu

	F	V	I	H	D	S	E	G	D	G	E	C	M	Q	E
človek (C)	TTT	GTG	ATC	CAC	GAC	TCC	GAG	GGG	GAC	GGC	GAG	TGC	ATG	CAG	GAG
kosmáč (K)	TTT	GTG	ATC	CAC	GAG	AAC	AAC	AAG	GAC	GGC	GAG	TGC	ATG	CAG	GAT
	F	V	I	H	E	N	N	K	D	G	E	C	M	Q	D

- Na základe celých genómov môžeme odhadnúť základné parametre modelu π_*, κ
- Pre dané ω a t vieme spočítať vierošnosť

$$L(\omega, t) = \Pr(C, K \mid \omega, t)$$

- Sledujeme, ako sa mení $L(\omega) = \max_t L(\omega, t)$ pre rôzne hodnoty ω



Test pomerov viero hodností (Likelihood-ratio test)

- $L(\omega)$ môže byť najväčšie pre $\omega > 1$,
ale môže to byť spôsobené len štatistickou varianciou v dátach
 \Rightarrow potrebujeme štatistický test
- Spočítame viero hodnosť $L_A = \max_{\omega < 1} L(\omega)$
- Spočítame viero hodnosť $L_B = \max_{\omega} L(\omega)$ (bez obmedzenia ω)
- Vždy platí $L_B \geq L_A$
- Ak skutočné $\omega < 1$, $L_A \approx L_B$ (nulová hypotéza)
nás zaujímajú prípady $L_B >> L_A$
 \Rightarrow gén pod vplyvom pozitívneho výberu (alt. hypotéza)

Za predpokladu, že $\omega < 1$, platí $2 \log(L_B/L_A) \approx \chi_1^2$

\Rightarrow možno priradiť P-hodnotu nulovej hypotéze $\omega < 1$

Hľadanie génov pod vplyvom pozitívneho výberu: Zhrnutie

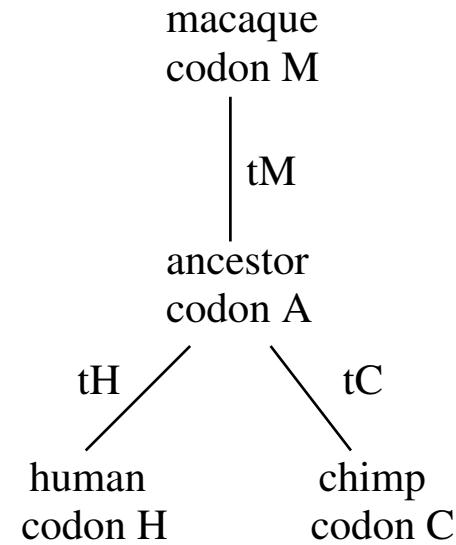
- Nájdeme zarovnanie toho istého génu z dvoch organizmov (na úrovni kodónov)
- Odhadneme základné parametre kodónového modelu na základe porovnania celých genómov
- Parameter ω modeluje selekciu
- Spočítame vierohodnosť $L_A = \max_{\omega < 1} L(\omega)$ a vierohodnosť $L_B = \max_{\omega} L(\omega)$
- Na základe štatistiky $2 \log(L_B/L_A)$ priradíme P-hodnotu nulovej hypotéze $\omega < 1$
- Gény s malou P-hodnotou sú pod vplyvom pozitívneho výberu

“Jednoducho” rozšíriteľné na porovnanie viacerých organizmov

$$\Pr(A, H, C, M | \omega, t_H, t_C, t_M) = \\ \pi_A \cdot \Pr(A \xrightarrow{t_H} H) \cdot \Pr(A \xrightarrow{t_C} C) \cdot \Pr(A \xrightarrow{t_M} M)$$

Zbavíme sa ancestrálnych sekvencií:

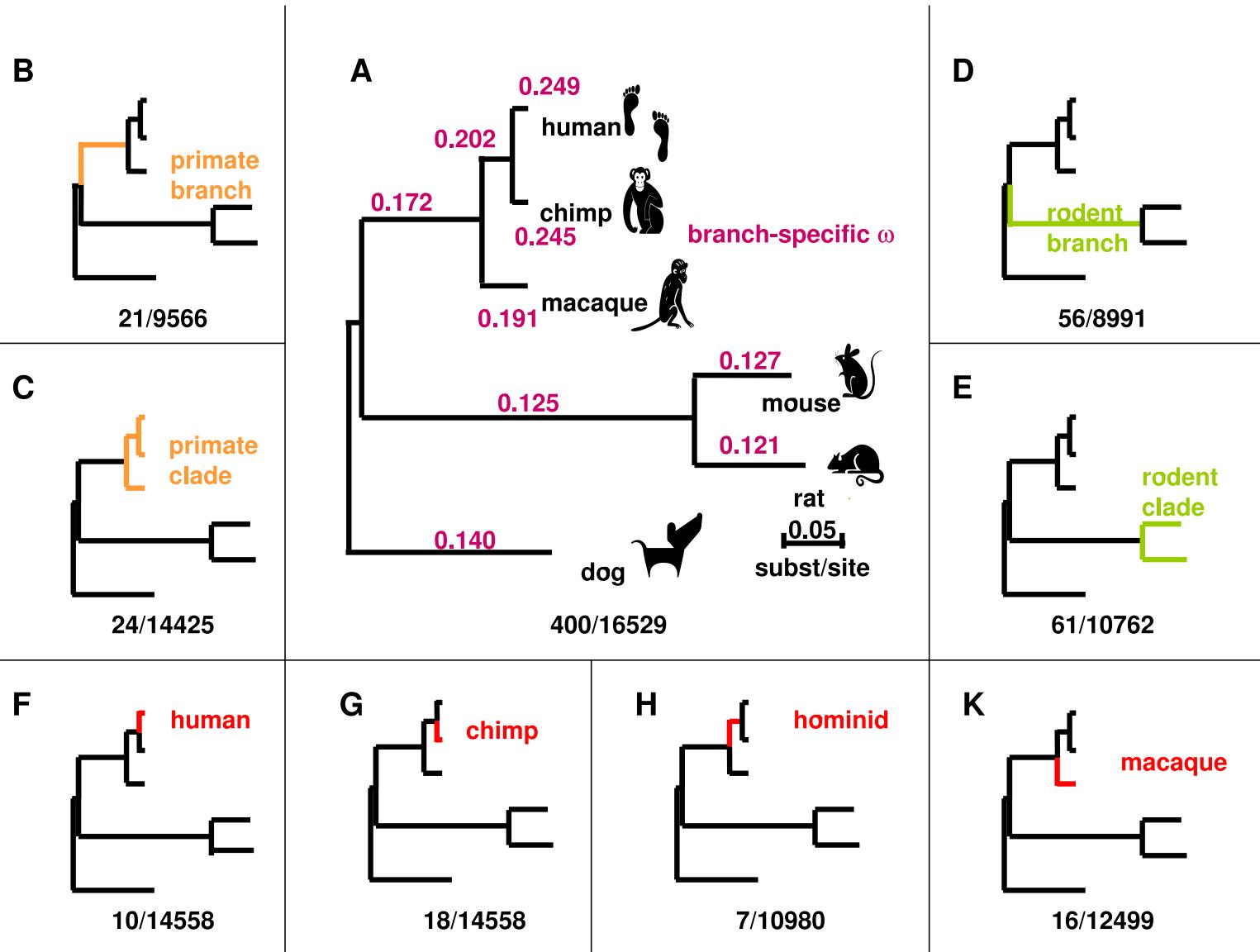
$$\Pr(H, C, M | \omega, t_H, t_C, t_M) = \\ \sum_A \Pr(A, H, C, M | \omega, t_H, t_C, t_M)$$



Vierohodnosť ω :

$$L(\omega) = \max_{t_H, t_C, t_M} \Pr(H, C, M | \omega, t_H, t_C, t_M)$$

- Existuje program PAML, ktorý takúto vierohodnosť počíta
- K dispozícii zložitejšie modely, napr. s meniacim sa ω v rámci génu



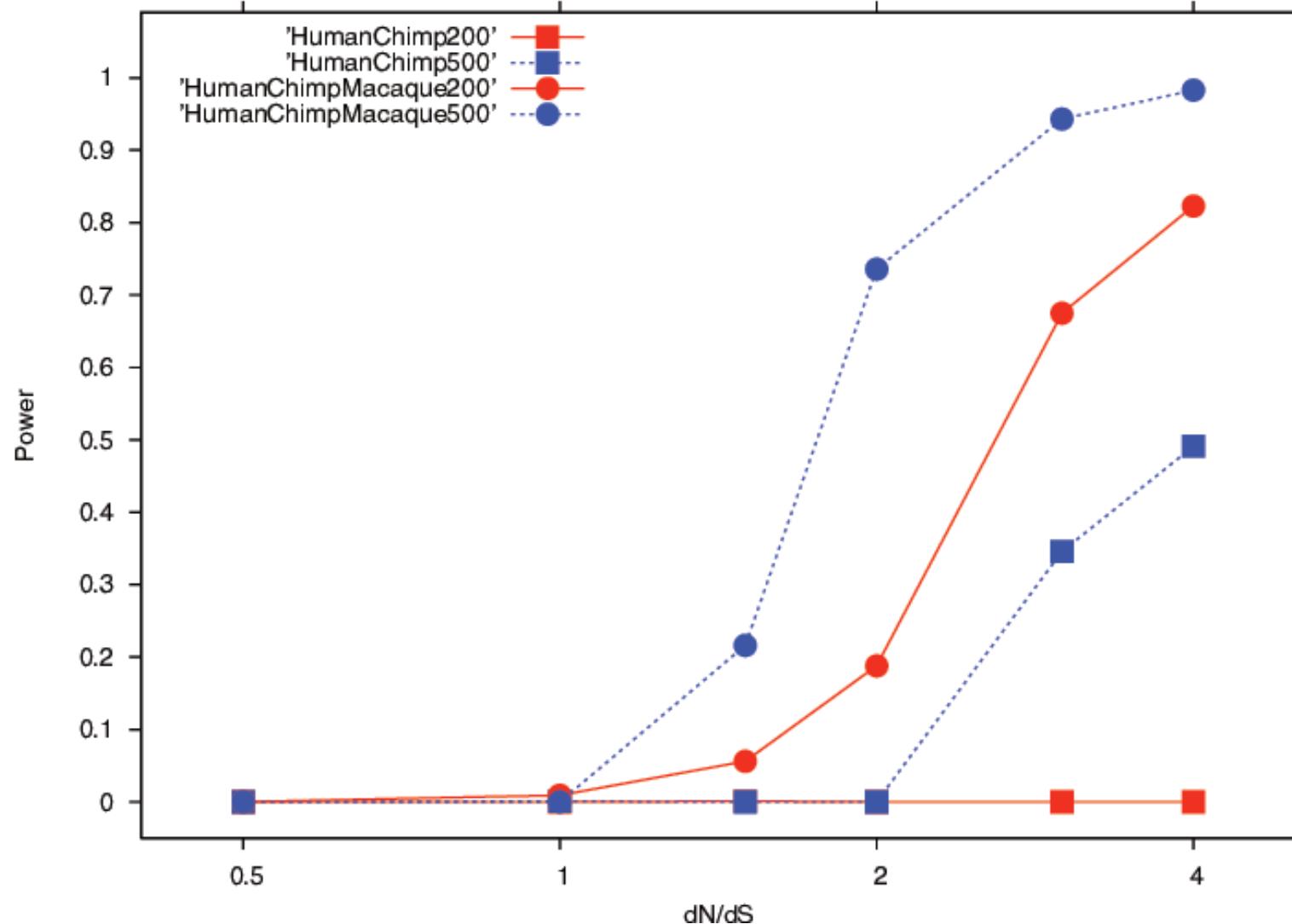
Funkčné kategórie obohatené o gény s pozitívnym výberom

Defense: cellular defense response, antigen processing and presentation, response to virus, response to bacterium

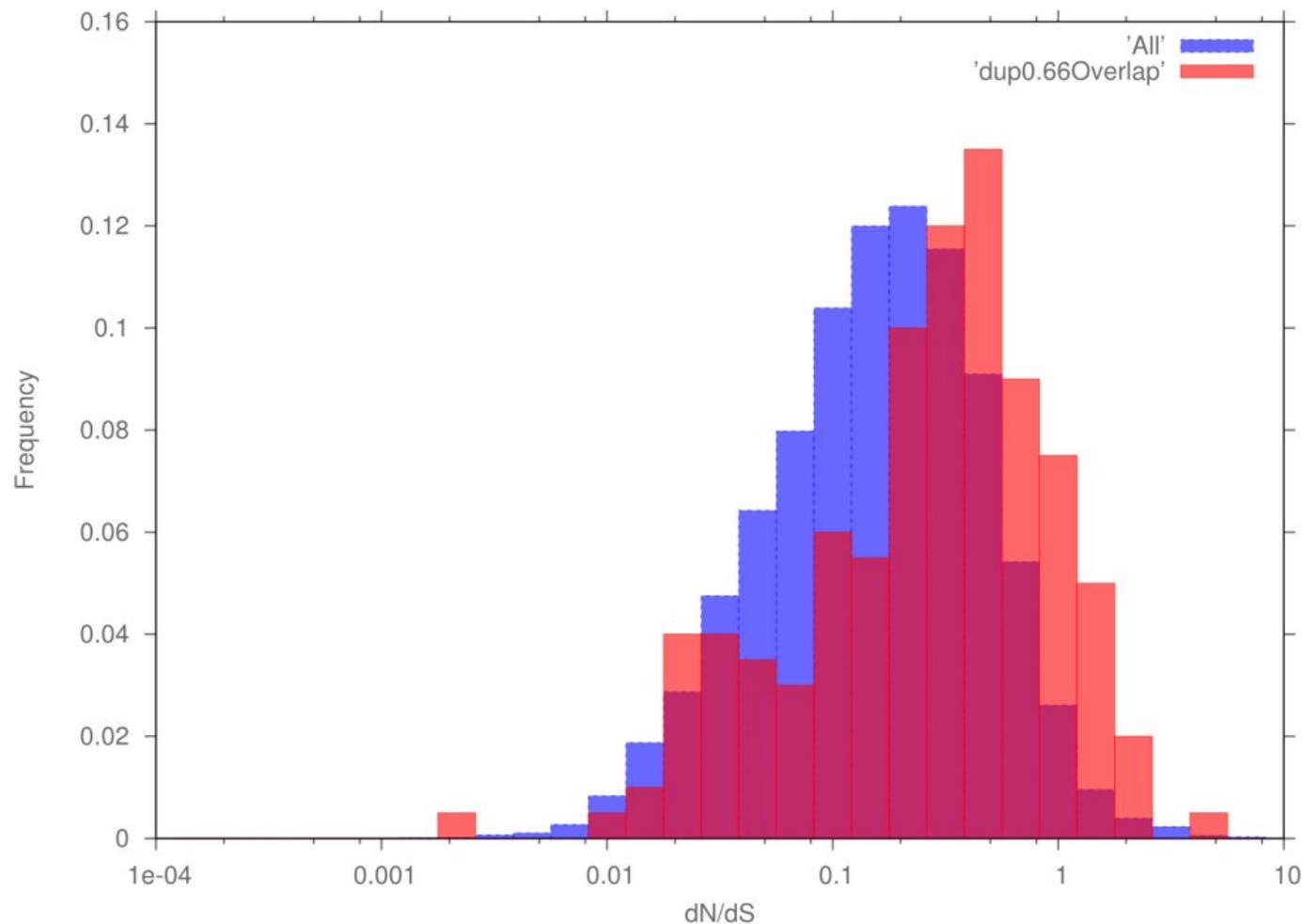
Immunity: adaptive immune response, adaptive immune response somatic recomb, lymphocyte mediated immunity, immunoglobulin mediated immune response, B cell mediated immunity, innate immune response, complement activation alternative pathway, regulation of immune system process, positive regulation of immune response, humoral immune response, complement activation classical pathway, humoral immune response circulating immunoglob, complement activation, activation of plasma proteins mute inflam resp, akute inflammatory response, response to wounding

Sensory perception: sensory perception of taste, G-protein coupled receptor protein signaling pathway, neurological process, sensory perception of chemical stimulus, sensory perception of smell

Viacej genómov pomáha vylepšiť účinnosť testov



Pozitívny výber v duplikovaných génoch



Zhrnutie

- Prirodzený výber má významnú úlohu v evolúcii
- **Purifikačný výber:**
 - Zachované regióny majú s veľkou pravdepodobnosťou nejakú funkciu
 - Pri hľadaní génov berieme do úvahy aj typické mutácie kodónov
- **Pozitívny výber:**
 - Pozitívny výber v génoch sa prejavuje veľkým pomerom nesynonymných zmien (evolúcia na proteínovej úrovni)
 - Zduplikované gény sú častejšie pod vplyvom pozitívneho výberu
 - Poľovačka pokračuje: hľadáme gény spôsobujúce charakteristické črty človeka
- **Metódy:** evolučné modely, fylogenetické HMM, test pomerov viero hodností