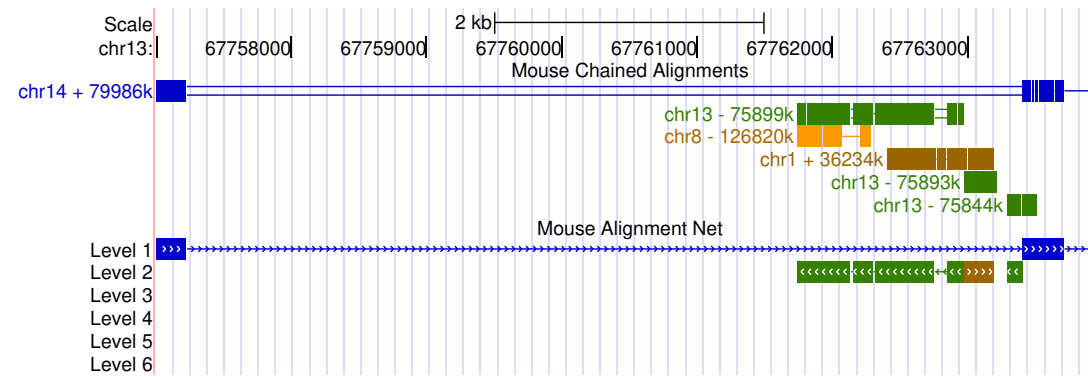


Oznamy

- Výber článku na journal club formulárom na stránke do budúcej stredy 23.10. 22:00.
- Domáca úloha 1 bude zverejnená budúci týždeň
- Nezabudnite na pravidelné kvízy, ak je niečo nejasné, pýtajte sa.

Zarovňavanie sekvencií 2/2 (sequence alignment)

Broňa Brejová
16.10.2025



Zhrnutie z minulej prednášky

- **Problém globálneho a lokálneho zarovnania**

Vstup: sekvencie $X = x_1x_2 \dots x_n$ a $Y = y_1y_2 \dots y_m$.

Výstup:

globálne: zarovnanie X a Y s najvyšším skóre

lokálne: zarovnania podreťazcov $x_i \dots x_j$ a $y_k \dots y_\ell$ s najvyšším skóre.

- **Správny algoritmus na riešenie**

dynamické programovanie

- **Realistické skórovacie schémy**

Máme správny algoritmus na zarovnávanie, čo viac nám chýba?

Časová zložitosť: $O(n^2)$ na dvoch sekvenciách dĺžky n .

Koľko je to času v skutočnosti?

(jednoduchá implementácia, náhodné sekvencie dĺžky n ,
bežný počítač)

n	čas výpočtu
1,000	0.02s
10,000	1.5s
100,000	2.5 minúty (*)
1,000,000	4 hodiny (*)
10,000,000	17 dní (*)
100,000,000	5 rokov (*)
1,000,000,000	476 rokov (*)

Potrebujeme efektívnejší algoritmus,

najmä ak chceme pracovať s celými genómami

Pamäť: základný algoritmus $O(n^2)$, dá sa zlepšiť na $O(n)$.

Heuristické lokálne zarovnávanie

- Nie je zaručené, že nájdeme najlepšie zarovnanie, ale program pobeží rýchlejšie.
- Prehľadá iba “sľubné” časti dyn. prog. matice.

Napríklad: BLASTN (Altschul et al 1990),

FASTA (Pearson a Lipman 1988)

- Nájdí krátke zhodujúce sa úseky dĺžky w (jadrá zarovnaní).
- Rozšír každé jadro pozdĺž uhlopriečky na zarovnanie bez medzier.
- Spoj zarovnaní na neďalekých uhlopriečkach medzerami.
- Lokálne vylepši zarovnanie dynamickým programovaním (možno vynechať).

Ako nájdeme jadrá, zhodujúce sa úseky?

- Vybudujeme “slovník” úsekov dĺžky w z prvej sekvencie.
- Nájdeme každý úsek z druhej sekvencie v slovníku.

Príklad: CAGTCCTAGA vs CATGTCATA

Slovník:

AG	2, 8
CA	1
CC	5
CT	6
GA	9
GT	3
TA	7
TC	4

Hľadá:

CA	→	1
AT	→	–
TG	→	–
GT	→	3
TC	→	4
CA	→	1
AT	→	–
TA	→	7

Heuristické lokálne zarovnávanie

Príklad: začíname z jadier dĺžky $w = 2$

(V praxi sa používa $w = 11$ a viac.)

		C	A	G	T	C	C	T	A	G	A
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0
T	0	0	2	1	0	0	0	0	1	0	0
G	0	0	0	1	2	1	0	1	0	0	0
T	0	0	0	0	2	1	1	0	0	0	0
C	0	1	0	0	0	4	3	0	0	0	0
A	0	0	2	1	0	3	3	2	1	0	1
T	0	0	1	1	2	2	2	4	3	2	1
A	0	0	1	0	1	1	1	3	5	4	3

1. nájdi zhodné úseky

2. rozšír bez medzier

3. spoj medzerami

Rýchlosť heuristického algoritmu

Algoritmus:

- Nájdi jadrá zarovnaní (krátke zhodujúce sa úseky dĺžky w).
- **Drahý krok:** Rozširovanie/spájanie jadier do väčších zarovnaní.

Náhodné zhody dĺžky w : nie sú časťou zarovnania s vysokým skóre.
Vyfiltrujeme ich pri rozširovaní, ale spomaľujú program.

Koľko náhodných jadier?

Dva nukleotidy sa zhodujú s pravdepodobnosťou $1/4$.

Jadro, t.j. w zhôd za sebou s pravdepodobnosťou 4^{-w} .

Stredná hodnota počtu jadier $nm4^{-w}$.

Zvýšenie w o 1 zníži jadier cca 4 krát.

Senzitivita heuristického algoritmu

Algoritmus:

- Nájdi jadrá zarovnaní (krátke zhodujúce sa úseky dĺžky w).
- **Drahý krok:** Rozširovanie/spájanie jadier do väčších zarovnaní.

Nenájdene zarovnanie: vysoké skóre, ale **nemajú jadro dĺžky w**

Príklad: CA-GTCCTA nenájdeme pre $w \geq 4$

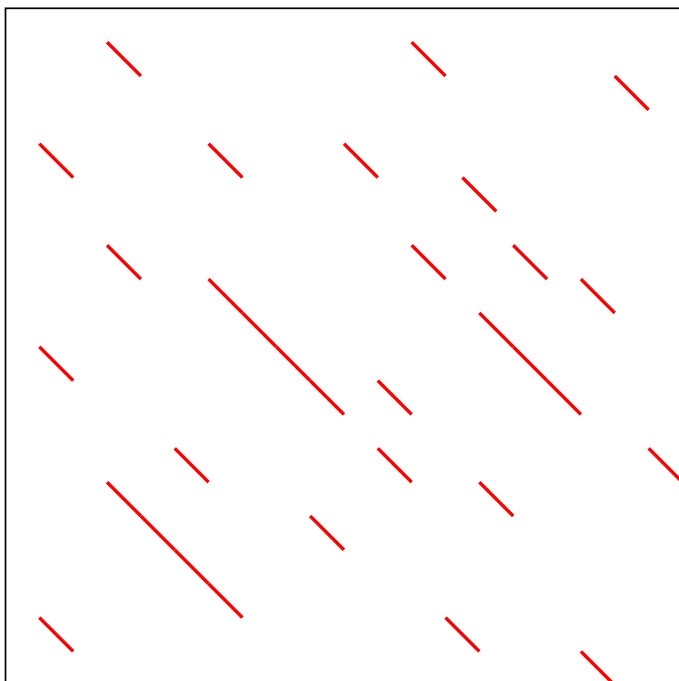
```
  | |   | | |   | |  
CATGTCATA
```

Senzitivita: aká časť **skutočných zarovnaní** obsahuje jadro, t.j. zhodu dĺžky w

Rýchlosť vs. senzitivita

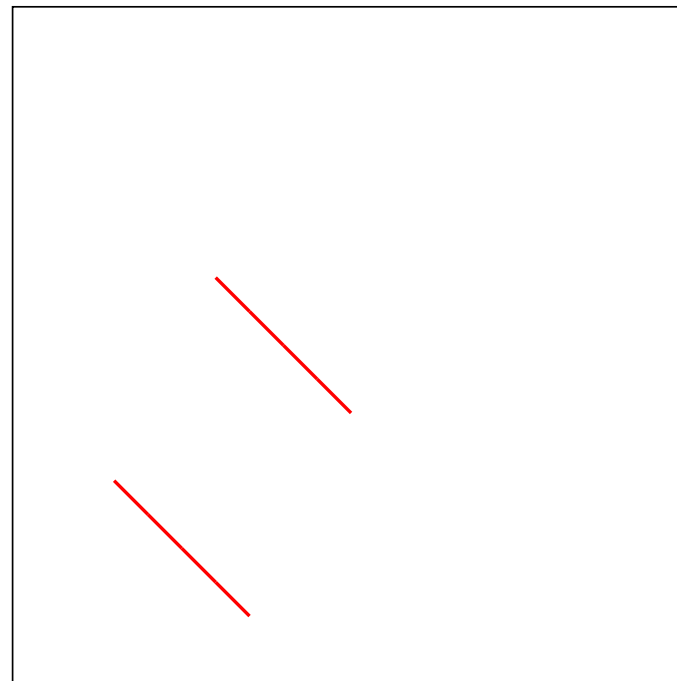
Malé w

veľa náhodných zhôd, pomalé



Veľké w

nenájdeme veľa zarovnaní



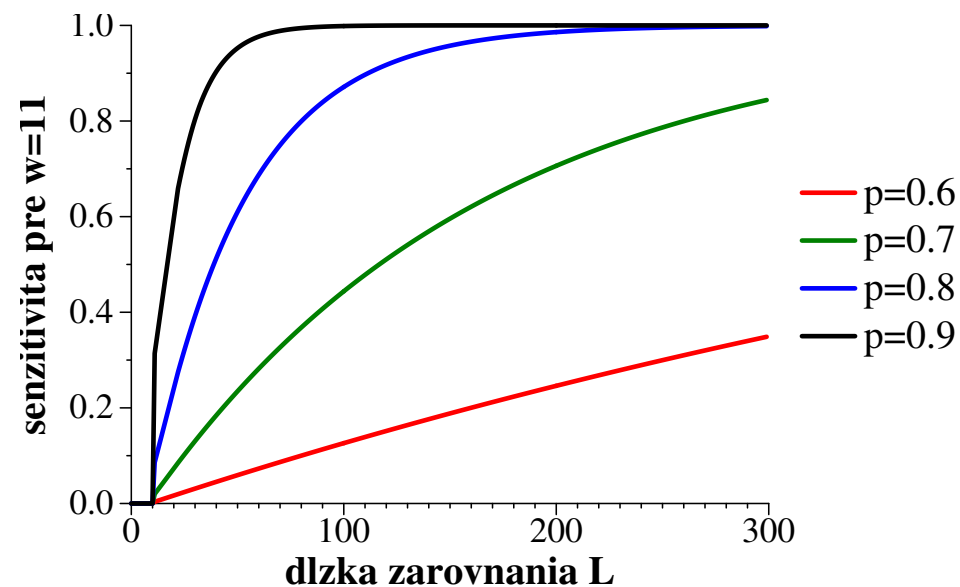
Senzitivita heuristického algoritmu

Odhad senzitivity:

Predpokladáme zarovnanie bez medzier, dĺžky L

Každá pozícia je zhoda s pravdepodobnosťou p

$$f(L, p) = \Pr(\text{zarovnanie obsahuje } w \text{ zhôd za sebou})$$



(človek-myš: $p \approx 0.7$)

BLAST algoritmus pre proteíny

BLOSUM62 skórovacia matica pre proteíny

	A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	...
A	4	-1	-2	-2	0	-1	-1	0	-2	-1	
R	-1	5	0	-2	-3	1	0	-2	0	-3	
N	-2	0	6	1	-3	0	0	0	1	-3	
D	-2	-2	1	6	-3	0	2	-1	-1	-3	
C	0	-3	-3	-3	9	-3	-4	-3	-3	-1	
Q	-1	1	0	0	-3	5	2	-2	0	-3	
E	-1	0	0	2	-4	2	5	-2	0	-3	
G	0	-2	0	-1	-3	-2	-2	6	-2	-4	
H	-2	0	1	-1	-3	0	0	-2	8	-3	
I	-1	-3	-3	-3	-1	-3	-3	-4	-3	4	

Proteínový BLAST namiesto zhody dĺžky w vyžaduje 3 aminokyseliny so skóre aspoň 13

Áno: N I R
N L R

$$6+2+5=13$$

Nie: A I L
A I L

$$4+4+4=12$$

Príklady programov na rôzne účely

NCBI BLAST: `blastn` pre DNA/RNA, `blastp` pre proteíny, `tblastx` preloží DNA do proteínu a použije `blastp`

UCSC Blat: pomerne rýchle vyhľadávanie veľmi podobných sekvencií, napr. kde je daná sekvencia v genóme

- používa veľké w
- vie nájsť zarovnanie s veľkými medzerami (napr. intróny pri mRNA)

Minimap2: mapuje dlhé čítania na genóm alebo porovnáva dva príbuzné genómy

- používa techniku minimizerov na ušetrenie pamäti (neukladá všetky úseky dĺžky w)
- veľmi rýchly

BWA-MEM/BWA-MEM2: mapuje krátke čítania na genóm

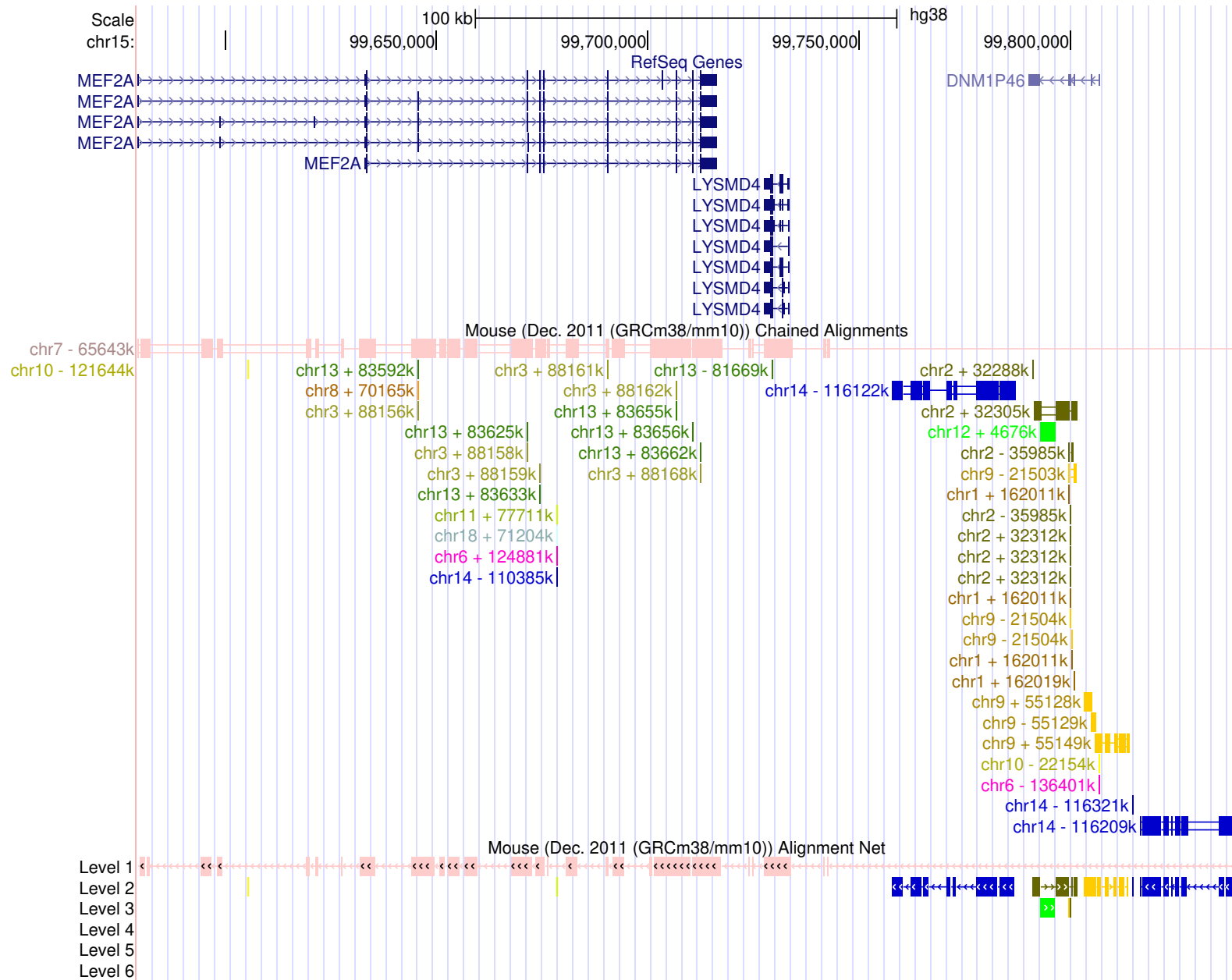
- namiesto jadier fixnej dĺžky používa maximálne presné zhody

- zložitejšie dátové štruktúry (BWT z informatických cvičení)

Genomické zarovnanie (whole-genome alignments)

Ku každému úseku ľudského genómu nájsť zodpovedajúcu časť z myši, psa, sliepky, atď. (predpočítané v UCSC browseri)

- Lokálne zarovnanie nájdu exóny a iné zachované časti, sú však úseky, ktoré sa príliš zmenili.
- Pri duplikovaných úsekoch nevieme rozhodnúť, ktoré dvojice úsekov patria k sebe.
- **Synténia (synteny):** lokálne zarovnanie, ktoré sa nachádzajú v dvoch genómoch v tom istom poradí a orientácii.
Pomáha nám určiť, ktoré dvojice úsekov vznikli z tej istej oblasti v spoločnom predkovi (ortológov)



Viacnásobné zarovnanie, multiple sequence alignment

Cieľ: Zarovnaj viacero sekvencií.

Human	ctccatagcaatgt-cagagatagggcagagcggat-----ggtggtgac
Rhesus	ctccatggcaatgt-cagagatagggcagagcggat-----gctggtgac
Mouse	ttt--tgacaaca--tagagac-tgagatagaaaat-----atgctgac
Dog	-tccccgctaattgtacaaagatggggcag-gaaga--a----tgtgctgaa
Horse	-tccacggcaatac-tggagatggggcagagcaga--agat-ggtgatgaa
Armadillo	ctgcatagaaatct-cagagatgggggaaagcaga-----agacattcat
Opossum	atccatggaaacat-cagaagtgggagaaatagaaga----tggcaatga-
Platypus	accgggggaagggg-aagaggaagggccggccg-----

Ako by ste riešili skórovanie, aký by ste použili algoritmus?

Viacnásobné zarovnanie, multiple sequence alignment

Human	ctccatagcaatgt-cagagatagggcagagcggat-----ggtggtgac
Rhesus	ctccatggcaatgt-cagagatagggcagagcggat-----gctggtgac
Mouse	ttt--tgacaaca--tagagac-tgagatagaaaat-----atgctgac
Dog	-tccccgctaattgtacaaagatggggcag-gaaga--a----tgtgctgaa
Horse	-tccacggcaatac-tggagatggggcagagcaga--agat-ggtgatgaa
Armadillo	ctgcatagaaatct-cagagatgggggaaagcaga-----agacattcat
Opossum	atccatggaaacat-cagaagtgggagaaatagaaga----tggcaatga-
Platypus	acccggggaagggg-aagaggaagggccggccg-----

Skórovanie: napr. súčet párových skór všetkých dvojíc sekvencií.

V každej dvojici vyhodím stĺpce s dvomi pomlčkami.

Zložitosť dynamického programovania: $O(2^k n^k)$ pre k sekvencií dĺžky n .

Pre všeobecné k NP-ťažké.

Heuristické algoritmy, napr. CLUSTAL-W, MUSCLE, TBA, MAFFT.

Často zarovnávajú hierarchicky vždy dve skupiny do jednej väčšej.

Sequences producing significant alignments									
Download ▾ Select columns ▾ Show 100 ▾ ?									
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected GenPept Graphics Distance tree of results Multiple alignment MSA Viewer									
	Description ▾	Scientific Name ▾	Max Score ▾	Total Score ▾	Query Cover ▾	E value ▾	Per. Ident ▾	Acc. Len ▾	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein [Collimonas pratensis]	Collimonas pratensis	31.6	31.6	100%	17	91.67%	102	WP_150119746.1
<input checked="" type="checkbox"/>	DNA mismatch repair protein [Mycena indigotica]	Mycena indigotica	30.3	30.3	91%	46	90.91%	968	XP_037221711.1
<input checked="" type="checkbox"/>	DJ-1/Pfpl family protein [Rhodococcus sp. ACS1]	Rhodococcus sp. ACS1	30.3	30.3	91%	46	90.91%	217	WP_095863293.1
<input checked="" type="checkbox"/>	DJ-1/Pfpl family protein [Rhodococcus koreensis]	Rhodococcus koreensis	30.3	30.3	91%	46	90.91%	217	WP_072942975.1
<input checked="" type="checkbox"/>	MFS transporter [Brevibacterium ihuae]	Brevibacterium ihuae	29.9	29.9	91%	65	81.82%	393	WP_245873555.1
<input checked="" type="checkbox"/>	MgtC/SapB family protein [Paenibacillus montanisoli]	Paenibacillus montani...	29.9	29.9	83%	66	90.00%	246	WP_112883223.1
<input checked="" type="checkbox"/>	MgtC/SapB family protein [Paenibacillus montanisoli]	Paenibacillus montani...	29.9	29.9	83%	66	90.00%	246	WP_308637993.1
<input checked="" type="checkbox"/>	cation diffusion facilitator family transporter [Spongiibacter sp. IMCC21906]	Spongiibacter sp. IMC...	29.5	29.5	83%	93	90.00%	302	WP_047012794.1
<input checked="" type="checkbox"/>	cation diffusion facilitator family transporter [Zhongshania sp.]	Zhongshania sp.	29.5	29.5	83%	93	90.00%	302	WP_296435489.1
<input checked="" type="checkbox"/>	tRNA modification GTPase [Lachnellula hyalina]	Lachnellula hyalina	29.1	29.1	100%	131	75.00%	581	XP_031004415.1

Výsledok programu BLAST voči RefSeq proteínovej databáze na serveroch NCBI
<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>

[Download](#)  [GenPept](#) [Graphics](#)

hypothetical protein [Collimonas pratensis]

Sequence ID: [WP_150119746.1](#) Length: 102 Number of Matches: 1

Range 1: 20 to 31 [GenPept](#) [Graphics](#)

 [Next Match](#)  [Previous Match](#)

Score				Expect	Identities	Positives	Gaps
31.6 bits(67)				17	11/12(92%)	11/12(91%)	0/12(0%)
Query	1	VIVALASVEGAS	12				
		VIVALASV GAS					
Sbjct	20	VIVALASVIGAS	31				

[Download](#)  [GenPept](#) [Graphics](#)

DNA mismatch repair protein [Mycena indigotica]

Sequence ID: [XP_037221711.1](#) Length: 968 Number of Matches: 1

Range 1: 482 to 492 [GenPept](#) [Graphics](#)

 [Next Match](#)  [Previous Match](#)

Score				Expect	Identities	Positives	Gaps
30.3 bits(64)				46	10/11(91%)	10/11(90%)	0/11(0%)
Query	2	IVALASVEGAS	12				
		IVALASVE AS					
Sbjct	482	IVALASVEDAS	492				

Ako rozlíšiť, či ide o významné zarovnanie?

Dĺžka dotazu m . Veľkosť databázy n .

Zarovnanie so skóre S .

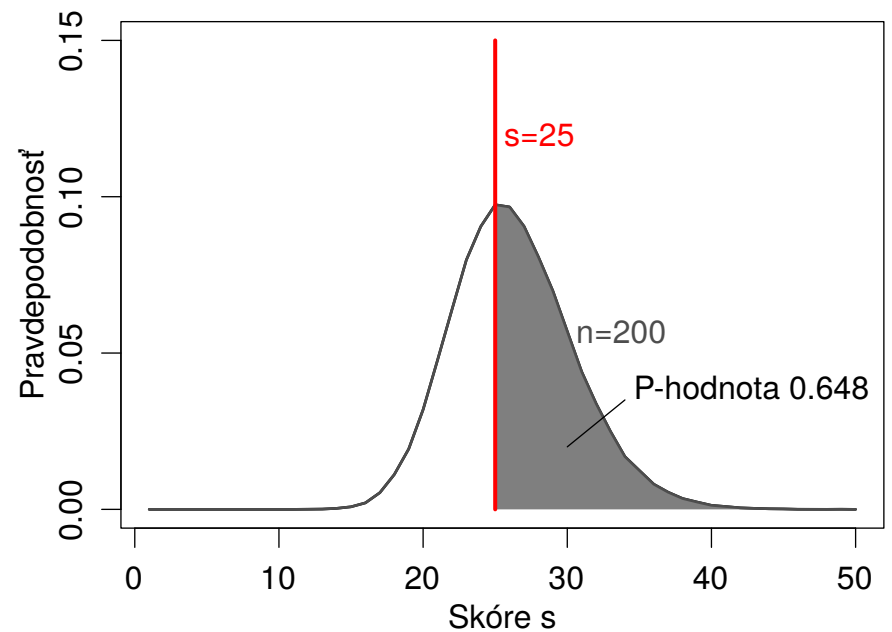
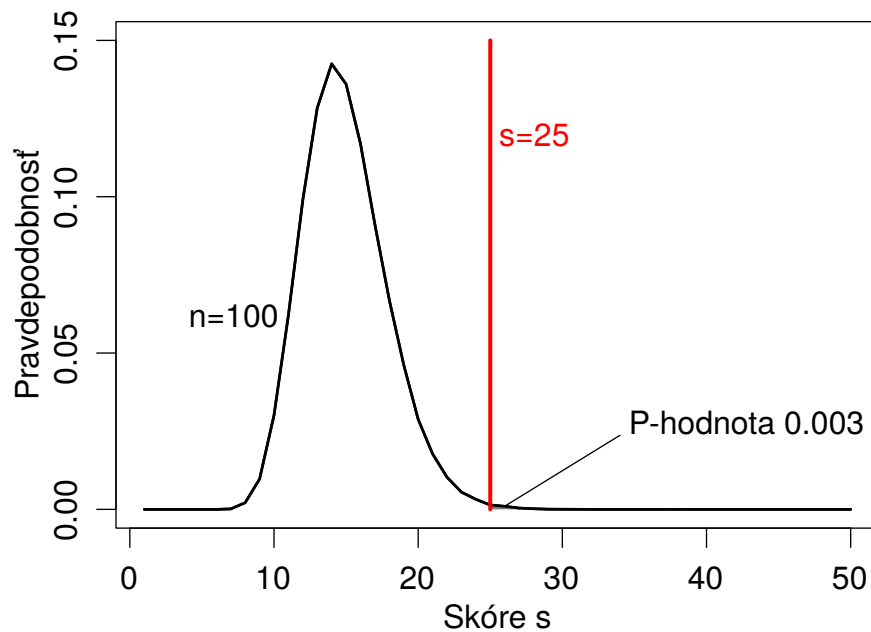
P -hodnota: Pravdepodobnosť, že pre náhodný dotaz dĺžky m v náhodnej databáze dĺžky n nájdeme zarovnanie so skóre aspoň S .

E -hodnota: Očakávaný počet zarovnaní so skóre aspoň S nájdenných pre náhodný dotaz dĺžky m v náhodnej databáze dĺžky n .

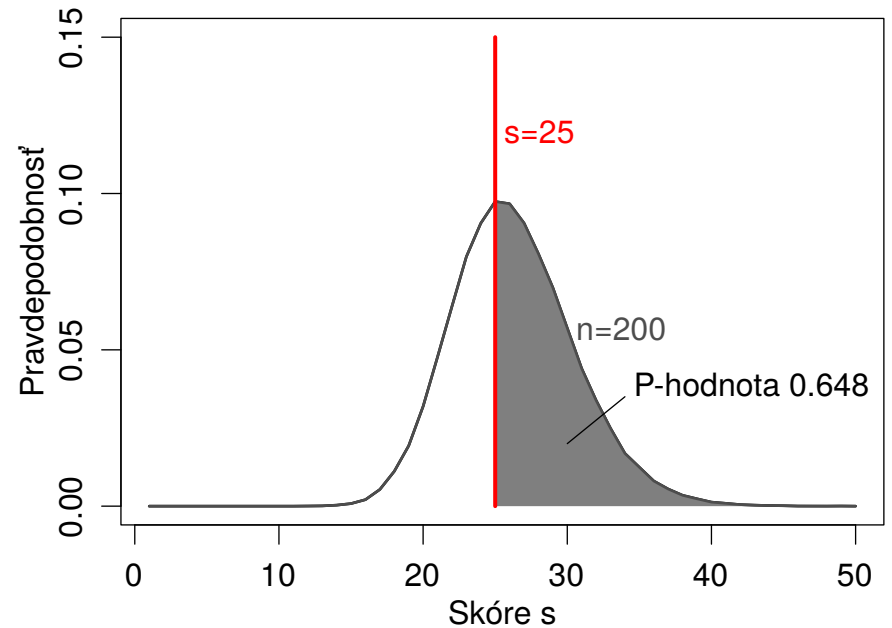
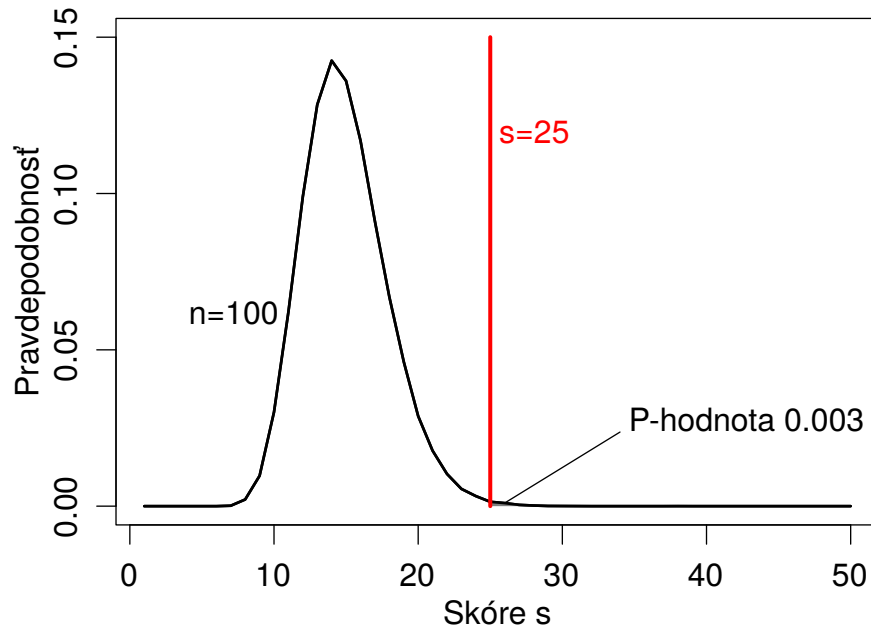
Pri veľmi malých hodnotách sú E -hodnota a P -hodnota takmer identické.

Výpočet P-hodnoty simuláciou

- Vygenerujeme náhodne dve sekvencie dĺžky n
- Spočítame ich najlepšie lokálne zarovnanie (schéma +1/-1)
- Zaznamenáme si výsledné skóre
- Opakujeme veľa krát



Výpočet P-hodnoty simuláciou (pokr.)



P-hodnota pre skóre 25:

Aká časť zarovnaní má skóre 25 alebo vyššie?

V praxi je simulácia pomalá, existujú matematické odhady rozdelenia.

Karlin and Althschul 1990, Dembo et al. 1994

Zhrnutie

- Zarovnávanie (alignment) je základný nástroj bioinformatiky
- Formulácia problému: voľba skórovacej schémy
- Riešenie problému: presné ale pomalé algoritmy a rýchlejšie heuristiky, ktoré nie vždy nájdu všetko
- Odhad štatistickej významnosti (E-hodnota, P-hodnota) je dôležitý nástroj na rozpoznávanie reálnych zarovnaní od tých, čo sa vyskytli náhodou
- Špecializované programy na rôzne úlohy súvisiace so zarovnávaním
 - Informatici na ďalších cvičeniach ďalšie finty na zlepšenie jadier
 - Biológovia ukážky použitia programov