



Aldabi

Projekt 3 Dokumentation

Lucas Rieckert, Maximilian Otto, Johanna Eitel

Projektbeginn: 24.1.2018; Projektabgabe: 7.3.2018, 23:59 Uhr

Abstract

Motivation: Unsere Motivation hinter dem Projekt, liegt darin aus homologen Gensequenzabschnitten eines Virusgenoms einen phylogenetischen Baum zu erstellen um ihre Verwandtschaftsverhältnisse und somit Verbreitungswege darzustellen.

Results: Als Ergebnis erhalten man zwei phylogenetische Bäume, welche auf der Basis von zwei unterschiedlichen Distanzmethoden erstellt wurden.

Contact: lackyluck@hotmail.de maxotto45@gmail.com eitel.johanna@yahoo.de

1 Introduction

Unsere Aufgabe für das dritte Praktikum bestand darin, aus homologen genetischen Sequenzen eines Virusgenoms einen phylogenetischen Baum zu erstellen, der die Verwandtschaftsverhältnisse dieser Sequenzen widerspiegelt. Zunächst werden die Distanzen der Gensequenzen berechnet, um dann den phylogenetischen Baum mittels der "unweighted pair group method using arithmetic averages", kurz: UPGMA, zu ermitteln. Mittels UPGMA erstellten wir einen phylogenetischen Baum im NEXUS-Format und hatten div. Programme zur freien Verfügung, dieses Dateiformat grafisch ausgeben zu lassen. Die von uns verwendete Programmiersprache ist Java, da wir damit alle am meisten Erfahrung haben. Das Darstellungsprogramm des Baumes ist "FigTree".

2 Vorgehen

Zunächst benötigten wir geeignete genetische Sequenzen, die wir uns aus einer Datenbank herunterladen sollten. Dazu hatten wir mehrere Datenbanken mit verschiedenen Viren zur Auswahl. Wir entschieden uns für den SARS Coronavirus und haben uns aus der NCBI-Datenbank 19 DNA-Sequenzen des SARS Coronavirus entnommen. Genauer entschieden wir uns für die Sequenzabschnitte, die das Protein "orf1ab" codierten, da dieses in jedem SARS Coronavirus vorhanden ist und es dazu sehr viele, gut dokumentierte Daten gibt. Das Produkt dieses Genabschnittes "orf1ab" ist ein Polyprotein, zusammengesetzt aus zweien, welche eine Replikase bilden. Wir haben zunächst versucht direkt mit den Aminosäuresequenzen zu arbeiten, allerdings gab es bei diesen für unseren Geschmack zu wenige Unterschiede, sodass der Baum die Sequenzen, die eigentlich alle gleichweit voneinander entfernt sind, erst nacheinander geclustert hätte und das den Eindruck erweckt hätte, die Sequenzen würden weiter voneinander entfernt liegen als sie es in Wirklichkeit tun. Allerdings waren auch

die Nukleotidsequenzen sehr ähnlich. Mit weitaus größeren Datensätzen sähe das Resultat vermutlich ergiebiger aus.

Die von uns gesammelten Gensequenzen für das Protein orf1ab führten wir dann in einer langen FASTA-Datei zusammen. Diese FASTA-Datei liegt in der Repository unter dem Namen "sequences.fasta" im Ordner "Sequenzdateien" im master-branch vor. Diese Datei übergaben wir dann dem Multiplen-Sequenz-Alignment-Online-Tool Muscle um uns aus den Sequenzen ein Multiples-Sequenz-Alignment berechnen zu lassen. Die von Muscle ausgegebene Alignmentdatei liegt im Repository unter dem Namen "aln.fasta.txt" vor. Dieses iterative Programm erstellt ein Alignment für UPGMA-Bäume, und errechnet daraus auch eine Distanzmatrix nach dem Kimura-Modell und versucht durch Profile, welche wiederholt zum MSA aligniert werden, bessere Distanzen zu erreichen, solange bessere Scores herauskommen. Das Alignment ist in Abbildung 1 zum Teil dargestellt. Diese Datei haben wir dann von unserem Programm mittels eines File-Readers einlesen lassen.

Um aus diesen alignierten Sequenzdateien mittels UPGMA einen phylogenetischen Baum erstellen zu können, mussten wir zunächst Funktionen implementieren, welche die Distanz zwischen zwei alignierten Sequenzen berechnen. Dabei entschieden wir uns zunächst für die in der Vorlesung behandelte P-Distanz, da diese recht simpel zu implementieren war und das direkte Verhältnis der Unterschiede der Sequenzen zu der Länge der Sequenzen beschreibt, indem sie die Anzahl der sich unterscheidenden Stellen durch die Länge der Sequenzen teilt. Als zweite Methode zur Distanzberechnung entschieden wir uns für die Methode von Jukes-Cantor, da diese zusätzlich zur p-Distanz ebenfalls die grobe Mutationswahrscheinlichkeit einer Base als Faktor in die Berechnung mit einbezieht. So haben wir zwei unterschiedliche Verfahren zur Berechnung von paarweisen Distanzen von Nukleotidsequenzen, aus denen zwei unterschiedliche Bäume entstehen. Die aus den Berechnungen hervorgegangenen Distanzmatrixen sind in der Abbildung 2 und 3 dargestellt.

Mittels dieser Methoden zur Distanzberechnung haben wir dann den UPGMA-Algorithmus implementiert. Je nach Übergabeparameter (1 oder

2) wurde entweder die p-Distanz oder die Jukes-Cantor-Distanz benutzt. Wir führten das Programm mit jedem der Parameter aus um beide Bäume zu generieren. Die Berechnung der Distanzmatrizen ist in der Funktion distance bzw. distance2 implementiert. Aus diesen haben wir dann den kleinsten Wert herausgesucht und die dazugehörigen Knoten bzw. Cluster zu einem Cluster zusammengefügt, indem wir die kombinierten Metadaten der Ursprungsknoten/-cluster - gespeichert in der Array-List 'header' - als neuen Eintrag an dieses anfügen. Danach muss auch die Distanzmatrix angepasst werden, dies geschieht anhand der Funktion updateDistMatrix, die die zu den ursprünglichen Knoten gehörenden Zeilen und Spalten löscht und die passenden neuen anhängt. So verfahren wir iterativ bis sich in 'header' nur noch ein Eintrag befindet. Dieser enthält alle Informationen für den Tree-Block unserer NEXUS-Datei. Die von unserem Programm erstellte NEXUS-Datei übergaben wir dann Figtree und liessen uns die Bäume darstellen. Die von Figtree erstellten Bäume sind sowohl in Abbildung 4 und 5 dargestellt sowie im Repository im Branch "Bericht" hinterlegt.

3 Conclusion

Zusammenfassung: Die Ergebnisse der oben genannten Schritte sind in den Abbildungen 4 und 5 abgebildet. Abbildung 4 ist auf Basis der p-Distanz entstanden und Abbildung 5 auf Basis der Distanzmatrix nach Jukes-Cantor. Die Blätter des Baumes, die Herkunftsländer der zugehörigen Daten der Replikase-Sequenzen, sind farblich markiert, was die Verwandtschaft dieser Viren, bzw. ihre Ausbreitung, verdeutlichen soll. Die Bäume sind jedoch trotz unterschiedlicher Werte der zugrunde liegenden Matrizen fast identisch. Leider sind die Distanzen zwischen den Gensequenzen sehr gering, was sich vermutlich auch auf die Baumdarstellung auswirkt. Jedoch ist zu erkennen, dass Daten, die aus einem Land kommen, wahrscheinlicher zusammen liegen, bzw. nicht sehr weit über Subtrees voneinander entfernt sind. Die meisten Daten dazu wurden aus China erhoben, weshalb diese auch zusammen liegen, bis auf die später erfassten, diese liegen überraschend weit entfernt. Aus unserem Ergebnis ist zu schließen, dass die zugrunde liegende Datensammlung ausschlaggebend für die Struktur des Baumes ist, zumal manche Sequenzen identisch waren. Je größer die Datensammlung, desto komplexer wird der Baum, da wahrscheinlicher größere Unterschiede auszumachen sind. Größere Abweichungen wurden auch mit deutlich zu unterscheidenden Sequenzen einhergehen. Bei den Versuchen, mit der Aminosäuresequenz Bäume zu erstellen, zeigte sich auch in den Alignmentsscores noch kleinere Unterschiede, vermutlich auch, weil diese Sequenzen noch weniger divergieren als die Gensequenzen dieser Abschnitte, möglicherweise liegt dem die Wobble-bvase-Hypothese zu Grunde und es spielt somit auch eine Rolle, was für Sequenzdaten gesammelt wurden um direkte Unterschiede festzustellen. Jedenfalls wird die Baumdarstellung durch die unterschiedlichen Verfahren der Distanzberechnung fast nicht beeinflusst, weshalb wir zu dem Schluss kamen, dass unsere gesammelten Daten zu ähnlich sind oder aber nicht genügend. Es kam die Idee auf, andere Verfahren zur Distanzberechnung zu implementieren, bspw. Kimura's, um größere Unterschiede der Distanzmatrizen zu gewährleisten, jedoch wurde sich dies nicht sehr deutlich auf die Änderungen der Baumstrukturen auswirken.

Die Auswahl der Sequenzen ist für Bäume, welche evolutionäre Daten aufweisen können, von enormer Bedeutung und beeinflusst am stärksten das Resultat.

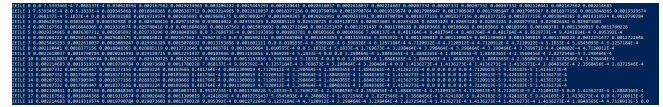


Abbildung 2: Die p-Distanz der alignierten Sequenzen

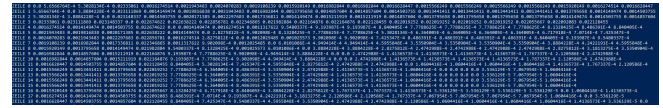


Abbildung 3: Die Distanzmatrixwerte der Sequenzen nach dem Jukes-Cantor-Modell

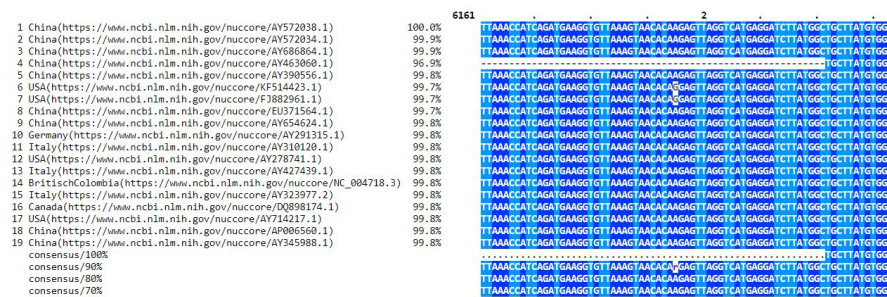


Abbildung 1: Alignment der 19 Sequenzen an zufälliger Stelle, dargestellt durch "MView".

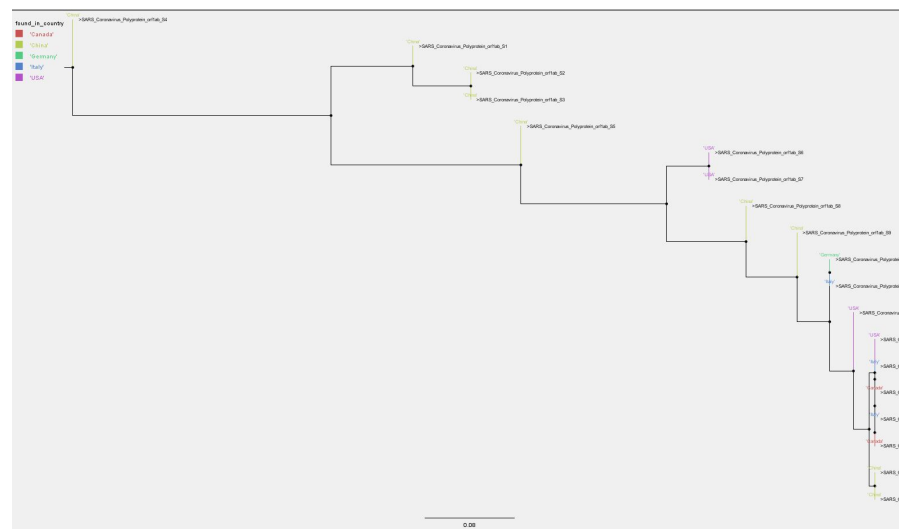


Abbildung 4: Der ausgegebene Baum auf Basis der P-Distanz-Matrix.

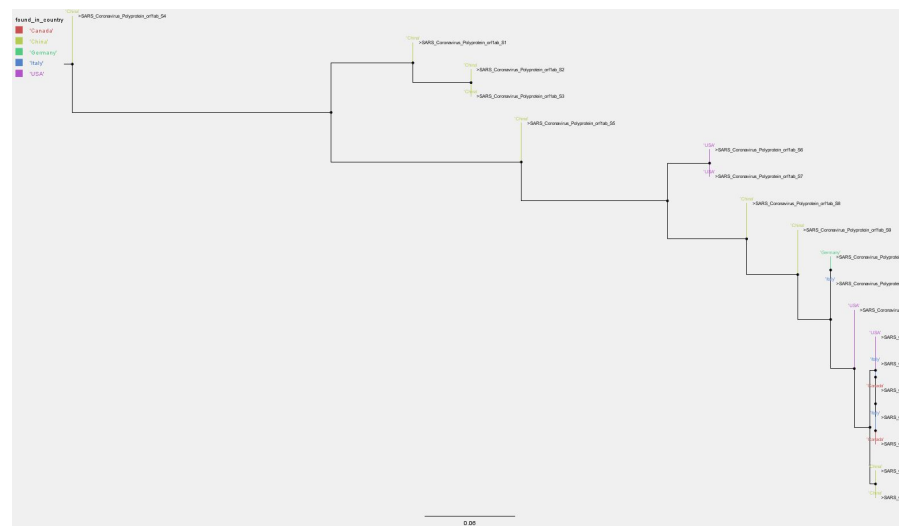


Abbildung 5: Ausgabe des Baumes auf Grundlage der Distanzmatrix nach Jukes-Cantor.

