

Algoritmos para Análise de Sequências Biológicas

Alinhamentos de sequências

Sumário

- alinhamento de sequências
- matrizes de substituição
- matrizes de pontos

Razões para alinhar sequências

- Há muitas sequências para as quais a estrutura/função não é conhecida;
- Um bom alinhamento de duas sequências implica que estas são similares e que poderão ter uma ascendência comum;
- Duas sequências similares têm uma probabilidade mais alta de terem estruturas e funções semelhantes;
- Obtemos informações valiosas ao alinharmos uma sequência com outra cuja função/estrutura é conhecida;

Alinhamento e similaridade

- Alinhamento de sequências: procedimento de comparação de duas ou mais sequências, procurando séries de caracteres individuais que se encontrem na mesma ordem nas sequências.
- Sequências são **similares** se número de caracteres idênticos (emparelhados durante o alinhamento) é elevado.
- Não é possível comparar sequências biológicas sem realizar o seu alinhamento dada a existência de mutações de inserção/remoção

Exemplos de alinhamentos

DNA/RNA

-	C	A	G	T	G	C	A	T	G	-	A	C	A	T	A
T	C	A	G	-	G	C	-	T	C	T	A	C	A	G	A

Proteínas

L	G	P	S	S	G	C	A	S	R	I	W	T	K	S	A
T	G	P	S	-	G	-	-	S	-	I	W	S	K	S	G

Tipos de alinhamento

Globais

- Tentam-se alinhar ambas as sequências na totalidade
- Podem identificar genes/proteínas com estruturas globais e funções semelhantes

Globais

L	G	P	S	S	G	C	A	S	R	I	W	T	K	S	A
T	G	P	S	-	G	-	-	S	-	I	W	S	K	S	G

Locais

- Tentam-se alinhar segmentos das sequências
- Podem identificar zonas conservadas ao longo da evolução, e.g., zonas funcionais ativas de proteínas

Locais

L	G	P	S	S	G	C	A	S	R	I	W	T	K	S	A
T	W	N	R	-	G	C	A	S	R	I	W	M	R	D	W

Problema de otimização

Função de mérito avalia cada alinhamento possível

Alinhamento de duas sequências Procura pelo melhor emparelhamento de caracteres entre duas sequências

Problema de otimização pretende-se descobrir a melhor solução de entre um universo de possíveis soluções

Formulação

Dados

- Duas **sequências** (e.g. proteínas, DNA)
- **Função objetivo** que permite avaliar cada possível alinhamento.

Retornar

Emparelhamento ótimo entre as duas sequências, retendo a ordem relativa dos elementos de cada sequência, podendo introduzir-se **espaçamentos** em cada uma delas, **maximizando a função objetivo**

Universo de procura de soluções

Alinhamento entre sequências de tamanho **n** com espamentos

$$\binom{2n}{n} = \frac{(2n)!}{(n!)^2} \approx \frac{2^{2n}}{\sqrt{\pi n}}$$

Progressão

N	Combinações
5	252
10	184756
15	155117520
20	137846528820

Funções objetivo

- Atribuem um valor numérico à *qualidade* de um alinhamento
- Medem a similaridade entre as duas sequências, dado o alinhamento
- Possibilidade mais simples: contar número de caracteres idênticos nas duas sequências, posição a posição.

Funções objetivo

Normalmente aditiva, i.e., soma dos termos associados a cada par de caracteres ou espaçamentos, definida por:

- **Matriz de substituição** para a co-ocorrência de caracteres;
- Função de **penalização** para a ocorrência de espaçamentos.

A escolha destes parâmetros influencia fortemente o resultado do alinhamento.

Matrizes de substituição

- Atribuem uma pontuação à substituição de um caractere numa string pelo caractere na outra
- Calculadas considerando as probabilidades de substituição de um aminoácido por um outro em sequências relacionadas
- Probabilidades são estimadas por frequências relativas de substituição, calculadas a partir de BDs biológicas
- Valores correspondem ao logaritmo da divisão das probabilidades de substituição em sequências relacionadas, sobre a probabilidade de substituição em sequências não relacionadas (logaritmos tornam coerente a sua soma na função objetivo; valores são multiplicados por 10 e arredondados)

Exemplo

em 1000 sequências

S probabilidade de 10%

L probabilidade de 15%

Par	Esperado	Ocorrências	Score
SS	$10\% \times 10\% \times 1000 = 10$	32	$10 \times \log_{10}(32/10) = 5$
SL	$15\% \times 10\% \times 1000 = 15$	9	$10 \times \log_{10}(9/15) = -2$
LL	$15\% \times 15\% \times 1000 = 22$	22	$10 \times \log_{10}(22/22) = 0$

Matrizes BLOSUM

- Valores das probabilidades são baseados em AAs pertencentes a **regiões conservadas** (blocks) em famílias de proteínas (provenientes da BD Prosite).
- Família de matrizes, em que a matriz BLOSUM_i corresponde a matrizes calculadas para sequências com similaridades previstas de $i\%$.

Matriz BIOSUM62

	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
A	4																			
C	0	9																		
D	-2	-3	6																	
E	-1	-4	2	5																
F	-2	-2	-3	-3	6															
G	0	-3	-1	-2	-3	6														
H	-2	-3	1	0	-1	-2	8													
I	-1	-1	-3	-3	0	-4	-3	4												
K	-1	-3	-1	1	-3	-2	-1	-3	5											
L	-1	-1	-4	-3	0	-4	-3	2	-2	4										
M	-1	-1	-3	-2	0	-3	-2	1	-1	2	5									
N	-2	-3	1	0	-3	0	-1	-3	0	-3	-2	6								
P	-1	-3	-1	-1	-4	-2	-2	-3	-1	-3	-2	-1	7							
Q	-1	-3	0	2	-3	-2	0	-3	1	-2	0	0	-1	5						
R	-1	-3	-2	0	-3	-2	0	-3	2	-2	-1	0	-2	1	5					
S	1	-1	0	0	-2	0	-1	-2	0	-2	-1	1	-1	0	-1	4				
T	-1	-1	1	0	-2	1	0	-2	0	-2	-1	0	1	0	-1	1	4			
V	0	-1	-3	-2	-1	-3	-3	3	-2	1	1	-3	-2	-2	-3	-2	-2	4		
W	-3	-2	-4	-3	1	-2	-2	-3	-3	-2	-1	-4	-4	-2	-3	-3	-3	-3	11	
Y	-2	-2	-3	-2	3	-3	2	-1	-2	-1	-1	-2	-3	-1	-2	-2	-2	-1	2	7

Figure 1: Matriz BLOSUM62

Penalizações por espaçamentos

Modelo simples

$$P = g \times x$$

Modelos mais utilizado

Distingue entre o início de um espaçamento e a sua extensão (affine gap penalty):

$$P = g + r \times x$$

- P penalidade do espaçamento
- g penalidade por início de um espaçamento
- r penalidade pela extensão de um espaçamento
- x número de caracteres do espaçamento

Valores típicos

- g entre -8 e -14;
- r entre -2 e -4.

Exemplo: penalização constante

Alinhamento

L	G	P	S	-	G	C	A	S	G	I	W	T	K	S	A
Y	G	P	S	G	G	-	-	S	R	I	W	S	K	S	G

Parâmetros

Matriz BLOSUM62

g -8

Score

$$-1 + 6 + 7 + 4 - 8 + 6 - 8 - 8 + 4 - 2 + 4 + 11 + 5 + 5 + 4 + 0 = 29$$

Exemplo: affine gap penalties

Alinhamento

L	G	P	S	-	G	C	A	S	G	I	W	T	K	S	A
Y	G	P	S	G	G	-	-	S	R	I	W	S	K	S	G

Parâmetros

Matriz BLOSUM62

g -12

r -2

Score

$$-1 + 6 + 7 + 4 - 12 + 6 - 12 - 2 + 4 - 2 + 4 + 11 + 5 + 5 + 4 + 0 = 27$$

Métodos para alinhamentos

Matrizes de pontos

análise e alinhamento visuais

Programação dinâmica – métodos exatos que garantem solução ótima:

Needleman / Wunsch alinhamentos globais

Smith / Waterman alinhamentos locais

Métodos heurísticos

- mais rápidos;
- menos precisos;
- usados essencialmente para procura de sequências similares em bases de dados de grandes dimensões
- FASTA
- BLAST

Matrizes de pontos

- Método para comparar duas sequências de forma visual, o que permite procurar zonas de alinhamento e repetições de caracteres (diretas ou invertidas), para além de zonas complementares.
- Representa as duas sequências, uma na horizontal (colunas) e a outra na vertical (linhas).
- Pontos representam caracteres coincidentes.
- Diagonais representam regiões de similaridade nas duas sequências.

Matrizes de pontos: filtragem

- Para filtrar caracteres coincidentes por pura aleatoriedade, usa-se uma janela deslizante
- Ponto colocado se pelo menos S caracteres numa janela de tamanho W à volta são coincidentes

Parâmetros

W window size

S stringency

Valores comuns W/S

DNA 11/ 7 ou 15/ 10

Proteínas 2/ 1 ou 3/ 2

Matrizes de pontos: repetições

- Repetições causam problemas aos algoritmos de alinhamento
- Representa-se a matriz de pontos de uma sequência versus si própria
- Repetições identificadas por diagonais (que não a principal)
- Podem analisar-se as repetições variando os parâmetros de filtragem
- Repetições de uma única letra – linhas horizontais e verticais; quadrados