

Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ
II курс

Сборка чтений

С.А. Спирин
8 декабря 2020

Случайное покрытие

Все платформы «второго поколения» включают подготовку **случайных** фрагментов генома и их амплификацию (размножение).

В результате полученные чтения (они же прочтения, они же риды) также представляют собой набор случайных фрагментов заданной длины.

В идеальном случае вероятность стать началом чтения одинакова для всех позиций в геноме (а на практике это не всегда так).

Проблема сборки

Сборка на уже известный геном

(например, чтобы изучать различия между ДНК разных людей)

Сборка *de novo*

(например, хотим изучать геном вида, чей геном пока не секвенирован)

Сборка на геном

Пусть длина чтения 100, размер генома 1 млн п.н. и мы получили 50 000 чтений. Значит, среднее покрытие = 5. Хватит ли этого, чтобы собрать весь геном?

Сборка на геном

Пусть длина чтения 100, размер генома 1 млн п.н. и мы получили 50 000 чтений. Значит, среднее покрытие = 5. Хватит ли этого, чтобы собрать весь геном?

Количество чтений, покрывающих данный нуклеотид, распределено по Пуассону:

$$P(k) = \exp(-\lambda) \lambda^k / k!$$

где k – число чтений, λ – среднее покрытие (в нашем случае $\lambda = 5$).

Значит, вероятность того, что на нуклеотид не попадёт **ни одного** чтения, равна $P(0) = \exp(-\lambda)$. При $\lambda = 5$ эта вероятность равна $1/\exp(5) \approx 1/148$.

Сборка на геном

Пусть длина чтения 100, размер генома 1 млн п.н. и мы получили 50 000 чтений. Значит, среднее покрытие = 5. Хватит ли этого, чтобы собрать весь геном?

Ответ: вряд ли. Чтения ложатся случайно, примерно каждый 150-ый нуклеотид ими не покроеется. То есть почти наверняка более 6 000 нуклеотидов не будет покрыто, и при самой идеальной сборке получится не целый геном, а много кусков, разделённых непокрытыми участками.

При таком размере генома нужно не менее чем 15-кратное среднее покрытие, чтобы можно было рассчитывать собрать геном полностью!

Ещё проблема – повторы. Не всегда чтение однозначно «ложится» на геном.

Третья проблема – время (при большом покрытии большого генома)

Сборка на геном

Главная проблема, решаемая разработчиками алгоритмов – время.
Два основных подхода: хэш-таблицы и суффиксные деревья.

Имеется несколько десятков программ, часть из них платные, часть – свободно распространяемые.

Это вы уже знаете :)

Сборка *de novo*

Есть два основных типа алгоритмов сборки:

- OLC = overlap-layout-consensus
- de Bruijn graph

Алгоритмы OLC работают непосредственно с прочтениями.

Алгоритмы, использующие граф де Брёйна, сначала составляют список k -меров (слов длины k , например $k = 31$), встретившихся в прочтениях.

Недостатки:

теряется часть информации

Достоинства:

сильно экономится память (большинство k -меров встречается во многих ридсах)

упрощается работа с повторяющимися участками

есть возможность отсеивать ошибки уже на начальной стадии

Алгоритмы сборки OLC

Программы: Phrap, Cap3, Tigr, ...

Read1 - TTTGGTGCTCTTCGAAAAGGGATCTTCGAGAGAGATCTCGCGATAAGGTTG

Read2 - GAGAGAGATCTCGCGATAAGGTTGAAGTAGAAAAATGTGTGTGGTGAA

overlap

TTTGGTGCTCTTCGAAAAGGGATCTTC**GAGAGAGATCTCGCGATAAGGTTG**

GAGAGAGATCTCGCGATAAGGTTGAAGTAGAAAAATGTGTGTGGTGAA

<http://www.homolog.us/Tutorials/Tut-Img/Set1/fig2.png>

Проблема повторов



Read1



Read2



Assembly



<http://www.homolog.us/Tutorials/Tut-Img/Set1/fig3.png>

Графы де Брёйна

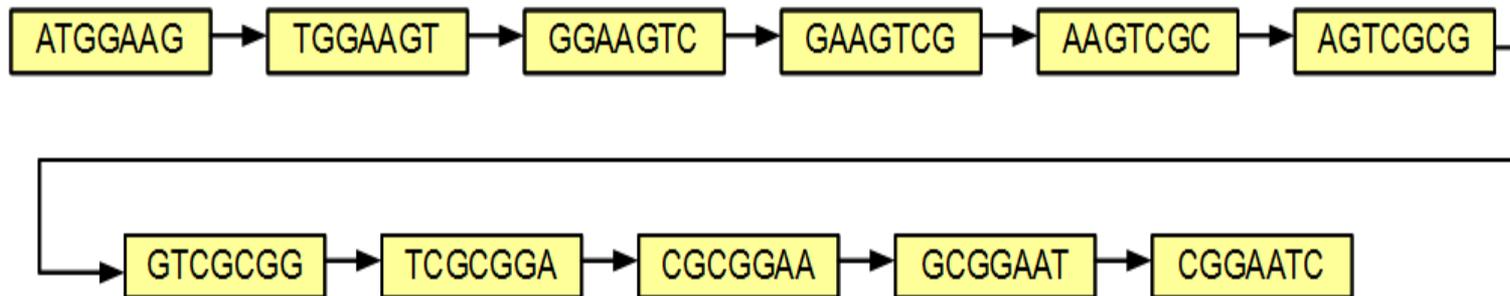
sequence

ATGGAAGTCGCGGAATC

7mers

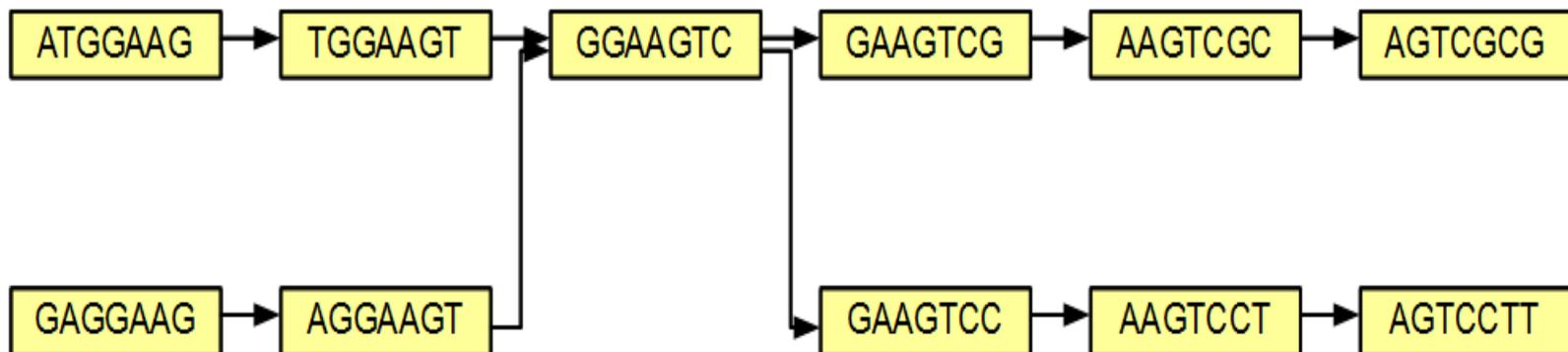
ATGGAAG
TGGAAGT
GGAAGTC
GAAGTCG
AAGTCGC
AGTCGCG
GTCGCGG
TCGCGGA
CGCGGAA
GCGGAAT
CGGAATC

de Bruijn graph



Графы де Брёйна

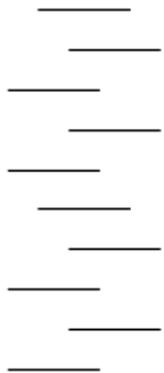
ATGGAAGTCGCG
GAGGAAGTCCTT



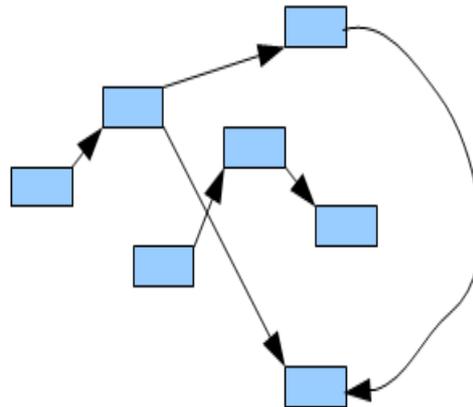
Графы де Брёйна

Десятки программ: SPAdes, Velvet, ABySS, Trinity, Oases, SOAPdenovo, ...

NGS library



de Bruijn Graph



Genome



<http://www.homolog.us/Tutorials/index.php?p=1.4&s=1>

Pair-end reads и mate pair reads

Технология Illumina предполагает чтение заданного числа (например, 100) нуклеотидов с двух концов случайного фрагмента генома небольшой (200–600 п.н.) длины.

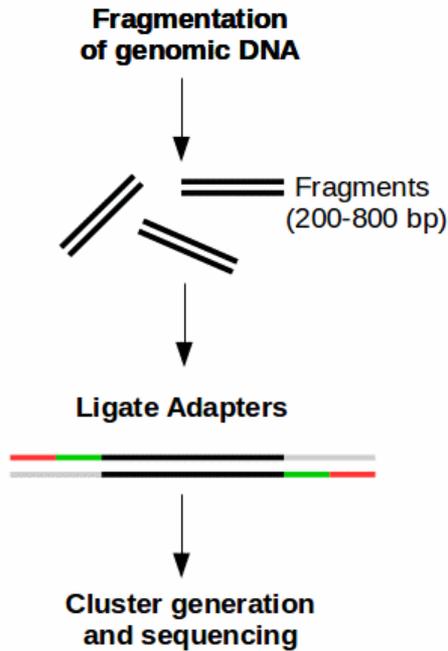
В выходном файле последовательности концов одного и того же фрагмента тем или иным способом ссылаются друг на друга. Это и есть парноконцевые чтения (pair-end reads).

Имеется особый способ приготовления библиотеки для секвенирования, при котором концы секвенируемых фрагментов в геноме удалены друг от друга на большее расстояние (2–5 тысяч п.н.).

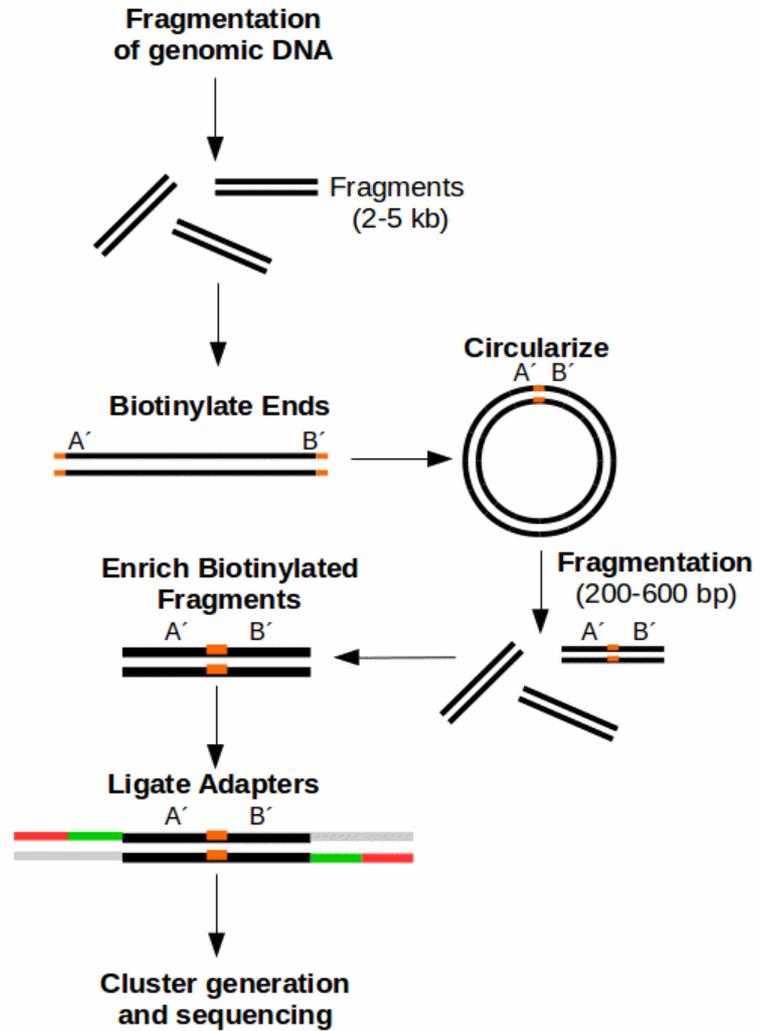
При таком способе секвенирования парноконцевые чтения называются «встречноконцевыми» (mate pair reads).

Большинство программ сборки тем или иным способом учитывают «парность» прочтений.

Paired-End Sequencing (Short-insert paired-end reads)



Mate Pair Sequencing



Результат сборки

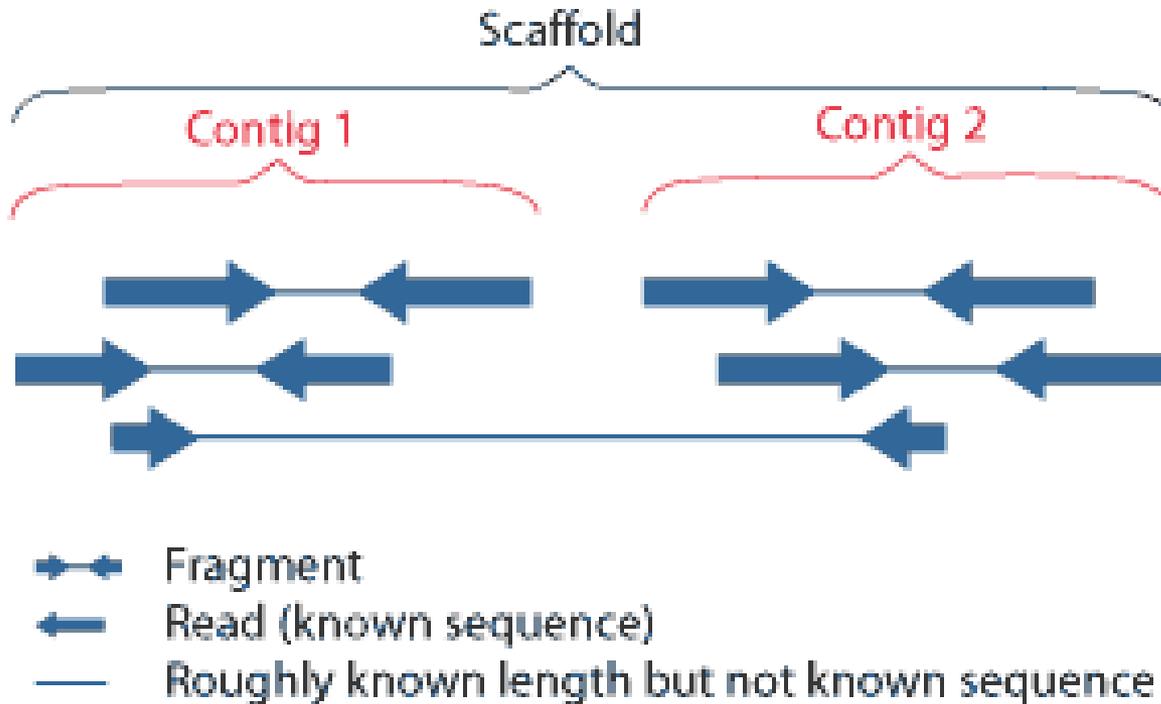
Результат – так называемые «контиги», то есть непрерывные участки генома.

Для прокариот часто удаётся собрать весь геном (но редко «полностью автоматически» – обычно нужны дополнительные усилия, например секвенирование плохо покрытых участков по Сэнгеру).

Для эукариот, как правило, «геномом» объявляется свалка контигов, тем или иным способом приписанных к известным хромосомам.

Кроме контигов, бывают ещё «скаффолды» – последовательность контигов, между которыми остаются неизвестные участки (источник такой информации – парноконцевые чтения).

Контиги и скаффолды



[https://en.wikipedia.org/wiki/Scaffolding_\(bioinformatics\)#/media/File:PET_contig_scaffold.png](https://en.wikipedia.org/wiki/Scaffolding_(bioinformatics)#/media/File:PET_contig_scaffold.png)

Результат сборки

Например, одна из последних версий генома человека (GRCh38.p13) состоит из 472 скаффолдов, генома домашней мыши (GRCm39) – из 102 скаффолдов, а генома лошади (EquCab3.0) – из 4701 скаффолдов.

Контигов больше: для человеческого генома их 998, для мышиного 306, для лошадиного 10987.

Показатели качества сборки

Самый популярный – N50.

Это наибольшее число такое, что контигами длины $> N50$ покрыто 50% генома.

При этом чаще всего за длину генома принимают суммарную длину контигов.

Используется также N90 (аналогично – наименьшая длина контига из минимального набора, покрывающего 90% генома).

Есть ещё показатели L50 и L90 (минимальное **число** контигов, покрывающих, соответственно, 50% и 90% генома).

То есть минимальный набор, покрывающий 50% генома, состоит из L50 контигов, чья длина $\geq N50$

Показатели качества сборки

Например, для последних сборок человеческого, мышиноного и лошадиного геномов показатели такие:

Геном	Scaffold N50 (bp)	Contig N50 (bp)
<i>Homo sapiens</i>	67 794 873	57 879 411
<i>Mus musculus</i>	106 145 001	59 462 871
<i>Equus caballus</i>	87 230 776	1 502 753