Porównywanie sekwencji

Homologia, podobieństwo i analogia

Homologi

- **Ortologi** – homologiczne geny, których rozdzielenie nastąpiło na skutek specjacji, czyli rozdzielenia gatunków, lub rzadziej horyzontalnego transferu genu. Geny ortologiczne mają zwykle taką samą, albo zbliżoną funkcję.
- **Paralogi –** geny pochodzące od wspólnego przodka, rozdzielone w wyniku duplikacji genu. Paralogi mają często różne funkcje w organizmie. Przykładem mogą być mioglobina i hemoglobina u człowieka.

dopasowanie sekwencji

- **Dopasowanie/porównywanie**
- **Uliniowienie**
- **Alignment**

W bioinformatyce, dopasowanie sekwencji jest sposobem dopasowania struktur pierwszorzędowych DNA, RNA, lub białek do zidentyfikowania regionów wykazujących podobieństwo, mogące być konsekwencją funkcjonalnych, strukturalnych, lub ewolucyjnych powiązań pomiędzy sekwencjami. Zestawione sekwencje nukleotydów lub aminokwasów są zazwyczaj przedstawione jako wiersze macierzy. Pomiędzy reszty wprowadzane są przerwy, tak że reszty zbliżonych do siebie sekwencji tworzą kolejne kolumny.

Jeśli dwie dopasowywane sekwencje mają wspólne pochodzenie, niedopasowania mogą być interpretowane jako mutacje punktowe, a przerwy jako indele (mutacje polegające na delecji lub insercji), które zaszły w jednej lub obu liniach od czasu, kiedy obie sekwencje uległy rozdzieleniu. W przypadku dopasowywania sekwencji białek, stopień podobieństwa pomiędzy aminokwasami zajmującymi konkretną pozycję, może stanowić zgrubną miarę tego, jak konserwatywny jest dany region lub motyw . Brak substytucji lub obecność jedynie konserwatywnych substytucji (tj. zamiany reszty na inną, ale o podobnych właściwościach chemicznych) w określonym regionie sekwencji sugeruje, że jest on ważny strukturalnie lub funkcjonalnie. Dopasowywanie sekwencji może być także stosowane dla sekwencji pochodzenia poza biologicznego, np. danych finansowych lub sekwencji występujących w językach naturalnych.

Masur i inni, Dopasowanie sekwencji, Wikipedia 11.2009

alignment

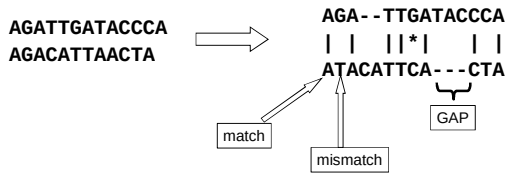
```
AAB24882        TYHMCQFHCRYVNNHSGEKLYECNERSKAFSCPSHLQCHKRRQIGEKTHEHNQCGKAFPT 60
AAB24881        --------------------YECNQCGKAFAQHSSLKCHYRTHIGEKPYECNQCGKAFSK 40
                                     ****: .***:  * *:** * :****.:* *******..

AAB24882        PSHLQYHERTHTGEKPYECHQCGQAFKKCSLLQRHKRTHTGEKPYE-CNQCGKAFAQ- 116
AAB24881        HSHLQCHKRTHTGEKPYECNQCGKAFSQHGLLQRHKRTHTGEKPYMNVINMVKPLHNS 98
                 **** *:***********:***:**.: .***************    :  *.: :
```


alignment

Ułożenie dwóch lub więcej sekwencji biopolimerów (DNA, RNA lub białka) w celu zidentyfikowania regionów podobieństwa istotnego ze względów ewolucyjnych, strukturalnych lub funkcjonalnych (procedura oraz jej efekt).

- dwie sekwencje - pairwise alignment
- wiele sekwencji - multiple sequence alignment



Znaczenie dopasowania

Podobieństwo porównywanych sekwencji (*similarity*) może świadczyć o:

- podobnej strukturze białek
- podobnej funkcji sekwencji
- wspólnej historii ewolucyjnej sekwencji

Podobieństwo porównywanych sekwencji (*similarity*) może wynikać z:

- **homologii** - pochodzeniu sekwencji (homologicznych) od wspólnego przodka; sekwencje mogą, ale nie muszą pełnić te same funkcje
- **konwergencji** - podobne motywy, które wyewoluowały w obu sekwencjach (analogicznych) niezależnie; np. chymotrypsyna i subtylizyna - różna struktura 3D, ale podobne centrum aktywne (histydyna, seryna, kwas asparaginowy)

{... Problem rozróżnienia odległej homologii od analogii }

Skąd te różnice

różnice między sekwencjami świadczą o mutacjach, które zaszły po rozdzieleniu się sekwencji od wspólnego przodka

```
AGA--TTGATACCCA
|||  ||  |   | |
AGACATTAA---CTA
```

AGA--TTGATACCCA

Insercja +TAC
Delecja -CA

AGACATTAA---CTA

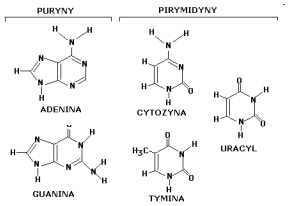
G->A C->T
substytucje

TAC

AGACATTGACCA

Substytucje nukleotydowe

- **Tranzycja** - okres przejściowy między systemem politycznym, który był, a tym który nastąpi. Proces ten jest krótszy i łatwiejszy od konsolidacji systemu politycznego. Tranzycja kończy się gdy pojawiają się ogólne ramy funkcjonowania nowego systemu. Przykładem są wszystkie państwa byłego bloku wschodniego, w tym Polska. *(Czy o to chodzi?)*
- **Transwersja** - mutacja genowa, punktowa zmiana chemiczna w obrębie nici DNA, w której zasada purynowa ulega zamianie na pirymidynową lub odwrotnie. Mutacja taka może nie spowodować żadnej zmiany lub zmianę kodu genetyczego (UUU -> UUA) albo też skróconą syntezę białka (UCG -> UCA).



Zastosowanie alignmentu

- poszukiwaniu oraz określaniu funkcji i struktury (białek) dla „nowych” sekwencji (nieznanych nam do tej pory)
- określaniu powiązań filogenetycznych między sekwencjami - homologii między sekwencjami oraz w analizach ewolucyjnych

Metody dopasowania

dopasowanie par sekwencji *(pairwise alignment)*

- **Macierz punktowe** - dot matrix, dotplot
- **Programowanie dynamiczne (DP)**
- **Metody słów (k - tuple methods)** - szybkie metody stosowane przy przeszukiwaniu baz danych sekwencji z wykorzystaniem programów FASTA i BLAST

- **dopasowanie wielu sekwencji *(multiple alignment)***

Etapy dopasowywania sekwencji

```
1 zestawienie (0 identycznych, 0% podobieństwa)

X = długość sekwencji (30)
MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
                              MHVSIVLATVLFVAIASAS
                               y = długość sekwencji (20)
```

```
2 zestawienie (0 identycznych, 0% podobieństwa)

MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
                               MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

```
3 zestawienie (1 identyczna, 33% podobieństwa)

MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
                              MHVSIVLATVLFVAIASAS
```



```
4 zestawienie (0 identycznych, 0% podobieństwa)

MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
                               MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

```
5 zestawienie (0 identycznych, 0% podobieństwa)

MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
                              MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

```
6 zestawienie (2 identyczne, 33% podobieństwa)

MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
                             MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

```
7 zestawienie (0 identycznych, 0% podobieństwa)

MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
                            MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

X-2 zestawienie (3 identyczne, 15% podobieństwa)

```
MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
  MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

x zestawienie (19 identycznych, 95% podobieństwa)

```
MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

X+1 zestawienie (1 identyczna, 5,26% podobieństwa)

```
 MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

X+2 zestawienie (3 identyczne, 16,67% podobieństwa)

```
   MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
MHVSIVLATVLFVAIASAS
```


X+Y-4 zestawienie (1 identycznych, 25% podobieństwa)

```
                MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

X+Y-3 zestawienie (1 identycznych, 33,3% podobieństwa)

```
                 MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

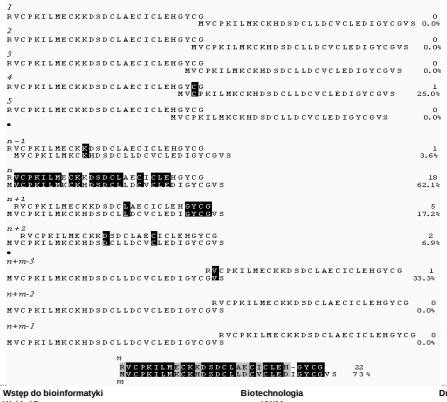
X+Y-2 zestawienie (0 identyczne, 0% podobieństwa)

```
                  MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
MHVSIVLATVLFVAIASAS
```

X+Y-1 zestawienie (0 identycznych, 0% podobieństwa)

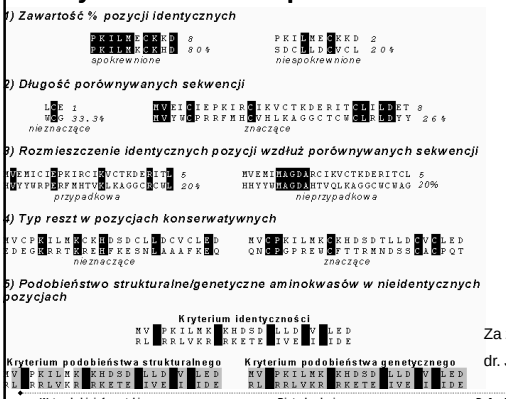
```
                   MHSSIVLATVLFVAIASASKTRELCMKSLV
MHVSIVLATVLFVAIASAS
```


Etapy dopasowywania sekwencji



Za zgodą dr. Jacka Leluka

Kryteria szacowania podobieństwa sekwencji



Za zgodą dr. Jacka Leluka

Kryteria szacowania podobieństwa sekwencji

- Procent identyczności (względny udział odpowiadających sobie pozycji obsadzonych tymi samymi resztami)
- Długość porównywanych sekwencji (liczba porównywanych pozycji)
- Rozmieszczenie identycznych pozycji wzdłuż porównywanych sekwencji
- Typ reszt okupujących pozycje konserwatywne (sekwencje białkowe)
- Relacje genetyczne/strukturalne między resztami znajdującymi się w odpowiadających sobie nieidentycznych pozycjach (sekwencje białkowe)

Procedura oszacowania stopnia podobieństwa porównywanych sekwencji

Bardzo często oszacowanie stopnia podobieństwa porównywanych sekwencji sprowadzane jest jedynie do określenia względnego udziału pozycji identycznych. Pozostałe kryteria analizy zazwyczaj nie są w ogóle brane pod uwagę (np. bezwzględna długość sekwencji, dystrybucja identycznych pozycji wzdłuż łańcucha). Podejście takie jest niekompletne i stwarza ryzyko błędnej interpretacji otrzymanych wyników.

Przedstawiona niżej metoda oparta jest na prawdopodobieństwie przypadkowego pojawienia się zadeklarowanego stopnia identyczności. Uwzględnia ona podstawowe parametry mające znaczenie dla opisu faktycznego związku między porównywanymi sekwencjami.

Liczbę wszystkich możliwych stopni identyczności dla danych dwóch sekwencji opisuje poniższe równanie:

$$T = x^{2n} = \sum_{a=0}^{n} \binom{n}{a} x^a \left(x(x-1)\right)^{n-a}$$

Gdzie:

x – ilość rodzajów jednostek występujących w sekwencjach (20 dla białek; 4 dla kwasów nukleinowych)

n – długość sekwencji (liczba porównywanych par pozycji)

a – ilość pozycji identycznych

Local vs. Global

Global alignment – znajduje najlepsz
dopasowanie dla **CAŁYCH**
dwóch sekwencji
(Needleman-Wunsch algorithm)

```
ADLGAVFALCDRYFQ
||||      |||| |
ADLGRTQN-CDRYYQ
```

Global alignment: forces alignment in regions which differ

Local alignment – poszukuje podobn
regionów we **FRAGMENTACH**
sekwencji
(Smith-Waterman algorithm)

```
ADLG    CDRYFQ
||||    |||| |
ADLG    CDRYYQ
```

Local alignment will return only **regions** of good alignment

Global - local

Globalne dopasowanie dla pary $S_1, S_2 \in \mathfrak{S}^\star$
to każda taka para $(S_1^Y, S_2^Y) \in (\mathfrak{S} \cup \text{'}-\text{'})^\star \times (\mathfrak{S} \cup \text{'}-\text{'})^\star$,
która spełnia warunki:

- S_1 otrzymuje się z S_1^Y przez usunięcie wszystkich '$-$',
- $|S_1^Y| = |S_2^Y|$,
- $\forall i \in 1 \ldots |S_1^Y| : (S_A^Y(i) = \text{'}-\text{'}) \Rightarrow S_B^Y(i) \neq \text{'}-\text{'}$

Lokalne dopasowanie sekwencji S_1, S_2 to każde globalne uliniowienie dla pewnych podciągów $s_1 \in S_1^\star, s_2 \in S_2^\star$.

Pairwise alignment

```
AAGCTGAATTCGAA
AGGCTCATTTCTGA
```

Tylko jeden możliwy alignment

```
AAGCTGAATT-C-GAA
AGGCT-CATTTCTGA-
```

This alignment includes:
2 mismatches
4 indels (gap)
10 perfect matches

Kilka możliwych rozwiązań:

```
AAGCTGAATTCGAA
AGGCTCATTTCTGA
```

```
A-AGCTGAATTC--GAA
AG-GCTCA-TTTCTGA-
```

```
AAGCTGAATT-C-GAA
AGGCT-CATTTCTGA-
```

Który alignment jest lepszy?

scoring system:

- Perfect match: +1
- Mismatch: -2
- Indel (gap): -1 *(kara za przerwy)*

```
AAGCTGAATT-C-GAA
AGGCT-CATTTCTGA-
```

Score: = (+1)x10 + (-2)x2 + (-1)x4 = 2

```
A-AGCTGAATTC--GAA
AG-GCTCA-TTTCTGA-
```

Score: = (+1)x9 + (-2)x2 + (-1)x6 = -1

Wyższy score → Lepszy alignment

Zadanie 1

- Jaki jest **score** tego alignmentu??

dopasowanie:	+1
niedopasowanie:	-1
przerwa:	-2

```
---bardzo---lubiebioinformatyke
   ||||||   ||||*|||||||||||||*
niebardzonielubiębioinformatyki
```

Kara za przerwy (gap costs)

Kara za otwarcie przerwy – G
Kara za przedłużenie przerwy – L

Kara = G + Ln

gdzie:
n – długość przerwy

Standardowo:
G = 10 - 15
L = 1 - 2

Zadanie 2

Kara za otwarcie przerwy – G
Kara za przedłużenie przerwy – L

Kara = G + Ln
gdzie:
n – długość przerwy

Standardowo dla aa:
G = 10 - 15
L = 1 - 2

```
-GAGCTGAA-----GAA
AGAGCTCAATTTCTGA-
```

G = 10
L = 1

Kara = (10 + 5*1),
czy
Kara = (10 + 1*1) + (10 + 5*1) + (10 + 1*1)

Zadanie 3

Wiemy, że w toku ewolucji z danej sekwencji wyskoczyła jedna cała stosunkowo duża domena. Jakie wartości G i L dla kary za przerwy należy ustawić?

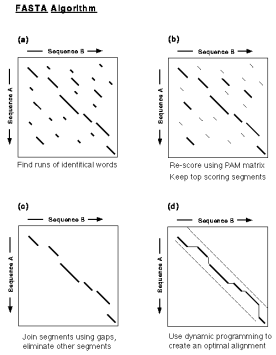
```
nielubiebardzo------bioinformatyki
   ||||||||||      |||||||||||||*
---lubiebardzobardzobioinformatyke
```

Metody dopasowania

dopasowanie par sekwencji *(pairwise alignment)*

1. **Metody słów (k - tuple methods)** - szybkie metody stosowane przy przeszukiwaniu baz danych sekwencji z wykorzystaniem programów FASTA i BLAST
2. **Macierz punktowe** - dot matrix, dotplot
3. **Programowanie dynamiczne (DP)**

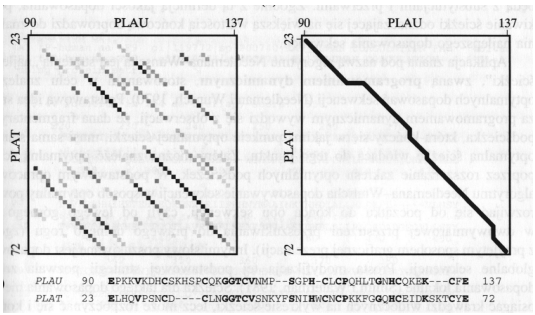
1. „słowa” - FASTA



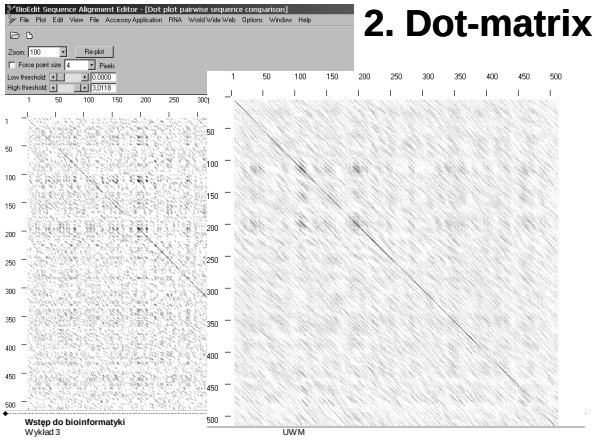
1. „słowa” - BLAST vs. FASTA

BLAST	FASTA
może podawać więcej niż jeden region o wysokiej punktacji	podaje tylko jedno najlepsze dopasowanie
lepszy dla sekwencji białek niż DNA	lepszy dla sekwencji DNA niż białek
szybszy niż FASTA	wolniejszy niż BLAST
mniej czuły niż FASTA przy użyciu domyślnych ustawień	bardziej czuły niż BLAST
daje gorsze rozróżnienie między prawdziwymi i fałszywymi homologami	daje lepsze rozróżnienie między prawdziwymi i fałszywymi homologami

2. Macierze punktowe

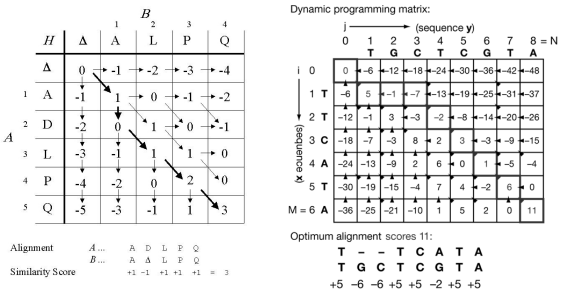


2. Dot-matrix

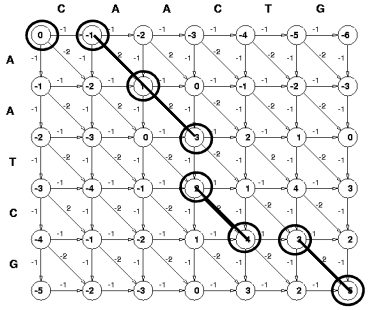


3. Programowanie dynamiczne

opiera się na podziale rozwiązywanego problemu na podproblemy względem kilku parametrów.



3. Programowanie dynamiczne



Scoring matrix

- Reprezentuje system punktowania jako tabela lub macierz $n \times n$ (n jest liczbą liter, które zawiera alfabet. n=4 dla DNA, n=20 dla białek)
- Macierz punktowania jest symetryczna

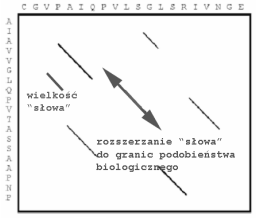
	A	G	C	T
A	**2**			
G	**-6**	**2**		
C	**-6**	**-6**	**2**	
T	**-6**	**-6**	**-6**	**2**

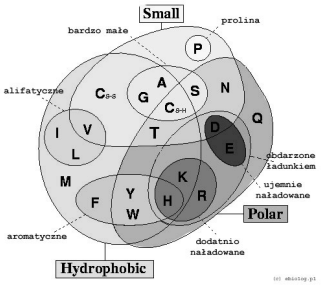
Mismatch

Match

Podobieństwa biochemiczne i biofizyczne aminokwasów

Diagram Venn-a





Macierze substytucji (podstawień)

- Jak za pomocą liczby określić podobieństwa biochemiczne i biofizyczne poszczególnych aminokwasów tak, aby liczba ta wyrażała jednocześnie realny wpływ na całe białko podstawienia danego aminokwasu w łańcuchu polipeptydowym i była uniwersalna dla wszystkich sekwencji?

- Przede wszystkim należy bazować na danych empirycznych
- Należy stworzyć alignment bardzo wielu blisko spokrewnionych sekwencji – na tyle podobnych, aby bez wątpliwości można było jednoznacznie i precyzyjnie określić częstotliwość substytucji poszczególnych aminokwasów w konkretnych pozycjach.

W kolumnie 4 E i D występują z częstotliwością w 4/8

```
M G Y D E
M G Y D E
M G Y E E
M G Y D E
M G Y E E
M G Y D E
M A Y E E
M A Y E E
```


PAM Matrix – Point/Percent Accepted Mutations

n**PAM** (*n Percent Accepted Mutations*)

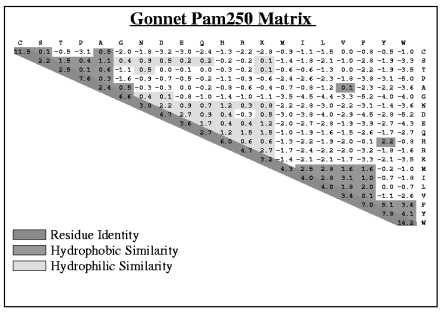
S_1, S_2 różnią się o jednostkę n PAM, jeśli S_2 można otrzymać z S_1 w ciągu akceptowalnych mutacji punktowych takich, że średnia liczba nieletalnych mutacji na 100 wynosi n. Najpopularniejsza jest 250PAM.

- Based on a database of 1,572 changes in 71 groups of closely related proteins (85% identity)
  - Alignment was easy

PAM Matrices

- Family of matrices PAM 80, PAM 120, PAM 250
- The number on the PAM matrix represents evolutionary distance
- Larger numbers are for larger distances

PAM



PAM - limitations

- Only one original dataset - PAM 1
- Examining proteins with few differences (85% identity)
- Bazuje głównie na małych białkach globularnych więc macierz jest nieco stronnicza

BLOSUM

- Henikoff i Henikoff (1992) stworzyli zestaw matryc bazujących na większej ilości danych empirycznych

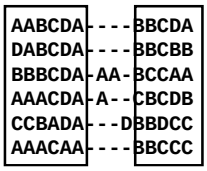
  BLOSSUMn (*Block Substitution Matrix* n)

  Oparta na bazie białek BLOCKS, gdzie są one podzielone na grupy tak, że dwa białka są zaliczane do jednej, jeśli można przejść od jednego do drugiego używając białek pośrednich tak, że dwa każde kolejne białka w tym przejściu maja skład identyczny w co najmniej $n\%$.
  Popularne są BLOSUM 50, BLOSUM 62.

- BLOSUM observes significantly more replacements than PAM, even for infrequent pairs

BLOSUM: Blocks Substitution Matrix

- Based on BLOCKS database
  - ~2000 blocks from 500 families of related proteins
  - Families of proteins with identical function



- Blocks are short conserved patterns of 3-60 aa long without gaps

BLOSUM

- Each block represent sequences alignment with different identity percentage
- For each block the amino-acid substitution rates were calculated to create BLOSUM matrix

BLOSUM Matrices

- BLOSUM*n* is based on sequences that shared at least *n* percent identity
- BLOSUM62 represents closer sequences than BLOSUM45

BLOSUM (62)

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

BLOSUM / PAM

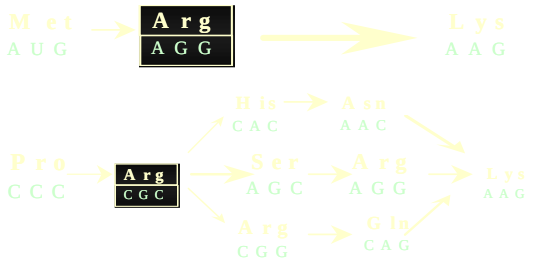
BLOSUM	PAM
Wszystkie macierze na podstawie danych empirycznych	Tylko PAM1 na podstawie danych empirycznych, pozostałe macierze z interpolacji
Opracowywane na podstawie sekwencji o dalszym pokrewieństwie	Opracowane na podstawie bardzo blisko spokrewnionych sekwencji
Podobieństwo sekwencji rośnie wraz ze wzrostem indeksu	Podobieństwo sekwencji maleje wraz ze wzrostem indeksu
Bezpośrednie podobieństwo sekwencji tu i teraz	Poniekąd reprezentuje dystans ewolucyjny (model ewolucyjny akceptowanych mutacji punktowych)
Macierz symetryczna (im wyższa wartość tym łatwiejsza substytucja)	Macierz symetryczna (im wyższa wartość tym łatwiejsza substytucja)
Nie uwzględnia bezpośrednio ani właściwości fizykochemicznych aminokwasów, ani podobieństwa genetycznego (podobieństwa kodonów)	Nie uwzględnia bezpośrednio ani właściwości fizykochemicznych aminokwasów, ani podobieństwa genetycznego (podobieństwa kodonów)

PAM vs. BLOSUM

PAM100 ~ BLOSUM90
PAM120 ~ BLOSUM80
PAM160 ~ BLOSUM60
PAM200 ~ BLOSUM52
PAM250 ~ BLOSUM45

Sekwencje bardziej odległe

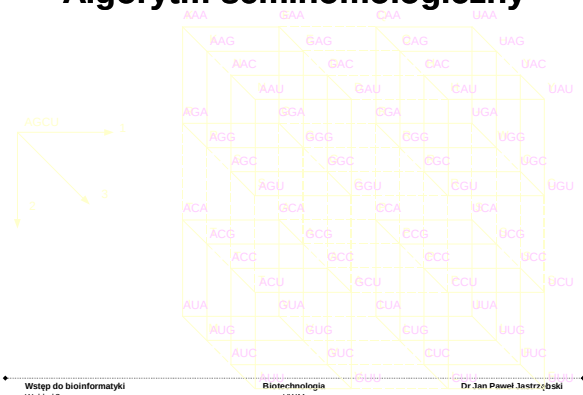
Uwarunkowania genetyczne substytucji aminokwasowych



Podstawy genetyczne algorytmów do zestawień aminokwasów?

Replacement	PAM250	BLOSUM62
Arg/Lys	3	2
Lys/Gln	1	1
Arg/Gln	1	1
Lys/Glu	0	1
Arg/Glu	-1	0

Algorytm semihomologiczny



Dot matrix pairwise alignment

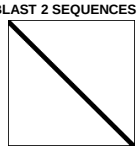
Internal homology (gene multiplication)

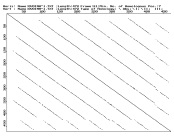
BLAST 2 SEQUENCES

SEMIHOM

Chicken ovoinhibitor precursor

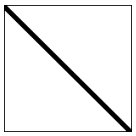
(7 domains)

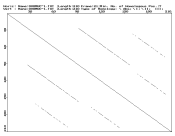




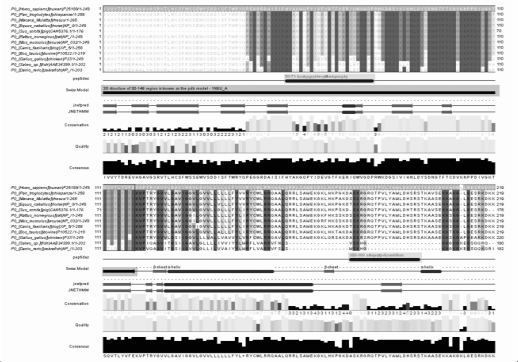
Chicken ovomucoid precursor

(3 domains)





Multiple alignment




```
VTISCTGSSSNIGAG-NHVKWYQQLPG
VTISCTGTSSNIGS--ITVNWYQQLPG
LRLSCSSSGFIFSS--YAMYWVRQAPG
LSLTCTVSGTSFDD--YYSTWVRQPPG
PEVTCVVVDVSHEDPQVKFNWYVDG--
ATLVCLISDFYPGA--VTVAWKADS--
AALGCLVKDYFPEP--VTVSWNSG---
VSLTCLVKGFYPSD--IAVEWWSNG--
```

Tak jak pairwise alignment ALE zestawienie *n* sekwencji zamiast *2*

W rzędach ustawione są poszczególne sekwencje
W kolumnach ustawia się „te same”/”odpowiadające sobie” pozycje (pozycje konserwatywne); grupy pozycji konserwatywnych tworzą bloki konserwatywne (w blokach dozwolone są mutacje – insercje, delecje, substytucje – reprezentowane jako przerwy lub różne pozycje w kolumnach)

MSA & Evolution

MSA może dawać obraz sił kształtujących ewolucję !!!

- Ważne aminokwasy lub nukleotydy (pozycje w sekwencjach) mutują „niechętnie”
- Mniej ważne pozycje dla struktury i funkcji mogą wykazywać większą zmienność w kolumnach porównywanych sekwencji

Pozycje konserwatywne

- Kolumny, gdzie wszystkie sekwencje zawierają takie same aminokwasy lub nukleotydy (lub w większości takie same – pozycje konserwatywne) są bardzo ważne (kluczowe) dla funkcji lub struktury.

```
VTIS CTGS SSNIGAG-NHVK WYQQ LP G
VTIS CTGS SSNIGS--ITVN WYQQ LP G
LRLS CTGS GFIFSS--YAMY WYQQ AP G
LSLT CTGS GTSFDD-QYYST WYQQ PP G
```


Sekwencja konsensusowa

- W **sekwencji konsensusowej** zachowane są pozycje o największej częstotliwości występowania w każdej z kolumn alignmentu (The consensus sequence holds the most frequent character of the alignment at each column)
- Jest to sposób reprezentowania wyników multiple alignment, gdzie pokrewne sekwencje są porównywane każda do każdej, aby odnaleźć funkcjonalnie podobne motywy sekwencji (domeny białek). Sekwencja konsensusowa obrazuje które pozycje są konserwatywne, a które zmienne.

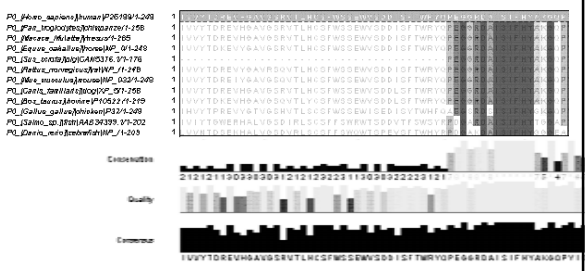
A	T	C	T	T	G	T
A	A	C	T	T	G	T
A	A	C	T	T	C	T
*	:	*	*	*	:	*

⇨

A	A	C	T	T	G	T

Sekwencja konsensusowa

…****** …. ********. ..
… …. ….……



Alignment methods

- Progressive alignment (Clustal)
- Iterative alignment (mafft, muscle)

- All methods today are an approximation strategy (**heuristic algorithm**), yield a possible alignment, but not necessarily the best one

Praca domowa

- **<u>iteracja</u>** (np. pętle w programowaniu)

- **<u>heurestyka</u>** (głównie w informatyce)

- **<u>Alignment progresywny</u>**

Jak wyświetlić na ekranie liczby od 1 do 5000 za pomocą 2 linijek kodu?

```
<?php
  for( $x = 1; $x = 5000; $x++ )
  echo $x. "<br /> ;
?>
```

```
dla (zmiennej x początkowo równej 1; aż do momentu kiedy
      zmienna x osiągnie wartość równą 5000; z każdym
      krokiem powiększając wartość zmiennej x o +1)
wyświetl wartość zmiennej i przejdź do nowej linijki;
```

Iteracja (łac. iteratio 'powtórzenie') to czynność powtarzania (najczęściej wielokrotnego) tej samej instrukcji (albo wielu instrukcji) w pętli. Mianem iteracji określa się także operacje wykonywane wewnątrz takiej pętli.

Progressive alignment

First step:

A
B
C
D

Compute the pairwise alignments for all against all (6 pairwise alignments) the similarities are stored in a table

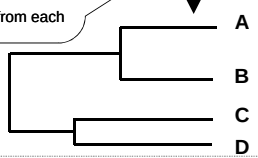
	A	B	C	D
A				
B	11			
C	3	1		
D	2	2	10	

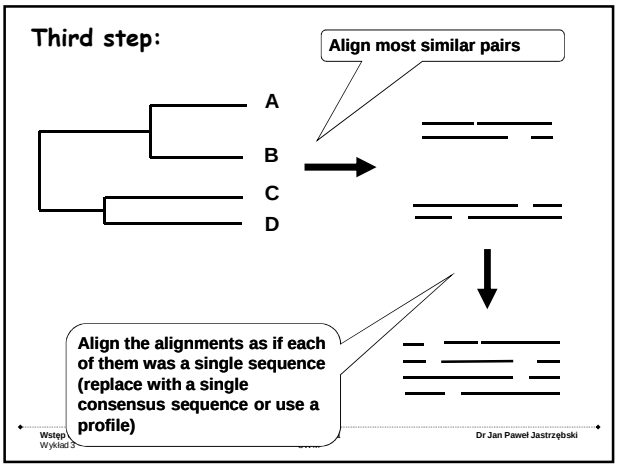
Second step:

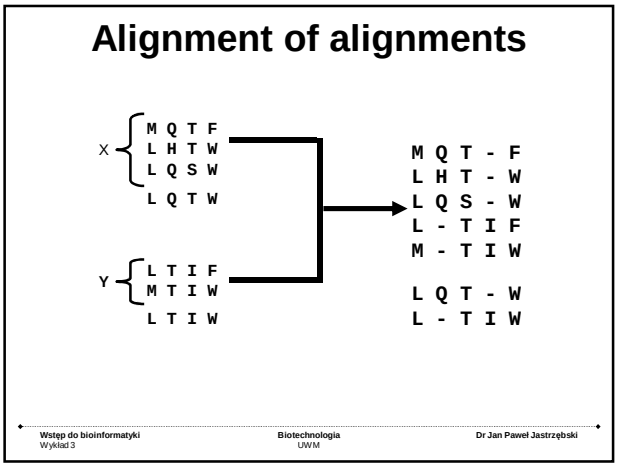
	A	B	C	D
A				
B	11			
C	3	1		
D	2	2	10	

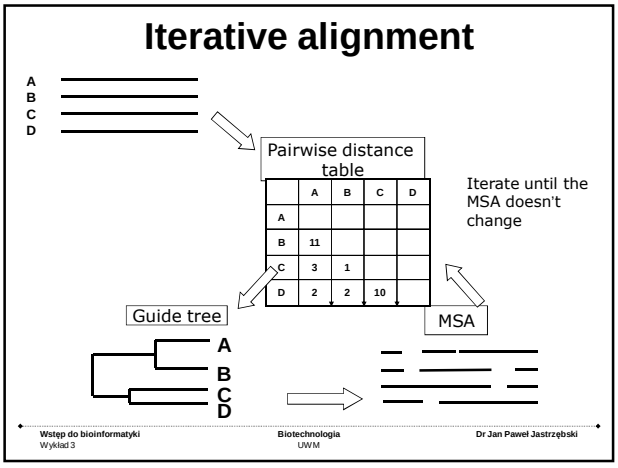
The guide tree is imprecise and is NOT the tree which truly describes the relationship between the sequences!

sequences are to be aligned
•similar sequences are neighbors in the tree
•distant sequences are distant from each other in the tree




Third step:
Align most similar pairs
A
B
C
D
Align the alignments as if each of them was a single sequence (replace with a single consensus sequence or use a profile)
Dr Jan Paweł Jastrzębski


Alignment of alignments
X
M Q T F
L H T W
L Q S W
L Q T W
Y
L T I F
M T I W
L T I W
M Q T - F
L H T - W
L Q S - W
L - T I F
M - T I W
L Q T - W
L - T I W
Wstęp do bioinformatyki
Wykład 3
Biotechnologia
UWM
Dr Jan Paweł Jastrzębski


Iterative alignment
A
B
C
D
Pairwise distance table
A B C D
A
B 11
C 3 1
D 2 2 10
Iterate until the MSA doesn't change
Guide tree
MSA
A
B
C
D
Wstęp do bioinformatyki
Wykład 3
Biotechnologia
UWM
Dr Jan Paweł Jastrzębski

Searching for remote homologs

- Sometimes BLAST isn't enough.
- Large protein family, and BLAST only gives close members. We want more distant members
- PSI-BLAST
- Profile HMMs

Profile

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

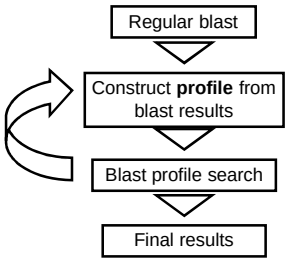
	1	2	3	4	5	6
A	1	0.67	0	0	.	.
T	0	0.33	1	1	.	.
C	0	0	0	0	.	.
G	0	0	0	0	.	.

Profile =

PSSM – Position Specific Score Matrix

PSI-BLAST

- **P**osition **S**pecific **I**terated BLAST



PSI-BLAST

- zalety: PSI-BLAST looks for seq.s that are close to ours, and learns from them to extend the circle of friends
- wady: if we found a WRONG sequence, we will get to unrelated sequences (contamination). This gets worse and worse each iteration

Profile HMM

- Similar to PSI-BLAST: also uses a profile
- Takes into account:
  - Dependence among sites (if site *n* is conserved, it is likely that site *n+1* is conserved → part of a domain
  - The probability of a certain column in an alignment

PSI BLAST vs profile HMM

PSI BLAST	Profile HMM
Less exact Faster	More exact Slower