



Universidade de São Paulo
Instituto de Química



Busca de motivos em sequências

João Carlos Setubal

IQ-USP

2016

Cadeias exatas

- Podem ser encontradas com o mecanismo de busca de qualquer editor de textos
- Que algoritmo é executado?
- O mais simples (e que é muito caro) é
- $t = \text{texto } (|t| = m)$; $s = \text{consulta } (|s| = m)$

```
for  $i \leftarrow 1$  to  $m - n + 1$  do  
    if  $s = t[i..i + n - 1]$  then  
        return query found at position  $i$ 
```

Custa $O(mn)$

Algoritmos mais eficientes

- Knuth-Morris-Pratt [1977]
- Boyer-Moore [1977]
- Tempo linear no tamanho do texto: $O(m)$

Probabilidade de encontrar cadeias exatas em genomas

- Versão básica do que é necessário saber para entender e-values
- Dado um genoma G de 5 Mbp, qual é a probabilidade de acharmos cadeia s nele?
- $p(s = A) = 1$
- $p(s = ATGCATGC) = ?$
- $p(s = ATGCATGCATTTGAGCCATATACAAGT) = ?$

Hipóteses simplificadoras

- O genoma é uma cadeia aleatória
- Cada nucleotídeo tem 25% de chance de estar presente numa dada posição
- *s* não tem sobreposição consigo mesmo
 - P. ex. TATA não obedece

Argumento probabilístico

- Se $s = A$, quantas vezes s deve aparecer em G na média?
- Se G tem comprimento m , s deve aparecer $m/4$ vezes
- Exemplo: G com 8 nt
- Então vamos na média encontrar 2 ocorrências de A

Fórmula geral para o número de ocorrências na média

- $\frac{m - k + 1}{4^k}$
- Se G tem 5 Mbp
- Se s tem 8 nt
- Na média teríamos 76 ocorrências

Qual é o tamanho mínimo de uma cadeia para que a probabilidade de encontrá-la seja maior do que $\frac{1}{2}$?

Motivos do tipo I

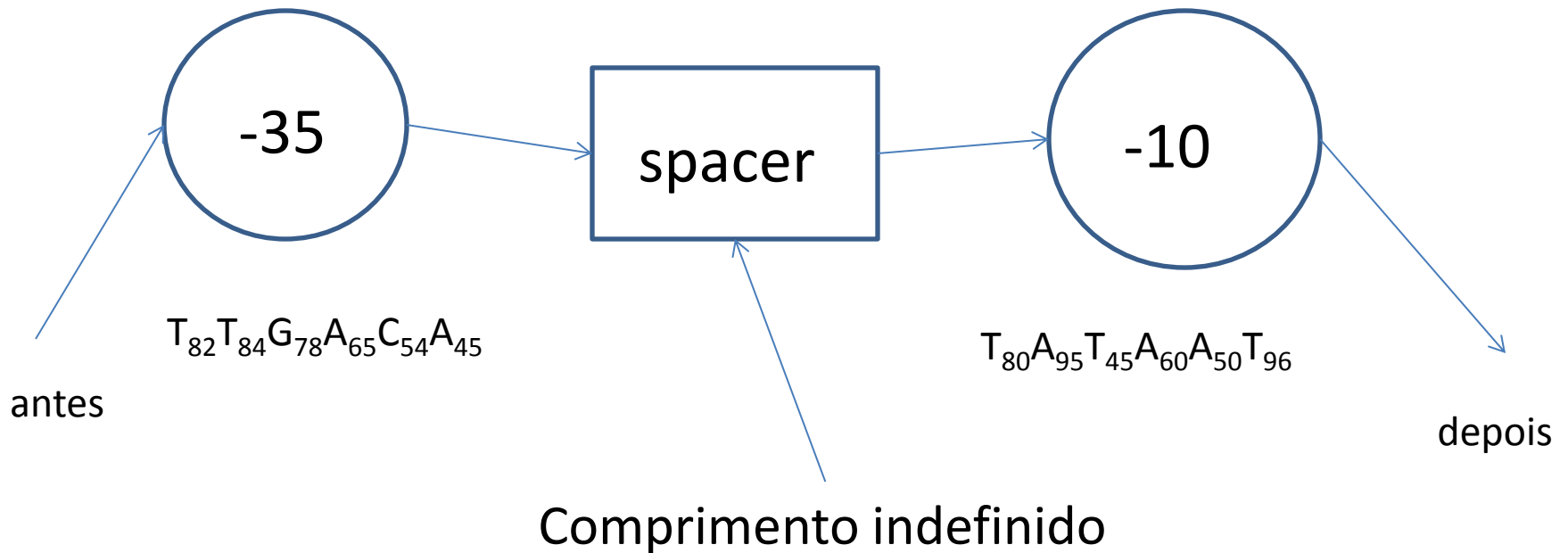
- AACT(G|A)N₁₂AGTT
- Q-[LIV]-H-H-[SA]-x(2)-D-G-[FY]-H
 - Chloramphenicol acetyltransferase active site (do PROSITE)
- Posições fixas, e as possibilidades do conteúdo de cada posição são conhecidas

Motivos do tipo II: Sequência consenso

- $T_{80}A_{95}T_{45}A_{60}A_{50}T_{96}$
 - sequência consenso -10 de promotores de *E. coli* [Genes VII]
- Os números indicam a frequência com que as bases indicadas aparecem na região -10 do promotor
- Posições fixas, mas com frequências associadas a cada posição

Motivos do tipo III

- Exemplo: reconhecimento das sequências -35 e -10 de promotores de bactérias



Que técnicas usar?

1. Expressões regulares
2. Matrizes de peso para posições específicas
3. Modelos de Markov de estados ocultos (hidden Markov models, ou HMM)

Expressões regulares

- Formalismo muito bem estudado
- Alfabeto + operações
- Operações básicas
 - Concatenação
 - Iteração: a^* $(ab)^+$
 - Alternância: $(a|b)$
- Implementações geralmente definem outras operações e classes de caracteres

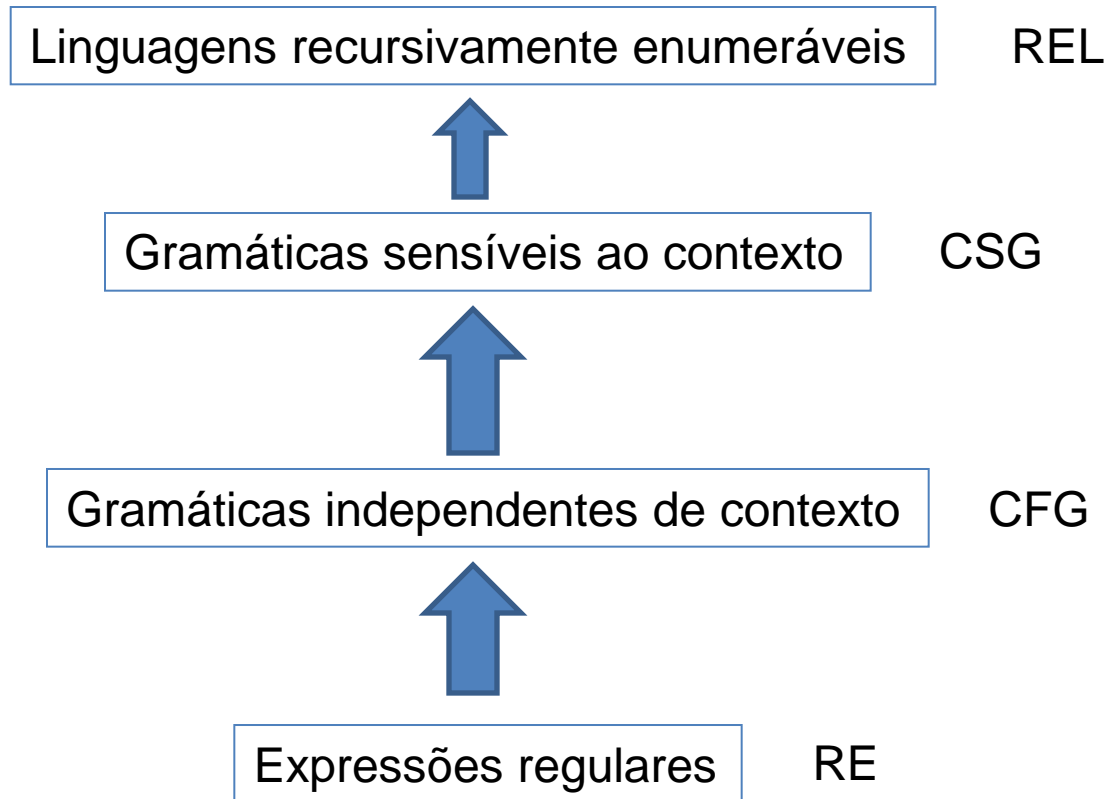
Exemplo

- Quais são as palavras de português que tem 4 vogais consecutivas?
- Se α define a classe das vogais
 - $\alpha = (a|e|i|o|u)$
- Se \bullet define um caracter qualquer
 - $\bullet^* \alpha \alpha \alpha \alpha \bullet^*$
- Araguaia, bloqueio, boieiro, itatiaia,
paraguaio, uruguaio

Expressões regulares

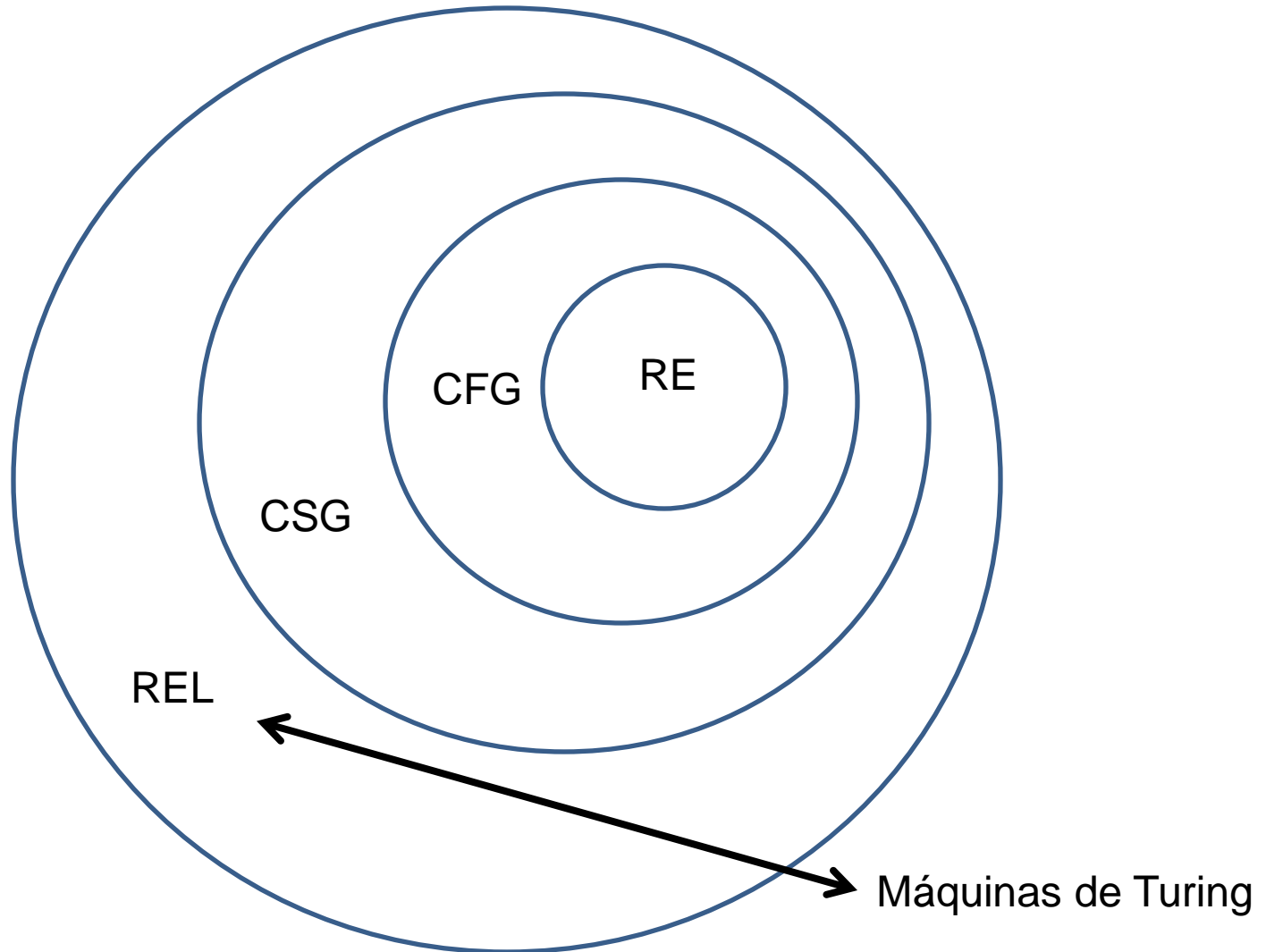
- Fazem parte de uma família de formalismos
 - Expressões regulares
 - Autômatos finitos
 - Gramáticas regulares
- São todos equivalentes
- Não são capazes de lidar com expressões do tipo
 - $a^n b^n$
 - $ab, aabb, aaabbb, etc$

Hierarquia de linguagens



Noam Chomsky

A hierarquia é de continência



Expressões regulares

- Linux: **grep**
- **Emacs** (editor de texto)
- **Perl e Python**: fazem parte da linguagem
- EMBOSS (<http://emboss.sourceforge.net>)
 - dreg, preg
- **mysql**
- etc

Table 5.4 Promoter sequences of *vir* genes.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	T	T	C	A	C	T	T	G	A	A	A	C
	T	T	C	A	A	T	T	G	A	A	A	T
	A	G	C	A	A	T	T	G	A	A	A	A
	T	A	T	A	A	T	T	G	C	T	A	C
	T	A	C	A	A	T	T	G	C	A	A	T
	T	T	T	A	A	T	T	A	T	A	A	C
	C	G	A	A	T	T	T	G	A	A	A	T
	T	T	A	A	A	T	T	G	C	A	A	T
	T	G	C	A	A	T	T	G	T	A	G	C
	A	G	C	A	A	T	T	A	T	A	T	T
	T	G	C	A	G	T	T	G	A	A	A	C
	T	T	C	A	C	T	T	G	T	A	A	C
	A	A	C	G	A	T	T	G	A	G	A	A
	T	A	A	A	A	T	T	G	A	A	A	T
A	3	4	3	13	10	0	0	2	7	12	12	2
C	1	0	9	0	2	0	0	0	3	0	0	6
G	0	5	0	1	1	0	0	12	0	1	1	0
T	10	5	2	0	1	14	14	0	4	1	1	6

Matrizes de peso

- Cada posição i, j da matriz [character i na posição j] recebe o valor
 - $W[i, j] = \log_2 f_{i, j} / b_i$
 - $f_{i, j}$ = frequência no conjunto de treinamento
 - b_i = frequência de fundo

- Aplicar janela deslizando sobre a sequência-alvo (p.ex. um genoma)
- Nota da janela é a soma das notas das colunas
- Notas maiores do que zero são estatisticamente significativas
 - Mas a taxa de falsos negativos e positivos vai variar conforme o problema



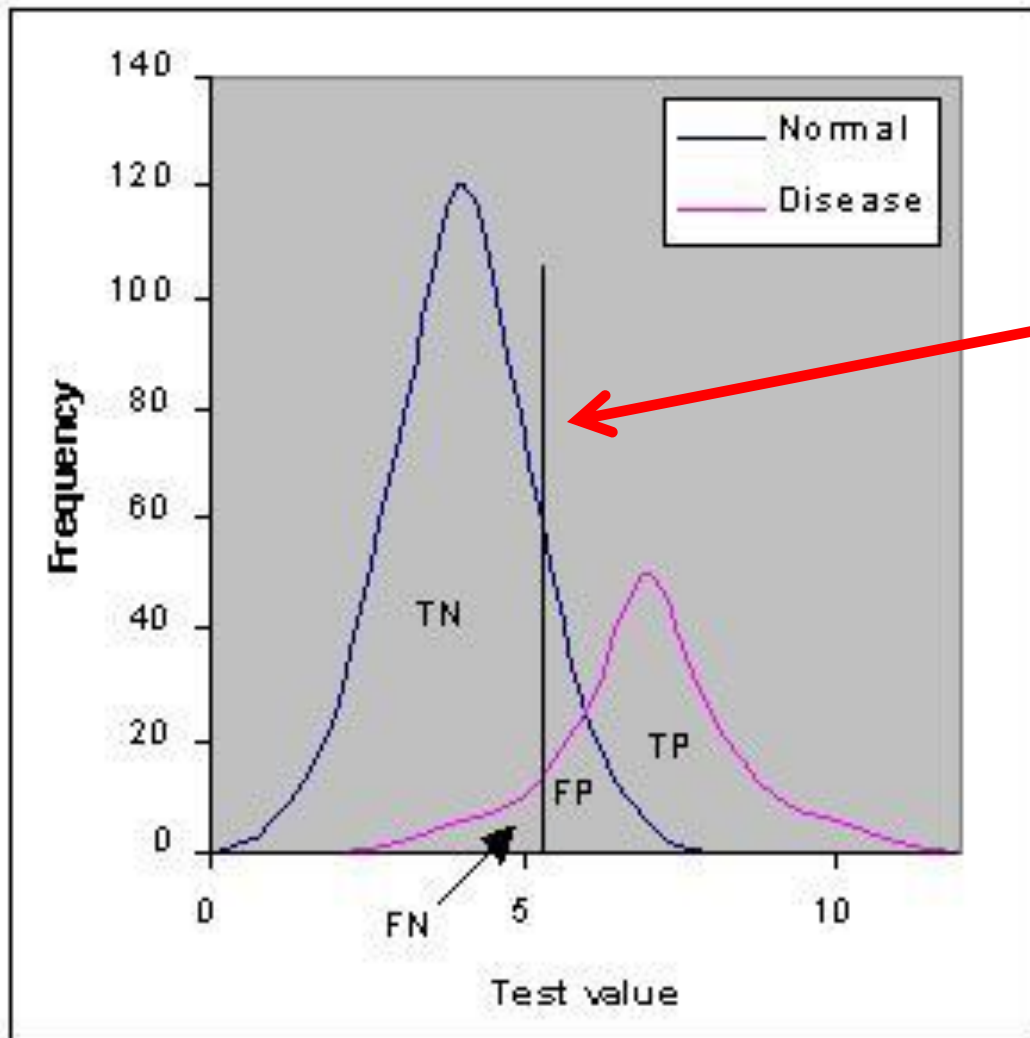
	T	T	C	A	C	T	T	G	A	A	A	C
	1.51	0.51	1.36	1.89	-0.81	2	2	1.78	1	1.78	1.78	0.78
A	-0.22	0.19	-0.22	1.89	1.51	-2	-2	-0.81	1	1.78	1.78	-0.81
C	-1.8	-2	1.36	-2	-0.81	-2	-2	-2	-0.22	-2	-2	0.78
G	-2	0.51	-2	-1.81	-1.81	-2	-2	1.78	-2	-1.81	-1.81	-2
T	1.51	0.51	-0.81	-2	-1.81	2	2	-2	0.19	-1.81	-1.81	0.78

Nota dessa sequência = 15.6

Detalhamento

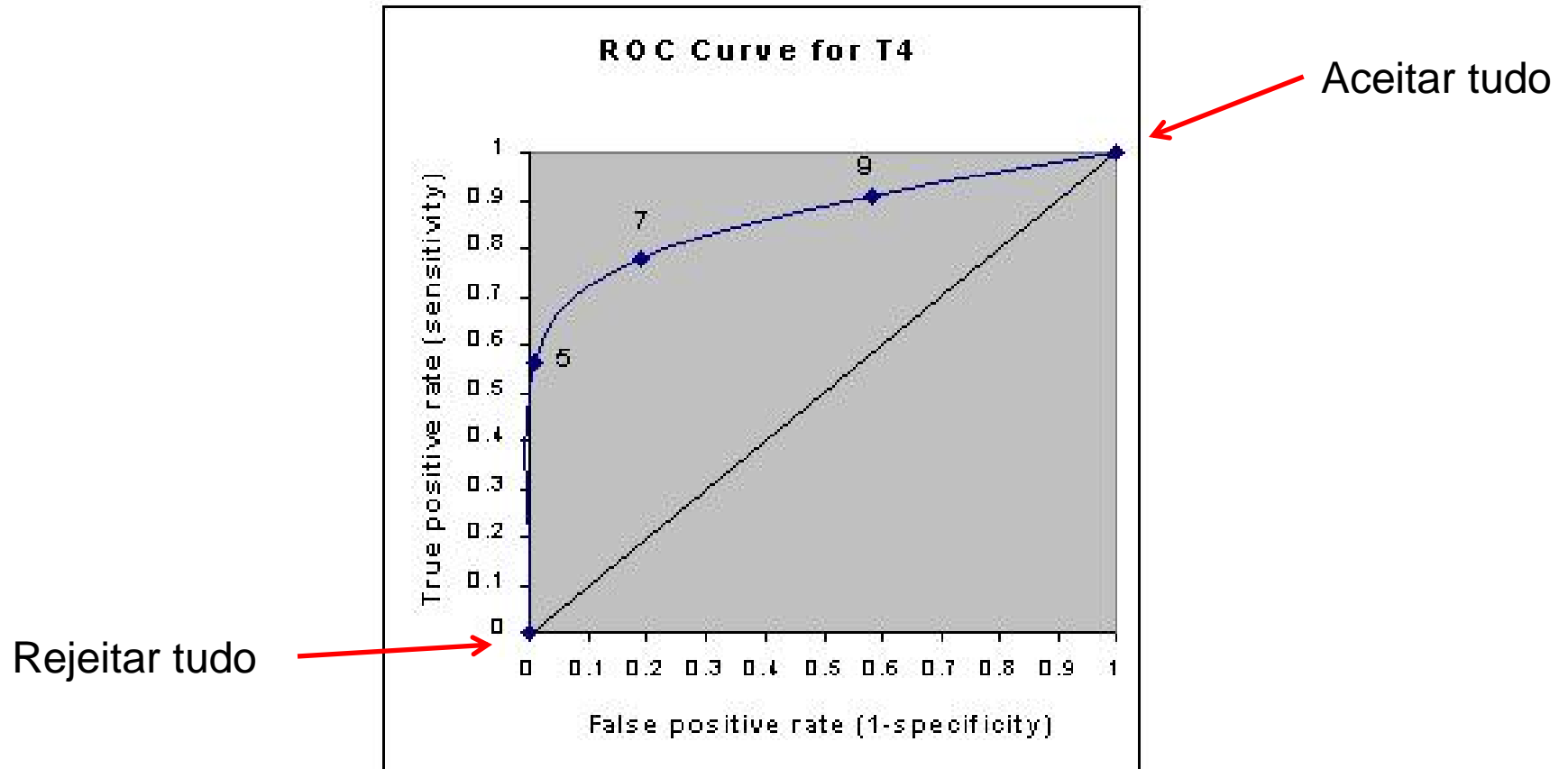
- Observar que a razão $f_{i,j} / b_i$ será > 1 se $f_{i,j} > b_i$; ou seja, se a frequência de uma certa base na posição i for **maior** do que a **frequência de fundo** dessa base. O logaritmo desse valor será positivo.
- Ou seja, quando encontramos uma base na posição i tal que a expectativa de encontrar essa base nessa posição é **maior do que o acaso**, temos que dar uma nota **positiva** a esse evento.
- Analogamente, se $f_{i,j} < b_i$ o logaritmo será negativo, e temos que penalizar o evento.
- É por esse motivo que podemos definir a nota zero ($\log 1 = 0$) como **limite de significância**.

Valor limite (threshold, cutoff)



Curvas ROC

(receiver operating characteristic)

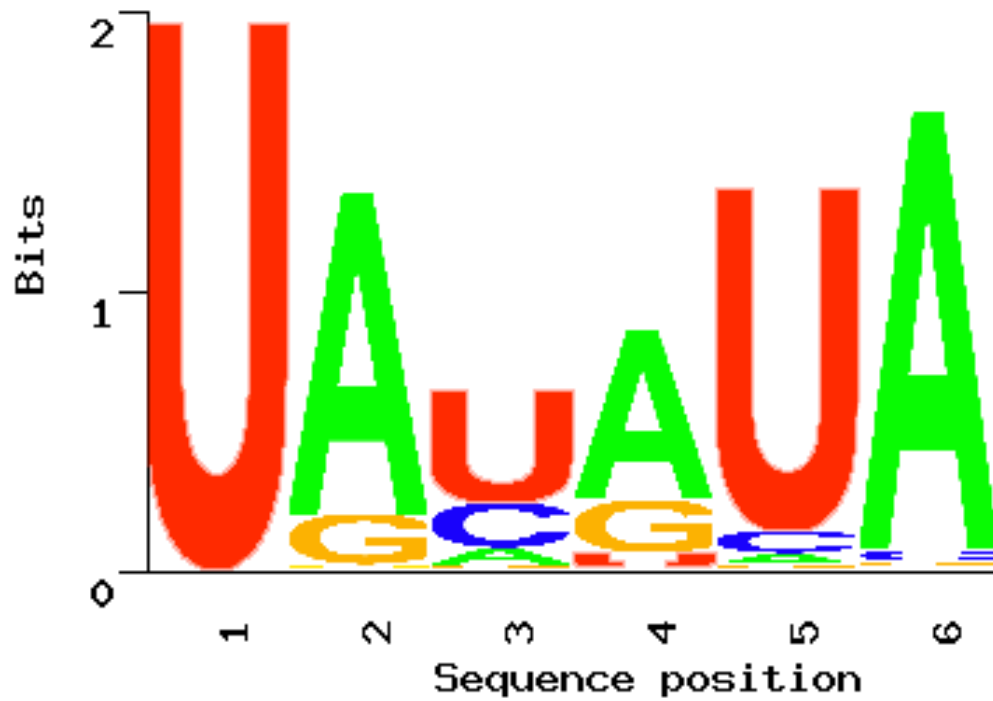


Bons métodos são aqueles que tem área maior sob a curva ROC do que outros

Software para matrizes de peso

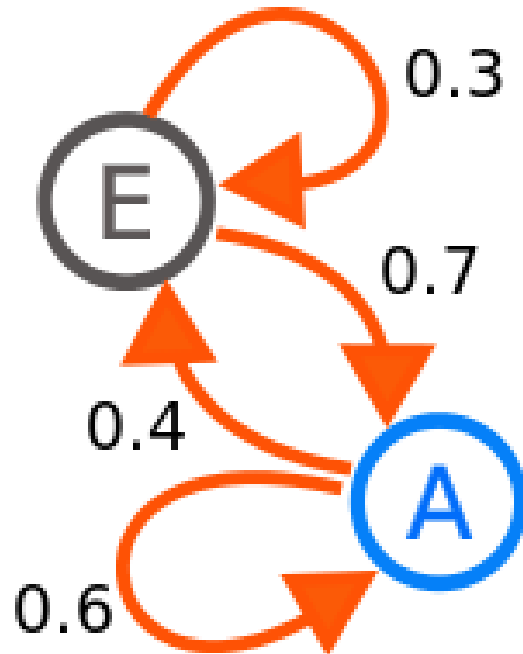
- EMBOSS
- **Prophecy**: Create frequency matrix or profile from a multiple alignment
- **Profit**: Scan one or more sequences with a simple frequency matrix
- **Prophet**: Scan one or more sequences with a **Gribskov** or **Henikoff** profile
- “The Gribskov scoring scheme is based on a notion of distance between a sequence and an ancestral or generalized sequence. For Henikoff it is based on weights of the diversity observed at each position in the alignment, rather than on a sequence distance measure.”

Sequence logos



Modelos de Markov com estados ocultos

- Cadeia de Markov

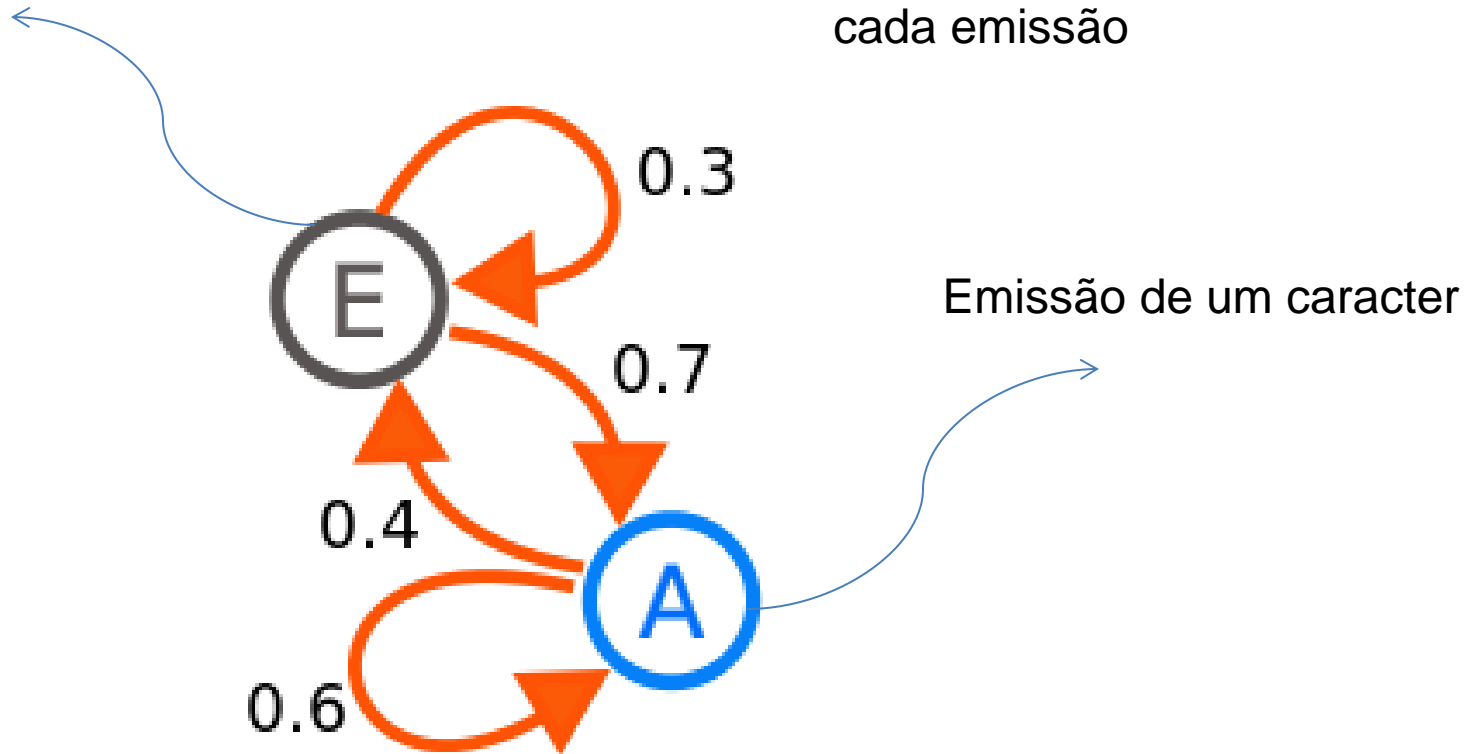


wikipedia

O próximo estado depende apenas do estado **atual**, e não de estados anteriores

Emissão de um caracter (ex: a, b, c, d)

Probabilidades associadas a cada emissão



Observado: apenas os caracteres emitidos `dbccadbaaaadddcbab...`

O estado em que o processo de Markov estava quando o caracter foi emitido é não sabido ou **oculto**

Objetivo

- Estimar probabilisticamente os estados correspondentes a cada caracter emitido
- Exemplo em genômica
 - Caracteres emitidos são os nucleotídeos
 - Estados: **pertence** a um gene ou **não pertence** a um gene

Exemplo: reconhecimento do sítio de splice 5'

- Transição de exon para intron
- Suposições (**simplificadas**)
 - Exons tem composição uniforme (25% cada base)
 - Introns são ricos em A/T (40% A/T, 10% C/G)
 - Nucleotídeo de consenso 5'SS é 95% G e 5% A
- As posições não são fixas

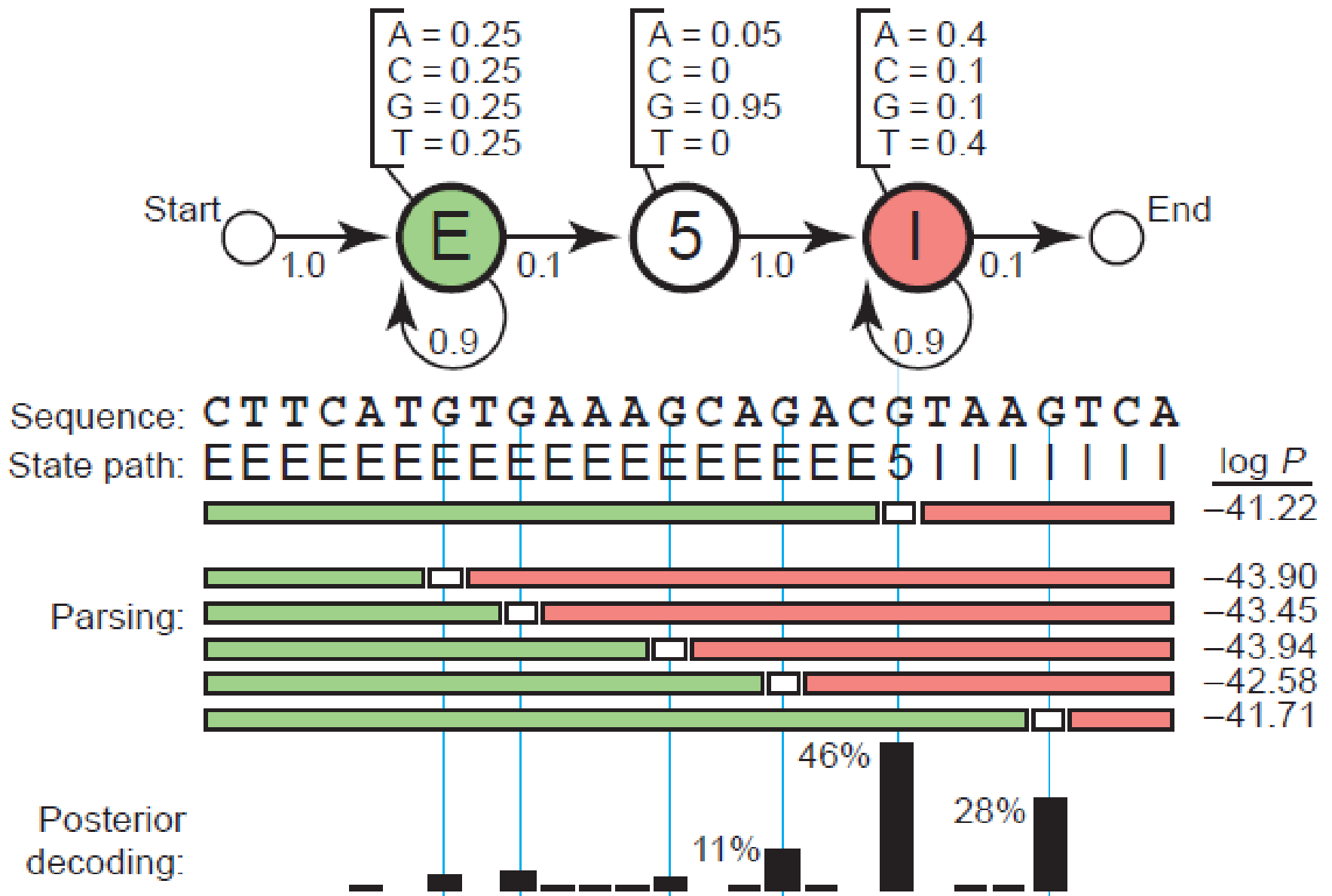


Figure 1 A toy HMM for 5' splice site recognition. See text for explanation.

Extração de informação de HMMs

- **Algoritmo de Viterbi** encontra o caminho de maior probabilidade num HMM
 - É um algoritmo de programação dinâmica
- É possível determinar a probabilidade de que a transição foi calculada corretamente, para cada escolha
 - Somar todas as probabilidades de todos os caminhos que levam a cada escolha e que saem de cada escolha
 - Algoritmo forward e backward (tb Prog. Din.)
- HMMs supõem posições ou grupos de posições **independentes**. Quando há **interações a distância** (ex. estrutura secundária), outros modelos são necessários

PFAM

- Banco de domínios de proteínas
- Cada domínio é uma família
- As famílias são modeladas por HMMs
 - A HMM captura a **variação de aminoácidos** que ocorre nos diferentes membros da família
 - Incluindo a possibilidade de **tamanhos não uniformes**
 - É como se fosse uma **codificação compacta** de um alinhamento múltiplo, mas com mais flexibilidade do que a matriz de peso

Pfam 27.0 (March 2013, 14831 families)

The Pfam database is a large collection of protein families, each represented by **multiple sequence alignments** and **hidden Markov models (HMMs)**. [More...](#)

QUICK LINKS

SEQUENCE SEARCH

VIEW A PFAM FAMILY

VIEW A CLAN

VIEW A SEQUENCE

VIEW A STRUCTURE

KEYWORD SEARCH

JUMP TO

YOU CAN FIND DATA IN PFAM IN VARIOUS WAYS...

Analyze your protein sequence for Pfam matches

View Pfam family annotation and alignments

See groups of related families

Look at the domain organisation of a protein sequence

Find the domains on a PDB structure

Query Pfam by keywords

Enter any type of accession or ID to jump to the page for a Pfam family or clan, UniProt sequence, PDB structure, etc.

Or view the [help](#) pages for more information

Recent Pfam [blog](#) posts

Hide this

[Case studies from the list of human regions not in Pfam 27.0.](#) (posted 14 May 2013)

Following on from Jaina and Marco's blog post last week about conserved Human regions not in Pfam, I would like to give you some examples of how we have used the regions identified to improve existing Pfam families, and to create new ones. When available, we use three-dimensional structures to guide the boundary definitions of [...]

[Pfam targets conserved human regions](#) (posted 7 May 2013)

Recently, we have been looking at how much of the human proteome is covered by Pfam (release 27.0), and ways in which we can improve this coverage. We have even written an open access paper about it that you can read here [1] that is part of the proceedings of the 2013 Biocuration conference. We used [...]

[TreeFam 9 is now available!](#) (posted 3 May 2013)

We are happy to announce that TreeFam 9 is online and you can find it under <http://www.treefam.org>. TreeFam 9 now has 109 species (vs. 79 in TreeFam 8) and is based on data from Ensembl v69, Ensembl Genomes v16, Wormbase and JGI. This release marks an important step for TreeFam as it is the first [...]

Programas para criar e usar hmms (HMMER)



- **hmmbuild**
 - Constrói um HMM a partir de um AM
- **hmmsearch**
 - Compara um HMM contra um banco de sequências
- **hmmScan**
 - Compara uma sequência contra um banco de HMMs
- Hits vem acompanhados de **avaliação estatística** (e-values)
- <http://hmmer.janelia.org/>

Para saber mais

- Sean R Eddy. **What is a hidden Markov model?**
Nature Biotechnology, October 2004, 22(10):1315 – 1316