

# Elementi di Bioinformatica

UniShare

Davide Cozzi  
@dlcgold

# Indice

<b>1</b>	<b>Introduzione</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Introduzione alla Bioinformatica</b>	<b>3</b>
2.1	Bit-Parallel . . . . .	3
2.1.1	Algoritmo Dömölki/Baeza-Yates . . . . .	4

# Capitolo 1

## Introduzione

Questi appunti sono presi a lezione. Per quanto sia stata fatta una revisione è altamente probabile (praticamente certo) che possano contenere errori, sia di stampa che di vero e proprio contenuto. Per eventuali proposte di correzione effettuare una pull request. Link: <https://github.com/dlccgold/Appunti>.

Grazie mille e buono studio!

# Capitolo 2

## Introduzione alla Bioinformatica

Un po' di notazione per le stringhe:

- **simbolo:**  $T[i]$
- **stringa:**  $T[1]T[2]\dots T[n]$
- **sottostringa:**  $T[i : j]$
- **prefisso:**  $T[: j] = T[1 : j]$  (inclusi gli estremi)
- **suffisso:**  $T[i :] = T[i : |T|]$  (inclusi gli estremi)
- **concatenazione:**  $T_1 \cdot T_2 = T_1T_2$

In bioinformatica si lavora soprattutto con le stringhe, implementando algoritmi, per esempio, di pattern matching. Nel pattern matching si ha un testo  $T$  come input e un pattern  $P$  (solitamente di cardinalità minore all'input) da ricercare. Si cerca tutte le occorrenze di  $P$  in  $T$ . L'algoritmo banale prevede due cicli innestati e ha complessità  $O(nm)$  con  $n$  lunghezza di  $T$  e  $m$  lunghezza di  $P$ . Il minimo di complessità sarebbe  $O(n + m)$  (è il **lower bound**). Si ragiona anche sulla costante implicita della notazione O-Grande cercando di capire quale sia effettivamente l'algoritmo migliore con la quantità di dati che si deve usare. Bisogna quindi bilanciare pratica e teoria.

### 2.1 Bit-Parallel

È un algoritmo veloce in pratica ma poco performante a livello teorico, ha complessità  $O(nm)$ .

```

for  $i = 1 \rightarrow n$  do
   $trovato \leftarrow true$ 
  for  $j = 1 \rightarrow m$  do
    if  $T[1 + j - 1] <> P[j]$  then
       $trovato \leftarrow false$ 
    end if
  end for
  if  $trovato$  then
     $print(i)$ 
  end if
end for

```

Questo algoritmo è facilmente eseguibile dall'hardware del pc.

In generale si hanno **algoritmi numerici** che trattano i numeri e gli **algoritmi simbolici** che manipolano testi.

Si hanno poi gli **algoritmi semi-numerici** che trattano i numeri secondo la loro rappresentazione binaria, manipolando quest'ultima con *or*  $\vee$ , *and*  $\wedge$ , *wedge*, *xor*  $\oplus$ , *left-shift*  $\ll$  e *right-shift*  $\gg$ . Ricordiamo che il left shift sposta di  $k$  posizioni a sinistra i bit, scartandone  $k$  in testa e aggiungendo altrettanti zeri in coda (lo shift a destra sposta a destra, scarta in coda e aggiunge zeri in testa). Queste sono operazioni bitwise e sono mappate direttamente sull'hardware, rendendo tutto estremamente efficiente.

### 2.1.1 Algoritmo Dömölki/Baeza-Yates

Questo algoritmo viene anche chiamato **algoritmo shift-and** o anche **bit parallel string matching**.

Si definisce in input una stringa  $T$  di cardinalità  $n$  e un pattern  $P$  di cardinalità  $m$ .

Si costruisce una matrice  $M$  *ipotetica*, di dimensione  $n \times m$ , con un indice  $i$  per  $P$  e uno  $j$  per  $T$  dove:

$$M(i, j) = 1 \text{ sse } P[:i] = T[j-i+1:j], \quad 0 \leq i \leq m, \quad 0 \leq j \leq n$$

Quindi  $M(i, j) = 1$  sse i primi  $i$  caratteri del pattern sono uguali alla sottostringa lunga  $i$  in posizione  $j-i+1$  del testo.

Questa matrice è veloce da costruire e si ha:

$$M(m, \cdot) = 1, \quad M(0, \cdot) = 1, \quad M(\cdot, 0) = 0$$

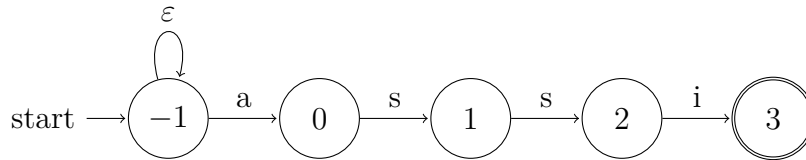
$$M(i, j) = 1 \text{ sse } M(i-1, j-1) \text{ AND } P[i] = T[j]$$

la prima riga saranno tutti 1 ( $M(0, \cdot) = 1$ ) in quanto la stringa vuota c'è sempre mentre la prima colonna saranno tutti 0 ( $M(\cdot, 0) = 0$ ) in quanto un testo vuoto non matcha mai con una stringa non vuota.

Quindi la matrice avrà 1 solo se i primi caratteri del pattern  $P[i]$  sono uguali alla porzione di testo  $T[j-i+1:j]$ . Ma in posizione  $M(i-1, j-1)$  mi accorgo che ho 1 se ho un match anche con un carattere in meno di P e T. Quindi se  $M(i-1, j-1) = 0$  lo sarà anche  $M(i, j)$ . Se invece  $M(i-1, j-1) = 1$  devo controllare solo il carattere  $P[i]$  e  $T[j]$  e vedere se  $P[i] = T[j]$ . Ovvero, avendo  $P = \text{assi}$  e  $T = \text{apassi}$  si avrebbe (omettendo la prima riga e la prima colonna in quanto banali):

		j	1	2	3	4	5	6
i		a	p	a	s	s	i	
1	a	1	0	1	0	0	0	
2	s	0	0	0	1	0	0	
3	s	0	0	0	0	1	0	
4	i	0	0	0	0	0	1	

Con un automa non deterministico che accetta una stringa terminante con  $P$  sarebbe:



La matrice la costruisco con due cicli e controllo solo l'ultima riga. Non si ha un guadagno a livello di complessità, dato che rimane  $O(nm)$ , ma grazie all'architettura a 64 bit della cpu. Infatti con una word della cpu posso memorizzare una colonna intera, in quanto vista come numero binario. Ora lavoro in parallelo su più bit, con un algoritmo **bit-parallel**, facendo ogni volta 64 confronti tra binari. In questo modo crolla la costante moltiplicativa nell'O-grande.

Ma come passo da una colonna  $C[j]$  a una  $C[j-1]$ ? Con questi step:

- la colonna  $C[j]$  corrisponde al right shift della colonna  $C[j-1]$
- aggiungo 1 in prima posizione per compensare lo shift
- faccio l'AND con  $U[T[j]]$ , che è un array binario lungo come il pattern dove ho un binario con 1 se è il carattere di riferimento:

P=abca  
 U[a]=1001  
 U[b]=0100  
 U[c]=0010

- ragiono sul word size  $\omega$  in caso di pattern più grandi di 64bit.

ottengo:

$$C[j] = ((C[j-1]) \gg 1) | (1 \ll (\omega-1) \& U[T[j]])$$

Conoscendo una colonna della matrice voglio calcolare la successiva. Quindi  $M[i, j] = M[i-1, j-1] \text{ AND } P[i] = T[j]$  (per esempio,  $M[1, j] = \text{TRUE AND } (p[i] = T[j])$ ), cioè conta solo il confronto dei caratteri.

Ogni 1 nell'ultima riga corrisponde ad un'occorrenza.

Questo algoritmo ha il vantaggio di non avere branch if/else, però si ha un limite nella lunghezza del pattern (64 bit) pattern e l'uso di più word comporta il riporto sulla colonna seguente, fattore che si complica all'aumentare della lunghezza del pattern, soprattutto se arbitraria.

## 2.2 Algoritmo Karp-Rabin

Vediamo un altro algoritmo di pattern matching che sfrutta una codifica binaria e che, pur non risultando sempre corretto, è estremamente più veloce. Uso un alfabeto binario e devo fare il match di due stringhe con ciascuna la sua codifica  $H(S) = \sum_{i=1}^{|S|} 2^{i-1} H(S[i])$ . Mi muovo sul testo  $T$  mediante finestre di ampiezza  $m$  pari a quella del pattern e controllo il fingerprint di quella porzione con quella del pattern. Inoltre il fingerprint di una finestra è facilmente calcolabile da quello della precedente. Per farlo elimino il contributo del carattere della finestra precedente e includo l'unico aggiunto dalla finestra successiva, in quanto mi sposto di 1:

$$H(T[i+1 : i+m]) = \frac{H(T[i : i+m-1])T[i]}{2} + 2^{m-1}T[i+m]$$

Dividendo per due si shifta a destra.

La sottostringa è uguale al pattern solo se le fingerprint lo sono:

$$T[i : i+m-1] = P \Leftrightarrow H(T[i : i+m-1]) = H(P)$$

*Per estendere la codifica binaria in  $k$  caratteri avrò la finestra che si sposta di  $k$  con la divisione per  $k$  anziché per 2.*

Si ha il problema della lunghezza del pattern in quanto ho un  $2^{m-1}$  che fa

esplodere l'algoritmo perché usa un numero di bit grandissimo. Si ricorda che un'operazione "costa 1" solo se sono piccoli i numeri in gioco, nel nostro caso il costo diventa proporzionale al numero di bit coinvolti. La soluzione di Karp-Rabin è di continuare con la logica di sopra ma solo con numeri piccoli, cambiando la definizione di fingerprint prendendo il resto di quanto sopra con un numero primo  $p$ :

$$H(T[i+1 : i+m]) = \left( \frac{H(T[i : i+m-1])T[i]}{2} + 2^{m-1}T[i+m] \right) \mod p$$

ma in questo modo la fingerprint non è più iniettiva, con la possibilità che più stringhe abbiano la stessa fingerprint e di conseguenza si avranno degli errori. Si ha che  $2^{m-1}T[i+m]$  viene calcolato iterativamente facendo  $\mod p$  ad ogni passo. Si può quindi avere una sottostringa di  $T$  con lo stesso fingerprint del pattern che però non è uguale al pattern, è un **falso positivo**. Non si possono tuttavia avere falsi negativi, quindi tutte le occorrenze sono trovate con la possibilità di trovare occorrenze false in più:

$$H(T[i : i+m-1]) \mod p = H(P) \mod p \Leftarrow T[i : i+m-1] = P$$

Se il numero primo  $p$  è scelto a caso minore di un certo  $I$  so che l'errore è minore di  $O(\frac{nm}{I})$ .

Vogliamo sfruttare però che si hanno solo falsi positivi e provare ad eseguire l'algoritmo con due  $p$  diverse, le vere occorrenze saranno trovate da entrambe mentre i falsi positivi probabilmente no. Itero quindi su  $k$  numeri primi e il risultato sarà l'intersezione di tutte le  $k$  iterazioni dell'algoritmo, riducendo moltissimo le probabilità di avere un risultato errato. Paghiamo quindi un incremento di un prodotto  $k$  delle operazioni (che è comunque lineare) per ridurre esponenzialmente le chances di errore.

È quindi un algoritmo probabilistico in quanto i  $p$  sono scelti a caso. Ci sono due categorie di algoritmi probabilistici:

1. **Monte Carlo**, come Karp-Rabin, veloci ma non sempre corretti
2. **Las Vegas**, sempre corretti ma non sempre veloci, come per esempio il quicksort con pivot random (dove il caso migliore è un pivot che è l'elemento mediano mentre il peggiore è che il pivot sia un estremo, portando l'algoritmo ad essere quadratico).

*È possibile rendere Karp-Rabin un algoritmo della categoria Las Vegas controllando tutte le occorrenze (non in questo corso).*