

**Εργασία Βιοπληροφορικής 2018-2019**

Μέλη ομάδας :

Π16097 ΔΙΟΝΥΣΗΣ ΝΙΚΑΣ,

Π16195 ΝΗΣΙΩΤΗΣ ΜΑΡΙΝΟΣ

Περιεχόμενα

[Περιεχόμενα 2](#_Toc12723369)

[Άσκηση 6.15 3](#_Toc12723370)

[1.1 Εκφώνηση άσκησης 3](#_Toc12723371)

[1.2 Εύρεση ακολουθιών νουκλεοτιδίων 3](#_Toc12723372)

[1.3 Ψευδοκώδικας 3](#_Toc12723373)

[1.4 Υλοποίηση 4](#_Toc12723374)

[Άσκηση 6.22 6](#_Toc12723375)

[2.1 Εκφώνηση 6](#_Toc12723376)

[2.2 Εύρεση ακολουθιών νουκλεοτιδίων 6](#_Toc12723377)

[2.3 Ψεδοκώδικας 6](#_Toc12723378)

[2.4 Υλοποίηση 8](#_Toc12723379)

[2.5 Αποτελέσματα 10](#_Toc12723380)

[Άσκηση 6.23 11](#_Toc12723381)

[3.1 Εκφώνηση 11](#_Toc12723382)

[3.2 Ψευδοκώδικας 11](#_Toc12723383)

[3.3 Υλοποίηση 13](#_Toc12723384)

[3.4 Αποτελέσματα 15](#_Toc12723385)

[Άσκηση 6.37 16](#_Toc12723386)

[4.1 Εκφώνηση 16](#_Toc12723387)

[4.2 Ψευδοκώδικας 16](#_Toc12723388)

[4.3 Εύρεση ακολουθιών αμινοξέων και νουκλεοτιδίων 18](#_Toc12723389)

[4.4 Υλοποίηση 18](#_Toc12723390)

[4.5 Αποτελέσματα 19](#_Toc12723391)

[Άσκηση 11.4 21](#_Toc12723392)

[5.5 Εκφώνηση 21](#_Toc12723393)

[5.6 Υλοποίηση 21](#_Toc12723394)

[1.3 Υλοποίηση 23](#_Toc12723395)

[5.7 Αποτελέσματα 23](#_Toc12723396)

[Άσκηση 11.6 24](#_Toc12723397)

[1.1 Εκφώνηση 24](#_Toc12723398)

[1.2 Ψευδοκώδικας 24](#_Toc12723399)

[1.3 Υλοποίηση 24](#_Toc12723400)

[1.4 Αποτελέσματα 24](#_Toc12723401)

# Άσκηση 6.15

## Εκφώνηση άσκησης

*«Δύο παίκτες παίζουν το ακόλουθο παιχνίδι με δυο αλληλουχίες που έχουν μήκος n και m νουκλεοτίδια αντίστοιχα. Σε κάθε γύρο του παιχνιδιού, ένας παίκτης μπορεί να αφαιρέσει δύο νουκλεοτίδια από τη μία αλληλουχία (είτε την πρώτη είτε την δεύτερη) και ένα νουκλεοτίδιο από την άλλη. Ο παίκτης που δεν μπορεί να κάνει κίνηση κερδίζει. Ποιος θα κερδίσει; Περιγράψτε τη νικηφόρα στρατηγική για όλες τις τιμές των n και m.»*

## Εύρεση ακολουθιών νουκλεοτιδίων

Ακολουθώντας το link στο gunet για την α-lactalbumin θα βρεθούμε στην ιστοσελίδα της ncbi όπου θα κατεβάσουμε και την ακολουθία FASTA και θα τη μετατρέψουμε σε αρχείο txt. Έπειτα στο matlab χρησιμοποιώντας την εντολή fastaread θα δημιουργηθεί ένα αντικείμενο με τον header και την ακολουθία από το αρχείο και εμείς θα επιλέξουμε την ακολουθία για να υλοποιήσουμε την άσκηση.

## Ψευδοκώδικας

Για i από 3 μέχρι το μέγεθος της ακολουθίας:

Αν player\_win αφαιρέσει 2 νουκλεοτίδια

player\_win = αληθής\_παίξιμο

player\_moves = συμπληρώνεται ο πίνακας με την

κίνηση

Αλλιώς\_αν player\_win αφαιρέσει 1 νουκλεοτίδιο

player\_win= αληθής\_παίξιμο

player\_moves = συμπληρώνεται ο πίνακας με την

κίνηση

Αλλιώς

player\_win= ψευδής\_παίξιμο //δεν υπάρχουν άλλα νουκλεοτίδια

Τέλος\_αν

Τέλος\_επανάληψης

Για i από 10 μέχρι 20:

Εμφάνιση μηνυμάτων για το ποιος παίκτης κέρδισε και ποιες ήταν οι κινήσεις που έκανε.

Τέλος\_επανάληψης

## Υλοποίηση

Πρώτα φορτώνουμε την ακολουθία η οποία θα χρησιμοποιηθεί για την εκτέλεση του προγράμματος. Δημιουργούμε ένα πίνακα player\_win όπου στην περίπτωση που είναι κενός, έχουμε κάνει την παραδοχή πως ο παικτής1 θα κερδίσει. Αν δεν είναι κενός ο πίνακας αρχικοποιείται με την ακολουθία και τους 2 παίκτες να έχουν τιμή Boolean true για το αν έχουν παίξει ή όχι.

Στο loop, στην πρώτη συνθήκη αφαιρούνται από την ακολουθία 2 νουκλεοτίδια, σημειώνεται η κίνηση και ενημερώνεται με true(=1) ή false(=0) η σειρά του κάθε παίκτη. Στην δεύτερη συνθήκη (elseif) αφαιρείται 1 νουκλεοτίδιο, σημειώνεται η κίνηση και ενημερώνεται με true(=1) ή false(=0) η σειρά του κάθε παίκτη, όπως και πριν. Στην τρίτη συνθήκη, αν δεν υπάρχουν άλλα νουκλεοτίδια η σειρά του παίκτη ενημερώνεται με 0 που σημαίνει και το τέλος του loop.

Παρακάτω υπάρχουν τα μηνύματα εμφάνισης τα οποία δείχνουν τη σειρά αφαίρεσης νουκλεοτιδίων την οποία ακολούθησε ο κάθε παίκτη για να νικήσει, καθώς και τον νικητή.

Η στρατηγική παιξίματος κάθε φορά έχει να κάνει με το ποιος παίκτης θα φτάσει πρώτος στα 3 νουκλεοτίδια πχ: αν φτάσει ο παίκτης1 πρώτος στα 3 νουκλεοτίδια και είναι η σειρά του παίκτης2 , τότε όποιο αριθμό νουκλεοτίδιων αφαιρέσει, ο παίκτης1 θα κερδίσει. Υποθετικά βγάζει 2 νουκλεοτίδια ο παίκτης2. Τώρα ο παίκτης1 μπορεί να αφαιρέσει το 1 νουκλεοτίδιο και να κερδίσει. Αν από την άλλη ο παίκτης2 αφαιρέσει 1 νουκλεοτίδιο, τότε ο παίκτης2 πάλι μπορεί να κερδίσει αφαιρώντας και τα 2 νουκλεοτίδια.

Βέβαια αυτή η στρατηγική μπορεί να επεκταθεί για n αριθμό νουκλεοτιδίων. Ας πάρουμε για παράδειγμα 10 νουκλεοτίδια, τώρα σημασία έχει ποιος θα φτάσει πρώτος στα 9 νουκλεοτίδια, για να μπορεί να διαχειριστεί το παιχνίδι μέχρι το 3 όπου και είναι ο απώτερος σκοπός για να κερδίσει.

Ο παίκτης1 παίζει και αφαιρεί 1, άρα έχουμε **9** νουκλεοτίδια και είναι η σειρά του παίκτης2. Αν και εκείνος αφαιρέσει 2 τότε θα πάμε στα **7**. Η επόμενη κίνηση του παίκτη1 είναι να αφαιρέσει 1 νουκλεοτίδιο για να πάει στα 6. Τώρα ο παίκτης2 αν αφαιρέσει 2, θα πάμε στα 4 νουκλεοτίδια και ο παίκτης1 θα αφαιρέσει 1 νουκλεοτίδιο οπότε θα είναι και αυτός που θα κερδίσει γιατί έφτασε πρώτος στα 3. Αν πάλι ο παίκτης2 αφαιρέσει 1, θα πάμε στα **5** νουκλεοτίδια και ο παίκτης1 θα αφαιρέσει 2 αυτή τη φορά για να φτάσει πρώτος στα 3 και θα κερδίσει το παιχνίδι. Βλέπουμε δηλαδή πως η στρατηγική επεκτείνεται στους περιττούς αριθμούς κάθε φορά. Επομένως σημασία έχει φτάσει στο 9, μετά στο 7, 5 και τελικά στο 3. Αν γίνει κάποιο λάθος και φτάσει ο παίκτης2 πρώτος στο 7 ή στο 9 (όπως στο προηγούμενο παράδειγμα) τότε ο παίκτης1 θα πρέπει να κάνει κίνηση η οποία δεν θα επιτρέπει στον παίκτης2 να φτάσει τον ζητούμενο περιττό αριθμό. Στην περίπτωση όπου ο αριθμός των νουκλεοτιδίων είναι περιττός πχ: n=11 τότε ο παίκτης ο οποίος παίζει πρώτος, έχει από την αρχή το προβάδισμα διότι ο αριθμός είναι ήδη περιττός. Άρα θα πρέπει να κρατήσει αυτή τη λογική και να στέλνει στον αντίπαλο παίκτη περιττούς.

Οποιοσδήποτε και να είναι ο αριθμός του n, αρκεί κάθε φορά ο παίκτης που θα επιχειρήσει την νικηφόρα στρατηγική να έχει κατά νου ότι πρέπει να φτάσει πρώτος στους περιττούς αριθμούς.

# Άσκηση 6.22

## Εκφώνηση

«*Διατυπώστε έναν αλγόριθμο που υπολογίζει τη βέλτιστη στοίχιση επικάλυψης και εκτελείται σε χρόνο O(nm).*»

## Εύρεση ακολουθιών νουκλεοτιδίων

Χρησιμοποιώντας την προηγούμενη ακολουθία του προβλήματος 6.15, ακολουθούμε παρόμοια διαδικασία για το link στο gunet για την εύρεση της ακολουθίας νουκλεοτιδίων της Λυσοζύμης-c.

## Ψεδοκώδικας

Δημιουργία πίνακας\_ταιριάσματος αλφαβήτου νουκελοτιδίων

Δημιουργία πίνακα F με μηδενικά (διαστάσεων mXn όπου m = μήκος πρώτης ακολουθίας +1 , και n = μήκος δεύτερης ακολουθίας + 1)

Για i από 2 μέχρι m

Για j από 2 μέχρι n

F(i,j) = πίνακας\_ταιριάσματος(κωδικοποιημένη(πρώτη\_ακολουθία(i-1)), κωδικοποιημένη(δεύτερη\_ακολουθία (j-1)))

Τέλος\_επανάληψης

Τέλος\_επανάληψης

σκορ = []

seqs1 = []

seqs2 = []

k =2

p =1

Για i από m μέχρι 2 με βήμα -1

σκορ = 0

l = i

γράμματα1 = []

γράμματα2 = []

Για j από 2 μέχρι κ

σκορ = σκορ + F(l, j)

γράμματα1 = [γράμματα1, seq1(l-1)]

γράμματα2 = [γράμματα2, seq2(j-1)]

l = l+1

Τέλος\_επανάληψης

k = k+1

σκορς = [σκορς, σκορ]

seqs1 = [seqs1 μετατροπή σε string τον πίνακα γράμματα1]

seqs2 = [seqs2 μετατροπή σε string τον πίνακα γράμματα2]

Τέλος\_επανάληψης

μέγιστο = max(σκορς)

δείκτες = (σκορς όπου σκορ == μέγιστο)

τελικό1 = []

τελικό2 = []

Για q από 1 μέχρι μέγεθος(δείκτες)

τελικο1 = [τελικό1 seqs1(δείκτες(q))]

τελικό2 = [τελικό2 seqs2(δείκτες(q))]

Τέλος\_επανάληψης

Εμφάνιση βέλτιστων στοιχίσεων επικάλυψης με το σκόρ

## Υλοποίηση

Φορτώνουμε τις ακολουθίες και σχηματίζουμε τον πίνακα ομοιότητας όπου έχει 1 μόνο στην κύρια διαγώνιο τού (για τα γράμματα που αντιστοιχούνται μεταξύ τους είναι +1 δηλαδή). Όλα τα υπόλοιπα στοιχεία ισούνται με -1. Δημιουργούμε μία μήτρα μηδενικών στον οποίο θα αποθηκεύσουμε τα ταιριάσματα που θα βρούμε για κάθε γράμμα της μία ακολουθίας για όλα τα γράμματα της άλλης με την βοήθεια του πίνακα ομοιότητας. Αυτό γίνεται στο πρώτο διπλό loop όπου εξετάζουμε το ταίριασμα για κάθε στοιχείο.

Δημιουργούμε τους πίνακες scores, seqs1, seqs2 όπου θα αποθηκεύσουμε όλα τα score όλων των επικαλύψεων που βρήκαμε, καθώς και όλες τις επικαλύψεις που βρήκαμε.

**Η λογική για την εύρεση όλων των επικαλύψεων είναι η εξής**:

Δημιουργώντας την μήτρα F με τις βαθμολογίες στοίχισης κάθε γράμματος των δύο ακολουθιών παρατηρούμε ότι για να υπολογίσουμε τα σκόρ στοίχισης όλων των προθεμάτων της πρώτης ακολουθίας και όλων των επιθεμάτων της δεύτερης αρκεί να πάρουμε τα στοιχεία της αριστερής διαγώνιου της μήτρας με συγκεκριμένη σειρά ώστε να μην προσπελάσουμε το ίδιο στοιχείο δεύτερη φορά (κάτι σαν ζίγκ ζάγκ δηλαδή).

Επειδή όμως για να γίνει αυτό πρέπει ο πίνακας να είναι τετράγωνος, δηλαδή n = m πρέπει να ισχύει και για n > m.

Άρα αυτό που κάνουμε είναι στην αρχή να θέτουμε το n ως n+(διαφορά του m με το n), π.χ αν m = 9 και n = 6 τότε το n για την αρχικοποίησης της μήτρας F θα γίνει 6+3 = 9. Οι επιπλέον στήλες που θα προστεθούν θα γεμίσουν με -1 καθώς θα σημαίνει ότι δεν θα υπάρχει αντιστοιχία με κανένα γράμμα αφού θα είναι ο χαρακτήρας του κενού «-».

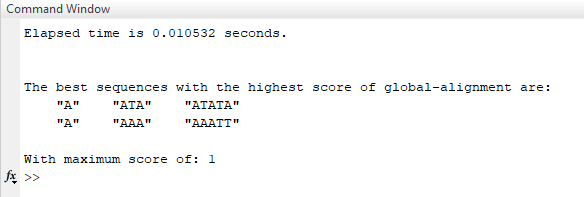
Αυτό γίνεται με την βοήθεια της μήτρας F, όπου μέσα στο loop, υπολογίζει όλα τα score στοίχισης από τα νουκλεοτίδια των ακολουθιών. Στις μεταβλητές letters1 και letters2 αποθηκεύονται αναδρομικά τα γράμματα της κάθε επικάλυψης κάθε φορά για να αποθηκευτούν στο τέλος της επανάληψης στον αντίστοιχο πίνακα.

Μόλις τελειώσει το loop το score που υπολογίστηκε ακριβώς από πάνω, αποθηκεύεται στον πίνακα scores, και τα letters1 και letters2 μετατρέπονται σε strings για να μπορέσουμε να τα αποθηκεύσουμε ως ένα στοιχείο και όχι ως αντικείμενο χαρακτήρων.

Τέλος πριν την εμφάνιση, βρίσκουμε το μέγιστο score όλων των scores και το αποθηκεύουμε στην μεταβλητή maximum. Αυτό γίνεται για να βρούμε τη καλύτερη στοίχιση επικάλυψης των δύο ακολουθιών. Χρησιμοποιούμε το μέγιστο σκόρ που βρήκαμε, για να βρούμε αν υπάρχουν και άλλες επικαλύψεις με το ίδιο σκόρ στο πίνακα τον σκόρ, και αν υπάρχουν αποθηκεύουμε την θέση τους σε ένα πίνακα indexes. Στο τελικό loop χρησιμοποιούμε όλα τα indexes των επικαλύψεων που πέτυχαν το μεγαλύτερο σκορ επικάλυψης για να τις απεικονίσουμε. Τέλος εμφανίζουμε τις καλύτερες στοίχισεις επικάλυψης μεταξύ των δύο ακολουθιών μαζί με το σκόρ.

## Αποτελέσματα

Χρησιμοποιήσαμε το παράδειγμα του βιβλίου σαν εκτέλεση και χρήση αποτελεσμάτων, γιατί το αποτέλεσμα των ακολουθιών είναι πολύ μεγάλο.



# Άσκηση 6.23

## Εκφώνηση

*«Διατυπώστε έναν αλγόριθμο που υπολογίζει τη βέλτιστη στοίχιση προσαρμογής. Εξηγήστε πώς συμπληρώνεται η πρώτη γραμμή και η πρώτη στήλη του πίνακα δυναμικού προγραμματισμού και γράψτε μια σχέση επανάληψης για τη συμπλήρωση του υπόλοιπου πίνακα. Παρουσιάστε μια μέθοδο που βρίσκει την καλύτερη στοίχιση συμπληρωθεί ο πίνακας. Ο αλγόριθμος θα πρέπει να εκτελείται σε χρόνο O(nm).»*

## Ψευδοκώδικας

seq1 = lysozyme.Sequence

seq2 = nucleo.Sequence

Δημιουργία του πινακα\_ταιριάσματος

Δημιουργία πίνακα F γεμάτος με 0

Για στήλη j από 0 μέχρι n-1:

F(πρώτη\_γραμμή, j) = -j //για όλη την πρώτη γραμμή

Τέλος\_επανάληψης

Για γραμμή j από 0 μέχρι m-1

F(j, πρώτη\_στήλη) = -j // για όλη την πρώτη στήλη

Τέλος\_επανάληψης

Για i από 2 μέχρι τέλος\_στήλης

Για j από 2 μέχρι τέλος\_γραμμής

ταίριασμα = F(i-1, j-1) + πίνακα\_ταιριάσμτος (nt2int(seq1(i-1), nt2int(seq2(j-1));

διαγραφή = F(i-1, j) -1;

εισαγωγή = F(i, j-1) -1;

μέγιστο\_μπλοκ= [ταίριασμα, διαγραφή, εισαγωγή]

F(i, j) = μέγιστο(μέγιστο\_μπλοκ)

Τέλος\_επανάληψης

Τέλος\_επανάληψης

Δήλωση πίνακα AlignmentA = []

Δήλωση πίνακα AlignmentB = []

Δήλωση πίνακα Alignment = []

σκορ = F(i, j)

(σκορ, δείκτης] = μέγιστο (F(:, n))

i = μέγιστο((F(:, n)==σκορ))

σκορ = 0

Όσο j>1 επανέλαβε

Αν(i>1 KAI j>1 KAI F(i,j) == F(i-1, j-1) +ταίριασμα

Alignment = [seq1(i-1) AlignmentA]

Alignment = [seq1(j-1) AlignmentB]

Αν (seq1(i-1) == seq2(j-1)

Καταχώρησε ‘|’

Αλλιώς

Καταχώρησε ‘:’

Τέλος\_αν

σκορ = σκορ + F(i, j)

i = i-1

j = j-1

Αλλιώς\_αν (j>1 KAI F(i,j) == F(i, j-1)-1)

AlignmentA = [seq1(i-1) AlignmentA]

AlignmentB = καταχώρησε ‘-’

Alignment = καταχώρησε ‘ ’

σκορ = σκορ + F(i , j)

i = i-1

Αλλιώς\_αν (j>1 KAI (F(i, j) == F(i, j-1) -1))

AlignmentA = καταχώρησε ‘-’

AlignmentB = [seq2(j-1) AlignmentB]

Alignment = καταχώρησε ‘ ’

σκορ = σκορ + F(i, j)

Τέλος\_αν

Τέλος\_επανάληψης

Όσο AlignmentB(i) == ‘-’

πήγαινε στο επόμενο

Τέλος\_επανάληψης

Εμφάνιση της καλύτερης βαθμολογίας στοίχισης

## Υλοποίηση

Φορτώνουμε τις ακολουθίες και σχηματίζουμε τον πίνακα ομοιότητας όπου έχει 1 μόνο στην κύρια διαγώνιο τού (για τα γράμματα που αντιστοιχούνται μεταξύ τους είναι +1 δηλαδή). Όλα τα υπόλοιπα στοιχεία ισούνται με -1. Δημιουργούμε μία μήτρα μηδενικών F (διαστάσεων mXn όπου m = μήκος πρώτης ακολουθίας +1 , και n = μήκος δεύτερης ακολουθίας + 1).

Για την υλοποίηση της άσκησης θα πρέπει στην ουσία να υλοποιήσουμε τον αλγόριθμο **Needleman–Wunsch** με κάποιες αλλαγές ώστε να κάνει την στοίχιση χωρίς όμως να αφαιρεί στοιχεία της δεύτερης ακολουθίας από το τελικό αποτέλεσμα.

* Γέμισμα μήτρας F

Σε όλη την πρώτή γραμμή της F θα υπάρχουν το σκόρ της πρώτης ακολουθίας με το «κενό» (άρα για i από 1 μέχρι Ν θα είναι -i), το ίδιο και για τα στοιχεία της πρώτης στήλης για τη δεύτερη ακολουθία.

Στο παρακάτω διπλό βρόχο επανάληψης για κάθε κελί θα συγκρίνουμε τη βαθμολογία των γειτονικών κελιών του (δηλαδή πάνω, πάνω-αριστερά και αριστερά κελιά) παίρνοντας κάθε φορά το μέγιστο από αυτά και θέτοντας το στο κελί που είμαστε. Να σημειωθεί εδώ ότι η σύγκριση των βαθμολογίων των γειτονικών κελιών γίνεται ως εξής: α) Αν το πάνω-αριστερά κελί έχει αντιστοιχία χαρακτήρων (δηλαδή ο πίνακα ομοιότητας επιστρέφει 1), τότε η βαθμολογία του κελιού αυτού θα είναι η ήδη υπάρχουσα + 1 για τη σύγκριση, αλλιώς -1, β) Για τις περιπτώσεις των αριστερών και πάνω κελιών, που σημαίνουν διαγραφή ή προσθήκη τότε η βαθμολογία του εκάστοτε κελιού θα είναι η ήδη υπάρχουσα -1 για τη σύγκριση.

Έχοντας τη μέγιστη τιμή από αυτά τα τρία κελιά γεμίζουμε κάθε φορά και ένα κελί και μέσω αυτής της διαδικασίας γεμίζει ολόκληρη η μήτρα F.

* Εύρεση καλύτερης στοίχισης προσαρμογής

Δημιουργούμε 3 πίνακες AlignmentA, AlignmentB, Alignment όπου θα χρησιμοποιηθούν για την εμφάνιση των τελικών ακολουθιών προσαρμογής. (Ο πίνακας Alignment είναι για την εμφάνιση των συμβόλων «|,:» που είναι για την αντιστοίχιση συμβόλων.

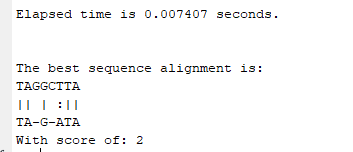
Τώρα για την εύρεση της καλύτερης στοίχισης προσαρμογής από τη μήτρα F θα ακολουθήσουμε την εξής ιδέα :

Αρχικά θα βρούμε τη καλύτερη βαθμολογία σε όλη την τελευταία στήλη. Αυτό θα το κάνουμε ώστε να ξεκινήσουμε την διαδικασία του backtracking από την αντιστοιχία που δίνει τη μέγιστη συνολική βαθμολογία μεταξύ του τελευταίου γράμματος της δεύτερης ακολουθίας (ακολουθίας προσαρμογής) με το εκάστοτε γράμμα της πρώτης ακολουθίας. Άρα ξεκινώντας από αυτή τη θέση στη μήτρα F κάνουμε backtracking εξασφαλίζοντας ότι η ακολουθία προσαρμογής θα μείνει όπως είναι και απλά θα έχουμε πια την πιο όμοια υπο-ακολουθία της πρώτης ακολουθίας για να τη συγκρίνουμε.

Τέλος στη διαδικασία του backtracking, ελέγχουμε κάθε φορά αν με βάση τους κανόνες σύγκρισης των κελιών που αναφέραμε πριν, τα κελία έχουν τις αντίστοιχες τιμές και ανάλογα συγκρίνουμε αν τα γράμματα των ακολουθιών που συναντάμε στο «μονοπάτι» είναι ίδια η διαφορετικά, και ανάλογα αν κάνουμε αντικατάσταση, προσθήκη ή αφαίρεση προσθέτουμε τους κατάλληλους χαρακτήρες ή σύμβολα στους αντίστοιχους πίνακες Alignment που αναφέραμε πριν.

Σημαντικό είναι να αναφέρουμε ότι λόγο της φύσης του αλγόριθμου Needleman-Wunch μπορεί να υπάρχουν παραπάνω από μία βέλτιστες στοιχίσεις ακολουθιών προσαρμογής επειδή στο backtracking γίνεται διακλάδωση σε διαφορετικά μονοπάτια αν υπάρχει ισότητα στις τιμές των γειτονικών κελιών.

## Αποτελέσματα

Χρησιμοποιώντας το παράδειγμα του βιβλίου σελ. 250 λάβαμε την εξής ορθή στοίχιση προσαρμογής:

# Άσκηση 6.37

## Εκφώνηση

«*Επινοήστε έναν αποδοτικό αλγόριθμο για το πρόβλημα της Χιμαιρικής Στοίχισης*»

## Ψευδοκώδικας

Για a από 1 μέχρι μέγεθος(ακολουθίας αμινοξέων)

seq = μετέτρεψε σε ακολουθία νουκλεοτιδίων

Δημιουργία πίνακα newSeq []

Δημιουργία πίνακα counts[με 4 ορίσματα για τα στοιχεία]

παρόν\_στοιχείο= αρχικοποίηση με το 1ο στοιχείο της

ακολουθίας seq(1)

Για i από 2 μέχρι μέγεθος\_ακολουθίας

επόμενο\_στοιχείο= seq(i)

Αν το επόμενο\_στοιχειο <> παρόν\_στοιχείο

newSeq = newSeq, παρόν\_στοιχείο

μετρητής = resetCounts(επόμενο\_στοιχειο,

μετρητής)

παρον\_στοιχείο = επόμενο\_στοιχείο

Αλλιώς

[μετρητής, μέγιστο, newSeq]= checkNext()

Αν είναι <>μέγιστο ΚΑΙ (i == length(seq))

newSeq = [newSeq, παρόν\_στοιχείο]

Τέλος\_αν

Τέλος\_αν

Τέλος\_επανάληψης

Τέλος\_επανάληψης

Συνάρτηση μετρητήςAGCT (resetCounts(επόμενο\_στοιχείο,

μετρητής))

πίνακα\_γραμμάτων= [‘A’, ‘C’, ‘G’, ‘T’]

Για k από 1 μέχρι μέγεθος πίνακα\_γραμμάτων

Αν επόμενο\_στοιχείο == πίνακα\_γραμμάτων(k)

μετρητής(k) = 1

Αλλιώς

μετρητής(k) = 0

Τέλος\_αν

Τέλος\_επανάληψης

Επιστροφή μέτρησηAGCT= [μετρήσεις για τα στοιχεία(

1, 2, 3, 4)]

Τέλος\_συνάρτησης

Συνάρτηση [μετρητήςAGCT, μέγιστο, νεα\_ακολουθ] = checkNext(επόμενο\_στοιχείο, μετρητής, ακολουθία, παρόν\_στοιχειο)

πίνακα\_γραμμάτων= [‘A’, ‘C’, ‘G’, ‘T’]

Για k από 1 μέχρι μέγεθος πίνακα\_γραμμάτων

όρια = [6, 11, χωρίς\_προσδιορισμό, χωρίς\_προσδιορισμό]

Αν επόμενο\_στοιχείο == πίνακα\_γραμμάτων(k)

μετρητής(k) = μετρητής(κ) + 1

Αν μετρητής(k) = όρια(k)

ακολουθία = [ακολουθία, παρόν\_στοιχείο]

μετρητής(k) = 0 //μηδενισμος μετρητή για νέα μέτρηση

μέγιστο = αληθής

Αλλιώς

μέγιστο = ψευδής

Τέλος\_αν

Τέλος\_αν

Τέλος\_επανάληψης

νεα\_ακολουθ = ακολουθία

επιστροφή μετρητηAGCT(μετρήσεις για τα στοιχεία(1, 2, 3, 4)]

Τέλος\_συνάρτησης

## Εύρεση ακολουθιών αμινοξέων και νουκλεοτιδίων

Ψάχνοντας τον κωδικό 1BBT για το καψίδιο βρίσκουμε στην ιστοσελίδα του RCSB τις 4 ακολουθίες αμινοξέων για τις 4 μορφές του FOOT AND MOUT DISEASE VIRUS. Έχοντας τις 4 ακολουθίες αμινοξέων για κάθε μία χρησιμοποιούμε την εντολή του matlab aa2nt όπου μετατρέπει ακολουθίες αμινοξέων σε ακολουθίες νουκλεοτιδίων. Έτσι αποτυπώνουμε και την αμινοξική ακολουθία του ιού και την νουκλεοτιδική ακολουθία του ιού.

## Υλοποίηση

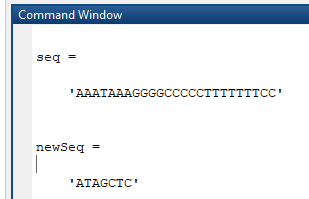
Αρχικά φορτώνουμε την ακολουθία που είναι προς επεξεργασία στη μεταβλητή seq. Δημιουργούμε τους πίνακες newSeq όπου θα αποθηκεύσει την νέα ακολουθία, και το πίνακα counts όπου είναι σαν «μετρητής» για τις συνεχόμενες εμφανίσεις του κάθε γράμματος στην ακολουθία. Στο δεύτερο loop ελέγχεται αν το επόμενο στοιχείο της ακολουθίας είναι ίδιο με το αυτό στο οποίο βρίσκεται τώρα, όπου στην αρχή αρχικοποιούμε ως πρώτο στοιχείο το πρώτο γράμμα της ακολουθίας. Αν δεν είναι τότε προσθέτει στο πίνακα newSeq το παρόν στοιχείο. Καλεί την συνάρτηση resetCounts όπου θα επαναφέρει το μετρητή (που κρατάει τις συνεχόμενες εμφανίσεις για τα στοιχεία). Το επόμενο στοιχείο γίνεται το παρόν και το loop συνεχίζει. Αν είναι ίδια τα γράμματα τότε καλείτε η συνάρτηση checkNext όπου ελέγχει πιο είναι το επόμενο στοιχείο μετά από αυτό που βρισκόμαστε τώρα, λαμβάνοντας υπόψιν και τους περιορισμούς που έχει το κάθε στοιχείο. Αν δεν έχει ξεπεραστεί το μέγιστο πλήθος του περιορισμού ή ακολουθία έχει φτάσει στο τέλος, τότε η νέα ακολουθία (newSeq) είναι η νέα ακολουθία συν το παρόν στοιχείο.

Η συνάρτηση resetCounts δέχεται ως όρισμα το επόμενο στοιχείο της ακολουθίας, τα πλήθη των στοιχείων την ακολουθία και το τωρινό στοιχείο της ακολουθίας. Μετά επαναφέρει τον αριθμό εμφανίσεων όλων των στοιχείων σε 0 και απλά προσθέτει 1 στο στοιχείο που είναι το επόμενο στην ακολουθία. Έπειτα επιστρέφει τον αριθμό εμφανίσεων του κάθε στοιχείου.

Η συνάρτηση checkNext δέχεται ως ορίσματα το επόμενο στοιχείο, το πόσες φορές εμφανίστηκε στην ακολουθία, την ακολουθία και το παρόν στοιχείο. Μετράει το πλήθος των εμφανίσεων του κάθε στοιχείου, λαμβάνοντας υπόψιν και τα όρια, τα οποία δίνονται από την εκφώνηση του βιβλίου (στα όρια προσθέτουμε +1 καθώς στην εκφώνηση λέει ότι γίνεται προσθήκη ενός νουκλεοτιδίου Πολύ-C, και ούτω καθεξής). Έτσι το γράμμα A μπορεί να έχει μέχρι και 6 συνεχόμενα, το γράμμα C μέχρι και 10, ενώ για τα γράμμα G και T, δεν δίνεται τερματικός αριθμός εμφανίσεων. Η συνάρτηση επιστρέφει την νέα ακολουθία, την λογική τιμή αν έχει υπερβεί κάποιο όριο και τον αριθμό των εμφανίσεων του κάθε γράμματος.

## Αποτελέσματα

Όπως και στα προηγούμενα παραδείγματα, χρησιμοποιήθηκε το παράδειγμα του βιβλίου σελ 255 επειδή το μήκος της ακολουθίας από το gunet2 είναι πολύ μεγάλο.



# Άσκηση 11.4

## Εκφώνηση

«*Στο σχήμα 11.7 φαίνεται ένα HMM με δύο καταστάσεις α και β. Όταν το HMM βρίσκεται στην κατάσταση α, έχει την μεγαλύτερη πιθανότητα να εκπέμψει πουρίνες (A και G). Όταν βρίσκεται στην κατάσταση β, έχει μεγαλύτερη πιθανότητα να εκπέμψει πυριμιδίνες (C και T). Αποκωδικοποιήστε την πιο πιθανή ακολουθία των καταστάσεων (α/β) για την αλληλουχία GGCT. Χρησιμοποιήστε λογαριθμικές βαθμολογίες για κανονικές βαθμολογίες πιθανοτήτων.*»

## Υλοποίηση

Δήλωση πιθανοτήτων να παραμείνει στην ίδια κατάσταση ή να αλλάξει

Δήλωση πιθανοτήτων εμφάνισης του κάθε συμβόλου από την κατάσταση στην οποία βρίσκεται

x = Δοθέν\_ακουλουθία (‘GGCT’)

Αρχικοποίηση πιθανοτήτων [ ½, ½] για την κάθε κατάσταση

ακολουθία = x

Αλλαγή πινάκων(ανάστροφος Α, αντίστροφος Β)

[σκορ, καλύτερο\_μονοπάτι] = συνάρτηση viterbi4(αρχικοποίηση\_πιθανοτήτων, Α, Β, ακολουθία)

καλύτερο\_μονοπάτι = καλύτερο\_μονοπάτι (μετά την εκτέλεση

της συνάρτησης)

Εμφάνιση σκορ

Γραμμές 16-17 στο αρχείο ex114.m

Συνάρτηση [μέγιστο, καλύτερο\_μονοπάτι,

δεύτερο\_μονοπάτι]=viterbi4(αρχικοποιήση\_πιθανοτή

των, Α, Β, ακολουθία)

N = μέγεθος (Α, 1)

Μ = μέγεθος (Β, 1)

Τ = μέγεθος(ακολουθίας)

C = πίνακας μηδενικών\_διαστάσεων (Ν, Τ)

πρόβλεψη= μέγεθος(Ν, Τ)

L = μέγεθος(Α, 2)

αρχικοποίηση\_ πιθανοτήτων= log2(αρχικοποίηση\_πιθανοτήτων)

A = log(A)

B = log(B)

P = ??? γραμμή 12

P2 = ??? γραμμή 14

Για i από 1 μέχρι Ν

πίνακας\_μηδενικών = αρχικοποίηση\_πιθανότητας(i)

Τέλος\_επανάληψης

vp = πίνακας\_μηδενικών\_διαστάσεων(T, N, 2)

τελικο\_σκορ = πίνακας\_μηδενικών\_διαστάσεων(1, Ν)

Για t από 1 μέχρι Τ

Για i από 1 μέχρι Ν

v = πίνακας\_μηδενικών\_διαστάσεων (1,Ν)

Για p από 1 μέχρι Ν

Γραμμή 27

Γραμμή 28

Τέλος\_επανάληψης

γραμμή 35

γραμμή 37

Τέλος\_επανάληψης

Τέλος\_επανάληψης

[ μέγιστο\_σκορ, δείκτης] = γραμμή 48 ???

μεγιστο= μέγιστο\_σκορ

πρόβλεψη(Ν, Τ) = δείκτης

t = Τ

καλύτερο\_μονοπάτι = [δείκτης]

Όσο t <> 0

[σκορ, δείκτης] = μέγιστο(πίνακα\_vp(t, :, δείκτης))

καλύτερο\_μονοπάτι = [καλύτερο\_μονοπάτι, δείκτης]

t = t-1

Αν t ==0

Break

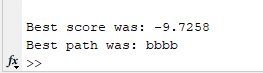
Τέλος\_αν

Τέλος\_επανάληψης

σκορ = μέγιστο\_σκορ

## 1.3 Υλοποίηση

## Αποτελέσματα



# Άσκηση 11.6

## Εκφώνηση

«Θεωρήστε ένα διαφορετικό παιχνίδι στο οποίο ο κρουπιέρης δεν ρίχνει νόμισμα αλλά ζάρι με τρεις πλευρές που έχουν ετικέτες 1, 2, και 3. (Μην προσπαθήσετε να σκεφτείτε την εμφάνιση ενός τέτοιου ζαριού.) Ο κρουπιέρης έχει δύο στημένα ζάρια D1 και D2. Για κάθε ζάρι Di, η πιθανότητα να προκύψει ο αριθμός i είναι ίση με ½ , και η πιθανότητα για τα άλλα δυο αποτελέσματα είναι ίση με ¼ . Σε κάθε γύρο, κρουπιέρης πρέπει να αποφασίσει αν (1) θα κρατήσει το ίδιο ζάρι, (2) θα αλλάξει ζάρι, ή (3) θα σταματήσει το παιχνίδι. Επιλέγει το (1) με πιθανότητα ½ και τα (2) και (3) με πιθανότητα ¼ . Στην αρχή ο κρουπιέρης επιλέγει ένα από τα δύο ζάρια με την ίδια πιθανότητα»

## 1.2 Ψευδοκώδικας

## 1.3 Υλοποίηση

## 1.4 Αποτελέσματα