アルゴリズムとデータ構造

グループワーク

スケジュール概要

- ガイダンス 2020/12/4 14:45 16:15
 - ○開発内容の説明、メンバー顔合わせ等
 - ○オンラインにより実施
- ●開発・発表準備期間 2020/12/4~2021/1/14
- ●発表会準備 2021/1/8 14:45 16:15
 - <u>○オンライン</u>により実施
- ●成果発表会 2021/1/15 14:45 17:45
 - ○オンラインにより実施
- ●報告書等の提出〆切 2021/1/22

- ●グループ全体の評価
 - ○成果物の性能
 - ○成果発表の質
- ●個別の評価
 - ○グループワーク中の各人の貢献度

- ●グループ全体の評価
 - ○成果物の性能
 - 教員が計測 → 成果発表会の日に公開
 - ○成果発表の質
 - ●皆さんが互いに評価、教員の評価
- ●個別の評価
 - ○グループワーク中の各人の貢献度
 - ●皆さんが互いに評価
 - ●報告書

- ●グループ全体の評価
 - ○成果物の性能
 - 教員が計測 → 月
 - ○成果発表の質

- 評価のポイント:
- 発表はわかりやすかったか?
- ・ 提案手法は妥当だったか?
- ・ 提案手法を正しく実装できていたか?
 - ・ 結果の分析は妥当か?
- ●皆さんが互いに評価,教員の評価
- 個別の野畑
 - 各人は、Moodleの "発表評価" から自分が所属していないグループの中で特に良かった発表に投票する。 自グループへの投票は無効。
 - また、なぜ投票したのかコメントも書く.
 - コメントは集計後、皆さんにシェアします。

- グループ全体の証価
 - 各人は、Moodleの "作業評価" からメンバーの の 貢献度を評価します。
 - ●教 貢献度が高いと感じた上位 4 人を順位をつけ ○成果 て選んでください。
 - 自分を選んでもOKです。
- ●個別の評価
 - ○グループワーク中の各人の貢献度
 - ●皆さんが互いに評価
 - ●報告書

キックオフメモの提出(本日〆切)

- 以下の内容を含む文書を作成して、<u>グループの</u> 代表者がMoodle「キックオフメモ」に提出。
 - ○グループ番号
 - ○代表者(提出係)
 - ○メンバー
 - ○作業計画
 - ●例)スケジュール表,作業項目の列挙など.
- PDF形式で作成.
- 分量:A4サイズで1~2枚程度でOK(必要に応じて増量して構わない。)

成果物提出のルール

- プログラムのソースを二つと設定ファイルを提出。
- 提出するプログラムはC言語で記述すること.
- 指定環境(後述)で動作確認すること。
- プログラムは指定の仕様(後述)に従うこと。
- 使用メモリの上限は2Gbyte.
- 提出:
 - 符号化のプログラムはenc_グループ番号.c, 復号化用のプログラムはdec_グループ番号.c, 設定ファイルをconf_グループ番号.txt として, Moodleの「成果物提出」にグループの代表者が提出.
 - 例: グループ番号が0の場合は gen_0.c, dec_0.c, conf_0.txt を提出する。

性能評価

- 実行速度(CPU時間),容量(後述),費用(後述), 精度(後述)を評価指標とする。
- 各グループの得点は以下により求める.
 - 各指標の順位の総和を加算.
 - 各指標の 1 ~ 4 位にはそれぞれ, -10, -5, -2, -1を加算.
 - また, 「精度」に関してのみ, 最下位から数えて3番目までのグループにそれぞれ 15, 10, 7を加算.
 - 中間計測に参加するグループには, -1を加算。 (不具合確認のためにも, 参加をお勧めします。)
- 例えば、実行速度で1位、容量で5位、費用で6位、精度で20位で、中間計測に参加した場合の得点は、1.10 + 5 + 6 + 20 + 15 27
 - 1 10 + 5 + 6 + 20 + 15 = 37
- 得点は低いほど良い.

中間計測

- ●参加の是非は自由.
- 2020/12/20, 23:59までに途中結果を提出したグループに関しては、本番と同様の方法で計測を行って、結果を公表します。
 - ○グループ番号を知られたくない場合は,コード ネームを使用可能.提出時に要望してください.
- 提出方法:本番の時と同じフォーマットでMoodleの「中間計測用提出」から<u>グ</u>ループの代表者が提出。

成果発表

- 成果物に関する発表をする.
 - どのような方針で取り組んだのか?
 - 方針を実現するためにどのような方法論を用いたのか?その方 法論を用いた根拠は?
 - 実際にそれはうまくいったのか?
 - うまくいった(若しくはうまくいかなかった)要因の分析など
- グループの全員がスライドを用いて、オンライン会議室にて発表(120分程度を予定。)
- 発表資料は2021/1/12までにMoodleの「成果発表会用資料提出」にグループの代表者が提出。(PDFだけでなく、動画でもOK.)
- 成果発表の詳細は後日案内します.

報告書の提出

- 以下の内容を含む文書(pdf)を作成し、2021/1/22までに各自がMoodleの「報告書提出」に提出。
 - ○提案手法の説明
 - ○提案手法の評価
 - 自分貢献(どんな役割を果たしたかを具体的に説明.)
 - ○発表会での質疑応答
 - 自分のチームの発表のみならず、他のチームの発表に参加した際の質疑応答についてもまとめる。
 - ○考察
 - 作業を進める上で難しかったこと、またそれをどうやって解決したか.
 - 提案手法について、どのような改善が望めるか。

提出〆切&作業スケジュール

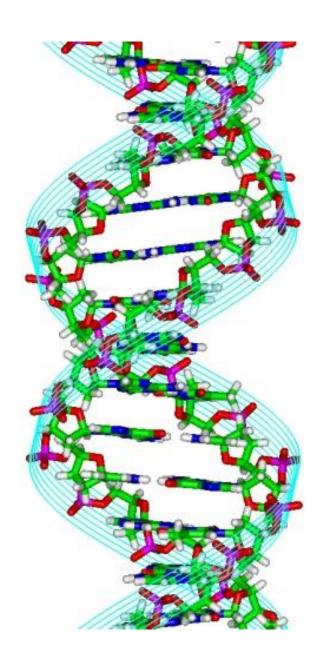
- **2020/12/4, 23:59**
 - 提出物: キックオフメモ
 - 提出先: Moodle 「キックオフメモ」
- 2020/12/20, 23:59 (オプション)
 - 提出物: 中間計測用のプログラム群(cファイル2つとテキストファイル)
 - 提出先: Moodle 「中間計測用提出」
- **2021/1/8, 23:59**
 - 提出物: 最終評価用のプログラム群 (cファイル2つとテキストファイル)
 - 提出先: Moodle 「成果物提出」
- **2021/1/12, 23:59**
 - 提出物: 発表資料
 - 提出先: Moodle 「成果発表会用資料提出 |
- 2021/1/15, 23:59
 - 作業: 発表評価(Moodle 「発表評価」)※ ただし、評価したいグループの選択は授業時間中に行うこと。
- **2021/1/22, 23:59**
 - 提出物: 報告書
 - 提出先: Moodle 「報告書提出」
 - 作業: 作業評価(Moodle 「作業評価」)

課題:DNAストレージ

01001010101(1 01010100101(10010000.00111101010



01001010101(1 01010100101(10010000.00111101010



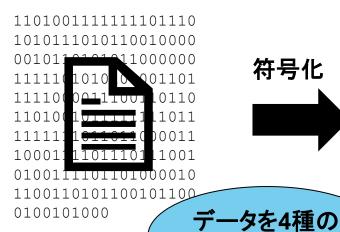


DNA人工 合成装置





DNA塩基配列決定装置 (シークエンサー)





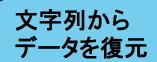
文字で表現

TCATTTTCTC CCTCCGCAAA GTCCCGAACT TCCCAATCTT AATGCGTCGG CCTTTGTTTT GTCGACTACT GTGTGCCATT CGGACCGCGG TAGTACAGGA





読み出し





TCATTTTCTC CCTCCGCAAA GTCCCGAACT TCCCAATCTT AATGCGTCGG CCTTTGTTTT GTCGACTACT GTGTGCCATT CGGACCGCGG TAGTACAGGA

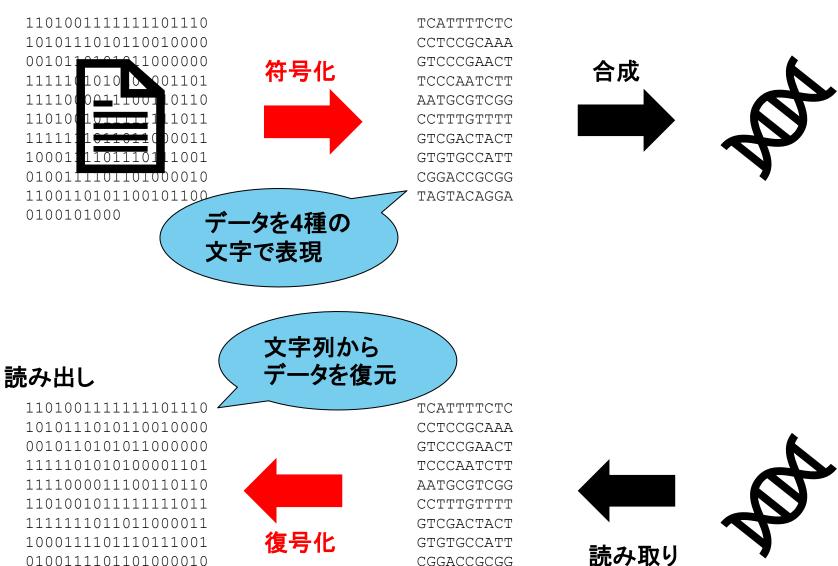


読み取り



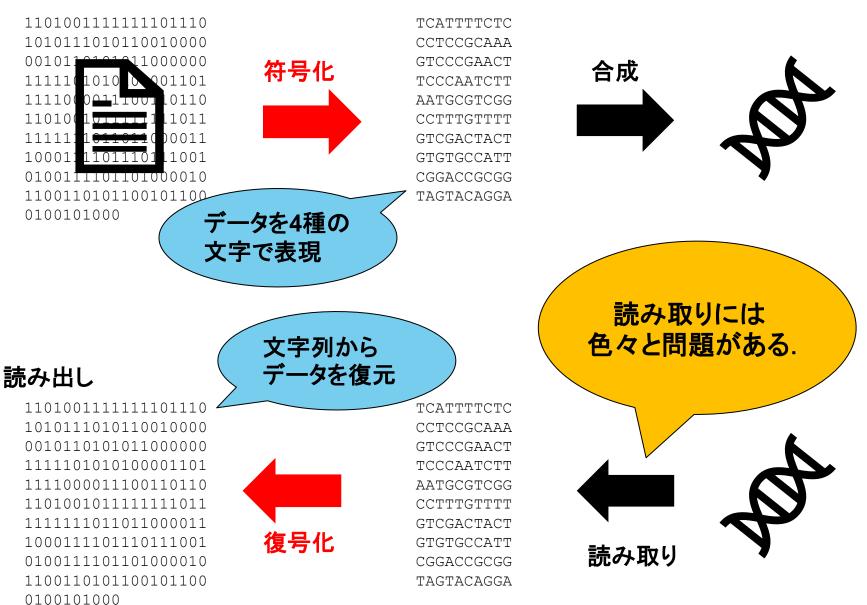
1100110101100101100

0100101000



TAGTACAGGA

性能の良い符号化・復号化の手法を考案してほしい.



性能の良い符号化・復号化の手法を考案してほしい.

読み取りの際の問題

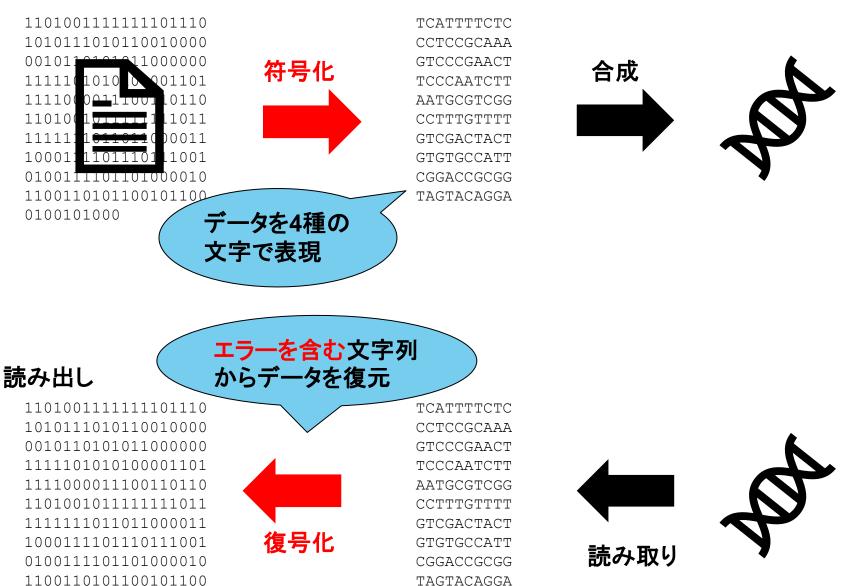
●NP方式

- TCATTTTCTC
- ○挿入, 欠損エラーが生じる. TCATTITTCTC
- ○同じ文字が続いていると間違えやすくなる.
- ●BS方式

- TCATTTTCTC
- ○置換エラーが生じる. TCATTATCTC
- ○続けて25文字しか読み取れない.
- ○25文字がシャッフルされて出力される.



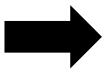
0100101000



性能の良い符号化・復号化の手法を考案してほしい.

計算時間

符号化



TCATTTTCTC
CCTCCGCAAA
GTCCCGAACT
TCCCAATCTT
AATGCGTCGG
CCTTTGTTTT
GTCGACTACT
GTGTGCCATT
CGGACCGCGG
TAGTACAGGA





容量:符号化後の データの大きさ

精度:元データと復元データ のハミング距離

読み出し

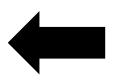
計算時間



復号化

TCATTTTCTC
CCTCCGCAAA
GTCCCGAACT
TCCCAATCTT
AATGCGTCGG
CCTTTGTTTT
GTCGACTACT
GTGTGCCATT
CGGACCGCGG
TAGTACAGGA

費用:読み取りの回数×1回 当たりのコスト







性能の良い符号化・復号化の手法を考案してほしい.

- ●元のデータ ビット列 $B=b_1,b_2,...,b_N$, $(b_i \in \{1,0\})$
- ・符号化後のデータ(要作成) 塩基配列 $X = x_1, x_2, ..., x_M, (x_i \in \{A, C, G, T\})$
- ●シークエンスデータ 読み取り方を指定可能(要指定) 塩基配列 $S = s_1, s_2, ..., s_L$, $(x_i \in \{A, C, G, T\})$
- ●復号化後のデータ(要作成) ビット列 $V=v_1,v_2,...,v_N$, $(v_i \in \{1,0\})$
- 評価指標
 - ○計算時間: XとVの生成時間の合計、容量: M
 - ○精度:*B* と*V* のハミング距離,費用:後述

- $N: 2 \times 10^5, M < 10^8$ とする.
- ●NP方式
 - ○エラー生起確率:同一塩基の連続: 1/16, それ 以外:1/256, 挿入と欠損は同確率
 - ○費用: 104文字ごとに1 (104未満でも1)
 - ●15000文字読む費用は2
- ●BS方式
 - ○エラー生起確率:1/10, 置換のみ
 - $\bigcirc x_0, x_{25}, ...$ から始まる25文字がランダムにシャッフルされる。25文字に満たない末尾の文字列にはランダムな配列が追加される。
 - ○費用: 10⁴文字ごとに2 (10⁴未満でも2)
 - ●15000文字読む費用は4

例(N=100の場合)

元データ

符号化したデータ

TCGCGTCCAATAATGCGAGATAAGCCCCGAGCTAGGCGCTCGGAGTCGCT

シークエンスデータ

TCGCGTCCAATAATGCGAGATAAGCCCCGAGCGAGGCGCTTGGAGTCGCT

復元したデータ

容量:50

費用:2(bs),1(np)

元データと復元したデータのハミング距離:2

計測に関して

- ●実行速度
 - ○計測環境(予定)
 - OS: Ubuntu 16.04LTS
 - **gcc:** v5.4.0
 - CPU: Xeon E52643-v3 or Core i7-6700K
 - ○20分で打ち切り

配布物

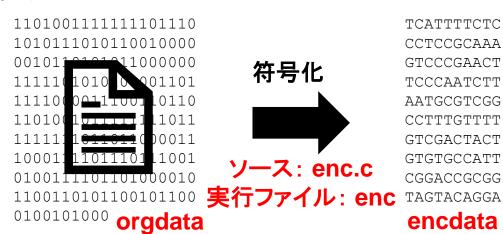
- ・プログラム
 - ○grpwk20.tar ※ tar xvf grpwk20.tarで解凍
 - ○一連の手順を実行できるプログラム群
- ・データ
 - OGrpwk20_data_smpl.tar
 - ○各データの例
 - ○ただし、これらは上記のプログラムで生成できる。

配布プログラム

- gen.c
 - 入力ファイル:なし、出力ファイル:orgdata
- enc.c (要作成. 配布物は単純に2ビットを一塩基に変換しただけ.)
 - 入力ファイル:orgdata,出力ファイル:encdata
- syn.c
 - 入力ファイル:encdata,出力ファイル:syndna
- seq.c
 - 入力ファイル:syndna,出力ファイル:seqdata
- dec.c (要作成. 配布物はseqdataの一行目のみを復号しただけ.)
 - 入力ファイル:seqdata,出力ファイル:decdata
- eval.c
 - 入力ファイル:orgdata, decdata
- ※ 入出カファイルは全て、実行ファイルと同じ場所に置くこととする.

入出力ファイル仕様

- orgdata: '0', '1'から成る文字列. 末尾に改行.
- encdata : 'A', 'C', 'G', 'T'から成る文字列. 末尾に改 行.
- syndna : 'A', 'C', 'G', 'T'から成る文字列. 末尾に改 行.
- seqdata : A', 'C', 'G', 'T'から成る複数の文字列. ○500M Byte以下とすること.
- decdata: '0', '1'から成る文字列. 末尾に改行.





ソース: enc.c

TCATTTTCTC CCTCCGCAAA GTCCCGAACT TCCCAATCTT AATGCGTCGG CCTTTGTTTT GTCGACTACT GTGTGCCATT CGGACCGCGG

encdata





syndna

読み出し decdata

ソース: dec.c 実行ファイル: dec



seqdata

TCATTTTCTC CCTCCGCAAA GTCCCGAACT TCCCAATCTT AATGCGTCGG CCTTTGTTTT GTCGACTACT GTGTGCCATT CGGACCGCGG TAGTACAGGA



読み取り



実行方法

tar xvf grpwk20.tar cd grpwk20 make chmod 755 test.sh ./test.sh 1 0 0 0 0 0

※ test.shの引数は、seqの引数と同じとする.

提出に関して

- 符号化,復号化プログラムはそれぞれ,一つの C言語ファイルとしてください. プログラム内でgrpwk20.hは含めてOK.
- 設定ファイル
 - ○1行目: ライブラリのオプション-lmの使用の有無 (使用する場合1, 使用しない場合0)
 - ○2行目:seqの引数
- 設定ファイルの例と実行例

1 1 0 0 1 0 0



gcc gen.c –o gen –lm seq 1 0 0 1 0 0

seq (読み取り) の仕様

●引数

- ○1番目:bsの読み取り回数
- ○2番目:bsの読み取り開始位置 ※位置は0から数える.
- ○3番目:bsの読み取り長
- ○4番目:npの読み取り回数
- ○5番目:npの読み取り開始位置 ※位置は0から数える.
- ○6番目:npの読み取り長
- ※ 読み取り長に0を指定した場合は、末尾まで読み取られる.

• 出力:

- 出力はseqdataに書き込まれる
- 一回当たりの読み取り結果は一行の文字列
- bs,npの順に出力される

(例) 0番目から25文字をbsで1回読 みたい

- ●実行コマンド: seq 1 0 25 0 0 0
- 入力:
 CGTTGCAATGCAATTCGCGCAATATAGTAGGGA AGGATTTTATCGAACTA
- 出力:CGTTGCAATGCCATTCGCGCAATAT

(例) 0番目から25文字をbsで2回読 みたい

- ●実行コマンド: seq 2 0 25 0 0 0
- 入力:
 CGTTGCAATGCAATTCGCGCAATATAGTAGGGA AGGATTTTATCGAACTA
- 出力: CGTTGCAATGCCATTCGCGCAATAT CGTTGCAATGCCATTCGCGCAATAT

(例) 0番目から25文字をnpで1回読 みたい

- ●実行コマンド: seq 0 0 0 1 0 25
- 入力:
 CGTTGCAATGCAATTCGCGCAATATAGTAGGGA AGGATTTTATCGAACTA
- 出力:
 AGTAGGGAAGGATTTATCGAACTA
 ** 判除する がおりなすまとり行くなっている

※削除エラーがあり25文字より短くなっている.

(例) 0番目から25文字をbsで1回読み, 25番目から25文字をnpで1回読みたい

- ●実行コマンド: seq 1 0 25 1 25 25
- 入力:
 GTAAAAGGTCACACTTCTTCCCGAGCGGACGC
 AAATAACTGCACTTTAG
- 出力: GTAAAAGGTCACACTTCTTCCCGAG CGGGACGCAAATAACTGCACTTTAG

動作確認

- ●提出物は、以下の環境で動作することを 確かめてから提出すること。
- OS : ubuntu-20.04.1-desktop-amd64

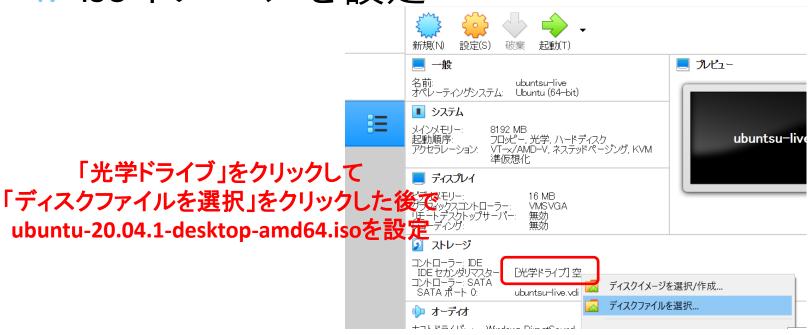
開発:build-essential

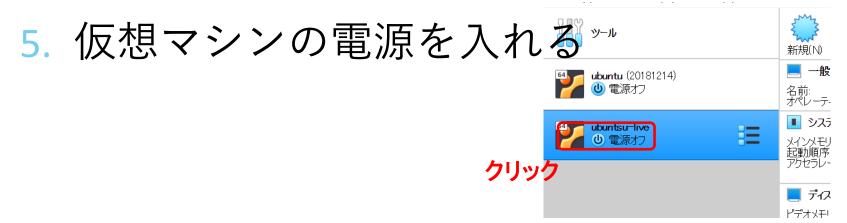
Linux環境をお持ちでない方は、インストールして利用することを推奨しますが、インストールせずに利用することもできます。(次を参照)

- 1. https://releases.ubuntu.com/20.04/ よりubuntu-20.04.1-desktop-amd64.iso を入手
- 2. VirtualBoxをインストール
- 3. 仮想マシンの作成

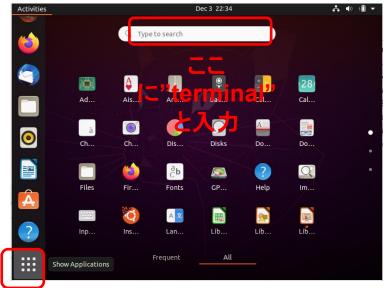


4. isoイメージを設定





6. Live CDを起動





クリック

7. terminalを立ち上げて以下を実行

sudo apt-get install build-essential

enc.c, dec.c の初期状態

- enc.c
 - ○先頭から2ビットを一塩基に置換するだけ
- dec.c
 - ○enc.cと同じ規則で先頭から一塩基を2ビットに置換するだけ
- bsで読んだ場合
 - ○50ビット(文字)ずつシャッフルされたまま出力. 置換エラーもそのまま出力.
- npで読んだ場合
 - ○途中で削除,挿入があると,出力文字にずれが生じる.評価はハミング距離なので,先頭近くで一文字ずれるとほぼ全滅.

どんな方法で解くか?

- 多少冗長でも、エラーに強い符号化の方法はあるだろうか?
- encからdecに伝えたい情報は、すべて塩基配列(encdata)に埋め込まないといけない。何か有用な情報を埋め込めるだろうか?
- ●同じ場所を複数回読みだせば精度は上がるだろうが、コストはかさむ。

●ぜひ活発な議論を

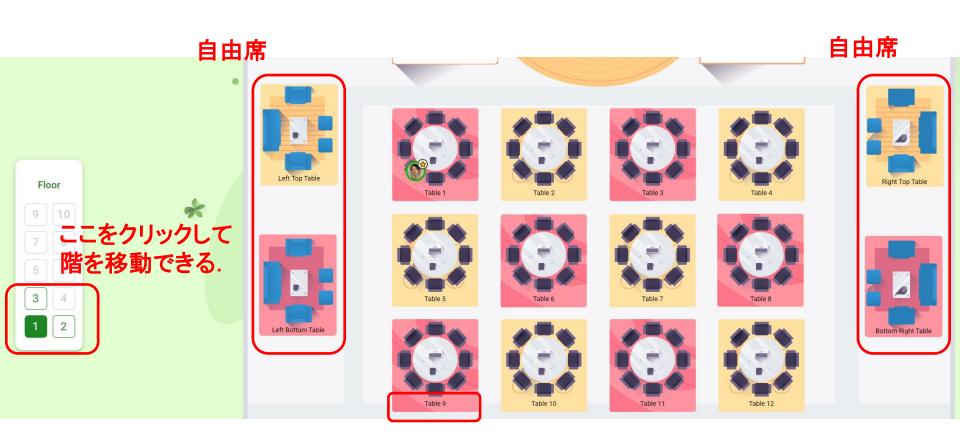
- ●ソースの共有
 - Ogithub (https://github.com/)
 - Oropbox
 - Google Drive

グループディスカッション

- ●各人のグループ番号はgroup.pdfに記載.
- ●オンライン会議システムremoを使います。
- 着席の方法がややこしいので、ご協力お 願いします!

着席の方法

- イベントに入ると、システムが勝手に テーブルを選んで着席させます。
- 自分のグループの番号のテーブルに移動してください。
- ただし!各テーブルには8名までしか着席できないので、移動する場合は、2~3階の「free」のテーブルか、ソファ席を経由して、自分のテーブルの席が空いたら移動してください。



グループ9 のテーブル

※ 1階と2階の一部はグループの席. 2階の一部と3階は自由席.