

SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA

ZAVRŠNI RAD br. 2321

**SWIG - Poravnanje struktura
korištenjem iterativne primjene
Smith-Waterman algoritma**

Bruno Rahle

Zagreb, lipanj 2012.

Umjesto ove stranice umetnite izvornik Vašeg rada.
Da bi ste uklonili ovu stranicu obrišite naredbu \izvornik.

Prve zahvale idu mojoj obitelji. Zahvaljujem se očevom spermiju što me stvorio, mami što me rodila, obitelji što me odgojila. Osim obitelji, zahvala ide i mentoru prof. Mili Šikiću.

SADRŽAJ

Popis slika	vi
Popis tablica	vii
1. Uvod	1
2. Poravnavanje sturktura	3
3. Smith-Watermanov algoritam	4
3.1. Needleman-Wunschov algoritam	4
3.1.1. Ulazni podaci	4
3.1.2. Izlazni podaci	5
3.1.3. Algoritam	5
3.1.4. Primjer	6
3.1.5. Analiza složenosti	6
3.2. Smith-Watermanov algoritam	6
3.2.1. Ulazni podaci	8
3.2.2. Izlazni podaci	8
3.2.3. Algoritam	8
3.2.4. Primjer	9
3.2.5. Analiza složenosti	10
3.3. Procjepi	10
3.4. Memorijska optimizacija	11
3.4.1. Hirschbergov algoritam	11
3.5. Odstranjivanje substitucijske matrice	14
4. Algoritam simuliranog kaljenja	15
4.1. Algoritam	15
4.1.1. Odabir susjeda	16
4.1.2. Računanje energije	16

4.1.3. Računanje vjerojatnosti prihvatanja	18
4.2. Modifikacije	18
4.2.1. Više susjeda	20
4.2.2. Ponovo pokretanje	20
4.3. Parametari	20
5. CUDA tehnologija	22
6. Implementacija	25
6.1. Implementacija simuliranog kaljenja	25
6.2. Implementacija Smith-Watermanovog algoritma	26
7. Rezultati	28
8. Zaključak	30
Literatura	31

POPIS SLIKA

4.1. Kovanje željeza	15
4.2. Rotacija nizova	17
4.3. Translacija nizova	17
4.4. Graf funkcije P	19
4.5. Korištenje više susjeda u algoritmu simuliranog kaljenja	21
5.1. Protok podataka na CUDA grafičkim karticama	23
7.1. Izvođenje programa na proteinima 1d0nA i 2d8bA	29
7.2. Izvođenje programa na proteinu 1a0iA i njegovoj nasumičnoj transformaciji	29

POPIS TABLICA

3.1. Supstitucijska matrica	5
3.2. Matrica F za Needleman-Wunschov algoritam	7
3.3. Matrica R za Needleman-Wunschov algoritam	7
3.4. Matrica H za Smith-Watermanov algoritam	9
3.5. Matrica R za Smith-Watermanov algoritam	10
3.6. Memorijska optimizacija	12
3.7. Hirschbergov algoritam: podijela matrice	12
3.8. Hirschbergov algoritam: pronalazak elementa globalnog poravnanja	13
3.9. Hirschbergov algoritam: odbacivanje polja	13
6.1. Matrica W	26
6.2. Prikaz sporedne dijagonale	27

1. Uvod

Živimo u doba kada velikih promjena. Današnjim generacijama mladih nezamisliv je život bez Interneta i društvenih mreža. Internet, a kamoli društvene mreže, bili su nezamislivi njihovim roditeljima dok su bili mladi. Računala su bila (većinom i ostala) neshvatljiva čuda djedovima i bakama, dok je njihovim roditeljima čak i električna energija strana.

Nije samo računarstvo doživjelo ogromne promjene. Tek pred nešto više od stotinu godina izumljen je automobil. Danas gotovo da ne postoji obitelj koja ne posjeduje barem jedan. Slično vrijedi i za perilicu rublja i televizore.

Još je veliki hrvatski pjesnik Petar Preradović u pjesmi "Mujezin" zapisao "Stalna na tom svijetu samo mijena jest." Ono što danas smatramo znanstvenom fantastikom za nekoliko bi godina moglo postati stvarnost. Kako se povećava ljudsko znanje, tako se povećava i broj pitanja na koje ljudi traže odgovore. Često problemi s kojima se znanost susreće prelaze granice isključivo jedne discipline. Zbog toga je postao običaj da ljudi različitih profila sudjeluju na istom istraživanju.

Postoji čitav niz problema iz biologije koji se danas više ili manje efikasno rješavaju uz pomoć kompjutera. Ti problemi spadaju u područje koje nazivamo bioinformatikom. Glavni problema koje rješava bioinformatika su:

- Analiza nizova (engl. *sequence analysis*).
- Označavanje genoma (engl. *genome annotation*).
- Računska evolucijska biologija (engl. *computational evolutionary biology*).
- Dubinska analiza teksta (engl. *literature analysis, data mining*).
- Analiza izražaja gena (engl. *analysis of gene expression*).
- Analiza nadzora (engl. *analysis of regulation*).
- Analiza izražaja proteina (engl. *analysis of protein expression*).
- Analiza mutacija u raku (engl. *analysis of mutations in cancer*).
- Usporedna genomika (enl. *comparative genomics*).
- Modeliranje bioloških sistema (engl. *modeling biological systems*).
- Visoko-propusna analiza slika (engl. *high-throughput image analysis*).

- Predviđanje struktura proteina (engl. *protein structure prediction*).
- Interakcija među molekulama (engl. *molecular Interaction*).

Problem koji mi rješavamo, poravnavanje struktura, može se staviti u više područja koje smo naveli, budući da im se područja preklapaju. Taj problem bitan je jer, ako ga uspješno riješimo, napravilo smo veliki posao jer bi

- pričaj još o: zašto je problem koji si rješavao bitan, kome koristi, kako se može koristiti i potencijalno za što se sve može koristiti.

- spomeni i grafičke kartice
- cca 2 stranice
- nešto sitno i o grafičkim karticama

2. Poravnavanje struktura

U ovom radu baviti ćemo se rješavanjem slijedećeg problema:

Zadana su nam dva proteina, tj. pozicije u prostoru svakog od atoma koje protein sadrži. Zanimaju nas samo atomi ugljika, a ostali atomi nam nisu interesantni. Želimo jednog od njih transformirati koristeći samo translacije i rotacije tako da se što je moguće više preklapa s drugim. Protein koji ćemo rotirati zvat ćemo protein B , a protein A bit će onaj s kojim ga želimo preklopiti.

Kao rješenje želimo dobiti preklapanje koje će poravnati neki podniz elemenata iz proteina A i B i koje će biti maksimalno za ta dva proteina. Zbog toga nas zanima i rekonstrukcija rješenja.

Da bismo dobili rješenje, koristit ćemo simulirano kaljenje zajedno sa Smith-Watermanovim algoritmom za proračun energije. Taj par algoritama trebao bi moći u "pristojnom" vremenu pronaći neko poravnanje koje je relativno blisko optimalnom.

Inovativnost ovog rada temelji se na tome da ćemo kao arhitekturu koristiti GPU, tj. grafičku procesnu jedinicu. Prednost GPU arhitekture u odnosu na CPU jest to što je GPU masivno paralelan, što znači da imamo velik broj dretvi (broje se u stotinama!) koje nam omogućavaju da stvari rješavamo paralelno. Najzrelija tehnologija koja nudi korištenje grafičkih kartica u svrhu procesiranja podataka je CUDA. Unatoč nekim ograničenjima (npr. radi samo na Nvidijinim grafičkim karticama), odlučili smo koristiti upravo nju za potrebe implementacije rješenja ovog problema.

- detaljan opis problema - cca 1-2 stranice

3. Smith-Watermanov algoritam

Smith-Watermanov algoritam služi nam da bismo pronašli lokalno poravnanje. Osmislili su ga Temple F. Smith i Michael S. Waterman 1981. Temple F. Smith (1981). Temelji se na Needleman-Wunschevom algoritmu (Saul B. Needleman (1970)) te i sam spada u kategoriju algoritama dinamičkog programiranja. Glavna razlika između ta dva algoritma jest što Needleman-Wunschov algoritam prolazi globalno poravnanje.

- napisi jos teksta ovdje.

3.1. Needleman-Wunschov algoritam

Algoritam, kao što je već rečeno, traži globalno poravnanje. To znači da se svi članovi ulaznih nizova moraju poravnati. Dopuštene operacije kada tražimo poravnanje su preklapanje s elementom iz suprotnog niza i ubacivanje praznina u neki od nizova. Sve parove elemenata u dobivenom preklapanju bodujemo i na osnovu te ocjene određujemo sličnost nizova. Konačan rezultat ovog algoritma jest poravnanje koje maksimizira takvu ocjenu, tj. daje maksimalno globalno poravnanje.

Zanimljivost je da je to prvi algoritam dinamičkog programiranja ikada primjenjen u bioinformatički.

3.1.1. Ulazni podaci

1. Dva niza (A i B) proteina ili nukleotida. Zbog jednostavnosti, pretpostavit ćemo da su to nukleotidi iz DNK - adenin (A), timin (T), gvanin (G) i citozin (C). U primjeru ćemo koristiti $A = \text{"ATGCCGTA"}$ i $B = \text{"TGCACTA"}$. Dužinu niza A označit ćemo s N , a dužinu niza B s M .
2. Supstitucijska matrica S , koja nam daje bodove koje dobijemo kada jedan nukleotid preklopimo s drugim. U našem će slučaju imati dimenzije 4×4 , budući da ćemo razmatrati slučaj kada imamo samo četiri nukleotida. U principu će na dijagonali imati pozitivne brojeve, a na ostalim poljima negativne. To znači da nam se najviše isplati

	A	C	G	T
A	10	-3	-9	-1
C	-5	8	-8	-7
G	-5	-4	7	-5
T	-4	-11	-8	9

Tablica 3.1: Primjer supstitucijske matrice koju koristimo

preklapati nukletide istog tipa, jer za to dobivamo bodove, a inače ih gubimo. Primjer jedne takve matrice koju ćemo koristiti i u primjeru:

3. Negativan broj d , koji označava bodove koje dobijemo (tj. izgubimo) kada nukleotid preklopimo s prazninom. U primjeru ćemo koristiti $d = -5$.

3.1.2. Izlazni podaci

1. Broj H , ocjena najboljeg globalnog poravnanja.
2. Dva nova niza jednake dužine, A' i B' , nastala ubacivanjem praznina (označenih najčešće sa '-') u nizove A i B koja predstavljaju najbolje pronađeno poravnanje.

3.1.3. Algoritam

Neka nam matrica F služi za računanje poravnanja. Tada će nam $F_{i,j}$ označavati maksimalan broj bodova koje možemo dobiti kada poravnamo prvih i članova niza A i prvih j članova niza B . $F_{i,j}$ možemo računati rekurzijom na slijedeći način:

$$F_{i,j} = \begin{cases} 0 & \text{ako je } i = 0 \text{ i } j = 0 \\ F_{i-1,j} + d & \text{ako je } i > 0 \text{ i } j = 0 \\ F_{i,j-1} + d & \text{ako je } i = 0 \text{ i } j > 0 \\ \max \begin{pmatrix} F_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \\ F_{i-1,j} + d \\ F_{i,j-1} + d \end{pmatrix} & \text{ako je } i > 0 \text{ i } j > 0 \end{cases}$$

U $F_{N,M}$ će nam stoga pisati maksimalno globalno poravnanje. Primjetite da u niti jednom slučaju nećemo poravnati dvije praznine. Ako bismo to učinili, samo bismo izgubili bodove, budući da je d nužno negativan broj.

Da bismo znali rekonstruirati rješenje, koristit ćemo matricu R . U polju $R_{i,j}$ pisat će koje smo polje matrice F koristili da bi došli u polje $F_{i,j}$. Kako su jedine mogućnosti $F_{i-1,j}$, $F_{i,j-1}$, $F_{i-1,j-1}$ i da nismo došli iz nikog polja (to vrijedi jedino za polje $F_{0,0}$), koristit ćemo redom oznake A , B , O i X .

$$R_{i,j} = \begin{cases} X & \text{ako je } \begin{pmatrix} i = 0 \\ j = 0 \end{pmatrix} \\ O & \text{ako je } \begin{pmatrix} i > 0 \\ j > 0 \\ F_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \geq F_{i-1,j} + d \\ F_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \geq F_{i,j-1} + d \end{pmatrix} \\ A & \text{ako je } \begin{pmatrix} i > 0 \\ j = 0 \end{pmatrix} \text{ ili } \begin{pmatrix} i > 0 \\ j > 0 \\ F_{i-1,j} + d > F_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \\ F_{i-1,j} + d \geq F_{i,j-1} + d \end{pmatrix} \\ B & \text{ako je } \begin{pmatrix} i = 0 \\ j > 0 \end{pmatrix} \text{ ili } \begin{pmatrix} i > 0 \\ j > 0 \\ F_{i,j-1} + d > F_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \\ F_{i,j-1} + d > F_{i-1,j} + d \end{pmatrix} \end{cases}$$

Rekonstrukciju provodimo tako krenemo iz polja $R_{N,M}$ i krećemo se po matrici unazad dok ne dođemo do polja na kojem piše X , tj. $R_{0,0}$. Ako na polju pročitamo O , pomičemo se po dijagonali, tj. u izlazni niz spremimo par (A_{i-1}, B_{j-1}) te smanjimo i i j . Ako pročitamo A , spremamo par $(A_{i-1}, -)$ te smanjimo samo i za jedan. U slučaju da pročitamo B , spremamo par $(-, B_{j-1})$ te smanjujemo j za jedan. Ako smo pročitali X , došli smo do kraja i generirali smo izlazni niz, ali u obrnutom redoslijedu.

3.1.4. Primjer

Tablica 3.2 i Tablica 3.3 sadrže potpuno izračunate matrice F i R . Iz tih podataka lagano je napraviti potpunu rekonstrukciju (polja označena sivom bojom). Stoga zaključujemo da je traženo globlano poravnanje $A' = \text{"ATGCCGTA"}$ i $B' = \text{"-TGCACTA"}$.

3.1.5. Analiza složenosti

Trivijalno je vidljivo da su memorijska i vremenska složenost opisanog algoritma jednake $O(NM)$.

3.2. Smith-Watermanov algoritam

Razlika njega i prethodno opisanog Needleman-Wunschevog algoritma jest u tome što ovaj algoritam traži najbolje lokalno poravnanje. To znači da ne koristi nužno cijele nizove pro-

	-	T	G	C	A	C	T	A
-	0	-5	-10	-15	-20	-25	-30	-35
A	-5	-1	-6	-11	-5	-10	-15	-20
T	-10	4	-1	-6	-10	-15	-1	-6
G	-15	-1	11	6	1	-4	-6	-6
C	-20	-6	6	19	14	9	4	-1
C	-25	-11	1	14	14	22	17	12
G	-30	-16	-4	9	9	17	17	12
T	-35	-21	-9	4	5	12	26	21
A	-40	-26	-14	-1	14	9	21	36

Tablica 3.2: Potpuno izračunata matrica F za Needleman-Wunschov algoritam

	-	T	G	C	A	C	T	A
-	X	B	B	B	B	B	B	B
A	A	O	B	B	O	B	B	O
T	A	O	B	B	A	A	O	B
G	A	A	O	B	B	B	A	O
C	A	A	A	O	B	O	B	B
C	A	A	A	O	O	O	B	B
G	A	A	O	A	O	A	O	O
T	A	O	A	A	O	A	O	B
A	A	A	A	A	O	B	A	O

Tablica 3.3: Potpuno izračunata matrica R za Needleman-Wunschov algoritam

teina ili nukleotida već samo najbližnje uzastopne podnizove. U praksi se koriste nešto poboljšane verzije ovog algoritma.

3.2.1. Ulazni podaci

Vidi Odlomak 3.1.1.

3.2.2. Izlazni podaci

Vidi Odlomak 3.1.2.

3.2.3. Algoritam

U ovom ćemo algoritmu koristiti matricu H za računanje poravnanja. Za razliku od Needleman-Wunschevog algoritma, $H_{i,j}$ ovaj će put označavati rezultat najboljeg lokalnog poravnanja koje koristi A_{i-1} i B_{j-1} . Matricu ćemo popuniti na slijedeći način:

$$H_{i,j} = \begin{cases} 0 & \text{ako je } i = 0 \text{ ili } j = 0 \\ \max \begin{pmatrix} 0 \\ H_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \\ H_{i-1,j} + d \\ H_{i,j-1} + d \end{pmatrix} & \text{ako je } i > 0 \text{ i } j > 0 \end{cases}$$

Primjetite bitnu razliku u odnosu na Needleman-Wunschev algoritam - u ovom slučaju matrica H neće sadržavati negativne brojeve. Rješenje, tj. najbolje lokalno poravnanje više neće pisati na polju $H_{N,M}$. Ono će biti na polju (t, u) na kojem se nalazi najveći broj u matrici.

Da bismo znali rekonstruirati takvo lokalno poravnanje, koristit ćemo matricu R koju gradimo na sličan način kao i kod prethodnog algoritma:

	-	T	G	C	A	C	T	A
-	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	0	0	0	10	5	0	10
T	0	9	4	0	5	0	14	9
G	0	4	16	11	6	1	9	9
C	0	0	11	24	19	14	9	4
C	0	0	6	19	19	27	22	17
G	0	0	7	14	14	22	22	17
T	0	9	4	9	10	17	31	26
A	0	4	0	4	19	14	26	41

Tablica 3.4: Potpuno izračunata matrica H za Smith-Watermanov algoritam

$$R_{i,j} = \begin{cases} X & \text{ako je } H_{i,j} = 0 \\ O & \text{ako je } \begin{pmatrix} i > 0 \\ j > 0 \\ H_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \geq H_{i-1,j} + d \\ H_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \geq H_{i,j-1} + d \end{pmatrix} \\ A & \text{ako je } \begin{pmatrix} i > 0 \\ j = 0 \end{pmatrix} \text{ ili } \begin{pmatrix} i > 0 \\ j > 0 \\ H_{i-1,j} + d > H_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \\ H_{i-1,j} + d \geq H_{i,j-1} + d \end{pmatrix} \\ B & \text{ako je } \begin{pmatrix} i = 0 \\ j > 0 \end{pmatrix} \text{ ili } \begin{pmatrix} i > 0 \\ j > 0 \\ H_{i,j-1} + d > H_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \\ H_{i,j-1} + d > H_{i-1,j} + d \end{pmatrix} \end{cases}$$

Rekonstrukcija se, slično kao i kod Needleman-Wunschevog algoritma, izvodi tako da krenemo iz polja (t, u) i krećemo se po matrici R dok ne dođemo do polja na kojem piše X koje ovaj put ne mora nužno biti polje $R_{0,0}$. Dobiveni niz okrenemo i dobit ćemo traženo poravnanje.

3.2.4. Primjer

Tablica 3.4 i Tablica 3.5 prikazuju potpuno izračunate matrice H i R nakon izvršavanja Smith-Watermanovog algoritma. Iz njih je lako očitati traženo poravnanje: $A' = \text{"TGC-CGTA"}$ i $B' = \text{"TGCAC-TA"}$.

	-	T	G	C	A	C	T	A
-	X	X	X	X	X	X	X	X
A	X	X	X	X	O	B	B	O
T	X	O	B	X	A	A	O	B
G	X	A	O	B	B	O	A	O
C	X	X	A	O	B	O	B	O
C	X	X	A	O	O	O	B	B
G	X	X	O	A	O	A	O	O
T	X	O	B	A	O	A	O	B
A	X	A	O	A	O	B	A	O

Tablica 3.5: Potpuno izračunata matrica R za Smith-Watermanov algoritam

3.2.5. Analiza složenosti

Trivijalno je vidljivo da su memorijska i vremenska složenost i ovog algoritma jednake $O(NM)$.

3.3. Procjepi

Do sada smo razmatrali samo slučaj kada je cijena otvaranja procjepa i njegova proširivanja jednaka (d). Taj slučaj nazivamo *linearnom ocjenom procjepa*, budući da, ako je k dužina procjepa, dk je cijena za taj procjep. U praksi se primjenjuju još dva načina ocjenjivanja procjepa.

Jedan je da za svaki procjep, bez obzira na njegovu dužinu, platimo fiksnu cijenu (c), a nazivamo ga *konstantnom ocjenom procjepa*.

Drugi je kombinacija prethodna dva načina: za svaki procjep plaćamo fiksnu cijenu (c), ali za njegovo produženje plaćamo neku drugu cijenu (d). Takvu funkciju ocjene procjepa nazivamo *Afinom ocjenom procjepa*. Prema tome, za procjep dužine k , platit ćem cijenu jednaku $c + (k - 1)d$. Kako je empirijski pokazano da je ta funkcija u biti parobala, ovakva je ocjena ujedno i najpreciznija. Nažalost, ona otežava računanje matrice H (i R). Problem je najlakše riješiti tako da uvedemo dvije nove matrice H^A i H^B koje će nam pomoći u računanju cijene procjepa. Matrice ćemo onda računati na slijedeći način:

$$\begin{aligned}
H_{i,j} &= \begin{cases} 0 & \text{ako je } i = 0 \text{ ili } j = 0 \\ \max \begin{pmatrix} 0 \\ H_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \\ H_{i-1,j}^A + c \\ H_{i,j-1}^B + c \end{pmatrix} & \text{ako je } i > 0 \text{ i } j > 0 \end{cases} \\
H_{i,j}^A &= \begin{cases} 0 & \text{ako je } i = 0 \text{ ili } j = 0 \\ \max \begin{pmatrix} 0 \\ H_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \\ H_{i-1,j}^A + d \\ H_{i,j-1}^B + c \end{pmatrix} & \text{ako je } i > 0 \text{ i } j > 0 \end{cases} \\
H_{i,j}^B &= \begin{cases} 0 & \text{ako je } i = 0 \text{ ili } j = 0 \\ \max \begin{pmatrix} 0 \\ H_{i-1,j-1} + S_{A_{i-1},B_{j-1}} \\ H_{i-1,j}^A + c \\ H_{i,j-1}^B + d \end{pmatrix} & \text{ako je } i > 0 \text{ i } j > 0 \end{cases}
\end{aligned}$$

Rekonstrukcijska matrica vrlo je slična onoj u izvorno opisanom algoritmu, a kako ćemo u udućem potpoglavlju maknuti potrebu za njom, nećemo je posebno navoditi.

3.4. Memorijska optimizacija

S obzirom da nizovi nukleotida mogu sadržavati i do nekoliko milijuna elemenata, matrica dimenzija NM fizički ne stane u memoriju. Međutim, čim primjetimo da za potrebe generiranja matrice H (a ujedno i H^A odnosno H^B) koristimo samo polja iz trenutnog i prethodnog retka, postaje jasno da nam ostali reci koje smo obradili ranije njih nisu potrebni. Stoga možemo pamtit samo ta dva retka i time korištenu memoriju za proračun matrice H smanjimo na samo $O(\min(N, M))$. Ipak, problem se javlja kada trebamo rekonstruirati rješenje pomoću matrice R , budući da se prilikom rekonstrukcije potencijalno vraćamo se kroz sva njena polja. U nastavku ćemo opisati rješenje tog problema.

3.4.1. Hirschbergov algoritam

Dan Hirschberg osmislio je algoritam koji rješava problem rekonstrukcije globalnog poravnanja u $O(NM)$ vremena koristeći $O(\min(N, M))$ memorije. Njegova ideja temeljena je na metodi *podijeli-pa-vladaj*.

No, prije nego je objasnimo, promotrimo što će se dogoditi s globalnim poravnanjem ako okrenemo nizove A i B . Okrenute nizove nazivat ćemo A^R i B^R , a matrice F^R i R^R . Očito

tome, broj operacija koje napravimo možemo napisati u obliku geometrijskog niza:

$$NM + NM/2 + NM/4 + \dots < 2NM \in O(NM)$$

Time dolazimo do zaključka da je složenost i dalje ostala jednaka do razlike u konstantni, ali je znatno smanjena količina iskorištene memorije, stoga se ova ušteda isplatiti koristiti.

3.5. Odstranjivanje substitucijske matrice

U ovom ćemo radu umjesto substitucijske matrice za usporedbu dva elementa koristiti fizičku udaljenost između dva atoma. Stoga će nizovi A i B biti zapravo nizovi koordinata iz kojih ćemo moći za svaki par elemenata izračunati koordinate.

Neka nam d označava udaljenost između dva atoma, a d_0 neka nam je konstanta (recimo $d_0 = 10$). Tada ćemo im udaljenost ocijeniti s $30 - e^{d/d_0}$.

4. Algoritam simuliranog kaljenja

Algoritam simuliranog kaljenja generička je metoda bazirana na vjerojatnosti koja traži ekstrem neke funkcije u velikom prostoru traženja. Zbog toga što nam ne garantira da će pronaći najbolje rješenje, obično se koristi kada nam je želimo dobiti rješenje koje je prihvatljivo u relativno kratkom vremenu.

Inspiracija za algoritam dolazi iz metalurgije. Metali se prvo grubo obrađuju na visokoj temperaturi, a, kako se hlade, tako obrada postaje sve finija i finija. Drugim riječima, *željezo se kuje dok je vruće*. Taj proces pokušavamo simulirati u ovom algoritmu.



Slika 4.1: Kovanje željeza

4.1. Algoritam

Uvedimo nekoliko definicija:

- S - trenutno stanje.
- S' - stanje koje je susjedno trenutnom.

- $E(s)$ - funkcija koja računa energiju nekog stanja. Želimo pronaći stanje s najmanjom (ili najvećom) energijom.
- S_n - najbolje pronađeno stanje, tj. stanje u kojem je energija najmanja.
- e - energija trenutnog stanja, tj. $E(S)$.
- t - vrijeme proteklo od početka pokusa.
- T - trenutna temperatura. Definiramo je kao $T_0 T_1^t$, gdje je T_0 početna temperatura, a T_1 faktor koji govori koliko se temperatura brzo smanjuje.
- $P(e, e', T)$ - vjerojatnost da prijeđemo u stanje koje ima energiju e' iz stanja koje ima energiju e u trenutku T .

Algoritam se sastoji od ponavljanja slijedećeg niza operacija dok nismo dobili stanje koje ima traženu energiju ili dok vrijeme nije isteklo.

1. Odaberi stanje S' koje je susjedno stanju S .
2. Izračunaj energiju novog stanja $e' = E(S')$.
3. Provjeri ima li novo stanje veću energiju od najboljeg do sada pronađenog stanja. Ako ima, onda je $S_n = S'$.
4. Izračunaj vjerojatnost napredovanja u stanje S' : $p = P(e, e', T)$.
5. Odaberi nasumičan broj iz intervala $[0, 1]$ i ako je manji od p , pomakni trenutno stanje u S' .
6. Povećaj vrijeme t .

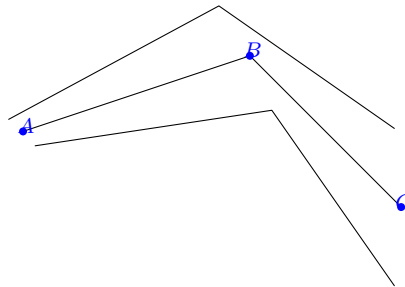
4.1.1. Odabir susjeda

U našem slučaju, odabir susjeda radimo tako uzmemo koordinate atoma te im transliramo sve tri koordinati, a cijeli niz potom rotiramo oko sve tri osi. Time smo osigurali da možemo konstruirati bilo koji drugi izomorfan niz u prostoru.

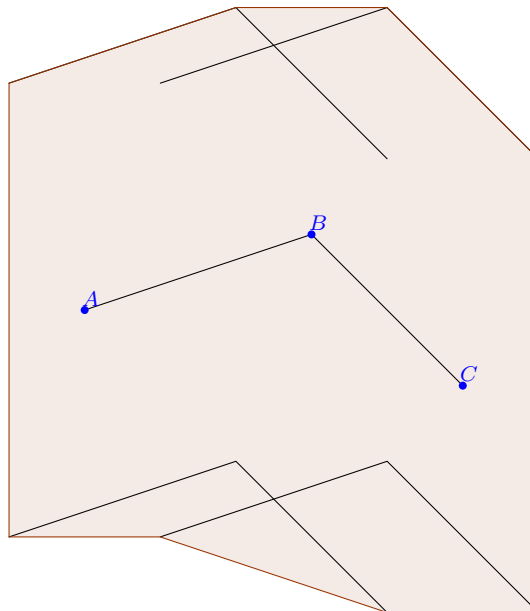
Da bismo bili sigurni da ne radimo prevelike skokove, svaka translacija ili rotacija događa se u određenom intervalu, to jest, nećemo raditi translacije koje za više od x niti rotacije za više od α stupnjeva.

4.1.2. Računanje energije

Za računanje energije, koristimo prethodno opisani Smith-Waterman algoritam. Jedan ulazni niz je onaj koji želimo dobiti transformacijama, dok je drugi onaj za kojeg računamo energiju. Budući da nam rekonstrukcija nije potrebna jer nas zanima samo energija, nju niti ne računamo. Time ćemo dobiti ubrzanje od nekoliko puta.



Slika 4.2: Slika prikazuje maksimalu i minimalnu rotaciju nekog niza. Rotacija se radi oko izvorišta. Iako radimo u 3D prosturu, za primjer je dana 2D rotacija.



Slika 4.3: Slika prikazuje maksimalu i minimalnu translaciju nekog niza. Iako radimo u 3D prosturu, za primjer je dana 2D translacija.

4.1.3. Računanje vjerojatnosti prihvatanja

Rješavanje ovog problema srž je algoritma simuliranog kaljenja. Jasno je da želimo otići u stanje koje ima bolju energiju, pa će nam ova funkcija kada je nova energija veća od trenutne, uvijek vratiti 1, što znači da ćemo sigurno otići u to stanje. Ono što razlikuje ovaj algoritam od klasičnog algoritma *penjanja na brdo* (engl. *hill-climbing*) jest ponašanje u slučaju da je nova energija manja od trenutne.

Simulirano kaljenje, kao što je već rečeno, ponekad ode i u lošija stanja. Hoće li se to dogoditi, ovisi o implementaciji funkcije P . Kako nam inspiracija dolazi iz obrade metala, vjerojatnost da prihvatimo loše stanje veća je na početku nego pri kraju. Također, ako je rješenje puno lošije, ne isplati nam ga se prihvatiti kao trenutno.

Razmotrimo način na koji možemo modelirati vrijeme. Pretpostavimo da nam q označava trenutnu vrijednost funkcije P . Također, uvedimo ograničenje da q mora biti iz intervala $[0, 1]$. Želimo, dakle, da P pada kako vrijeme odmiče. Najjednostavnije što možemo napraviti jest da od q oduzmemo t . Međutim, kako P mora biti u granicama $[0, 1]$ to nije dobro rješenje. Alternativno, ako oduzmemo t/t_{max} , dobili smo rješenje koje je potencijalno u intervalu $[-1, 1]$ i linearno pada ako mijenjamo samo vrijeme. Pokazalo se, međutim, da u "prirodi" nije baš tako. Vjerojatnost, naime, pada eksponencijalno.

Slično razmišljanje vrijedi i za modeliranje razlike u energiji. Što je razlika veća, to nam vjerojatnost prijelaza treba biti manja.

Obično se uzima slijedeća funkcija:

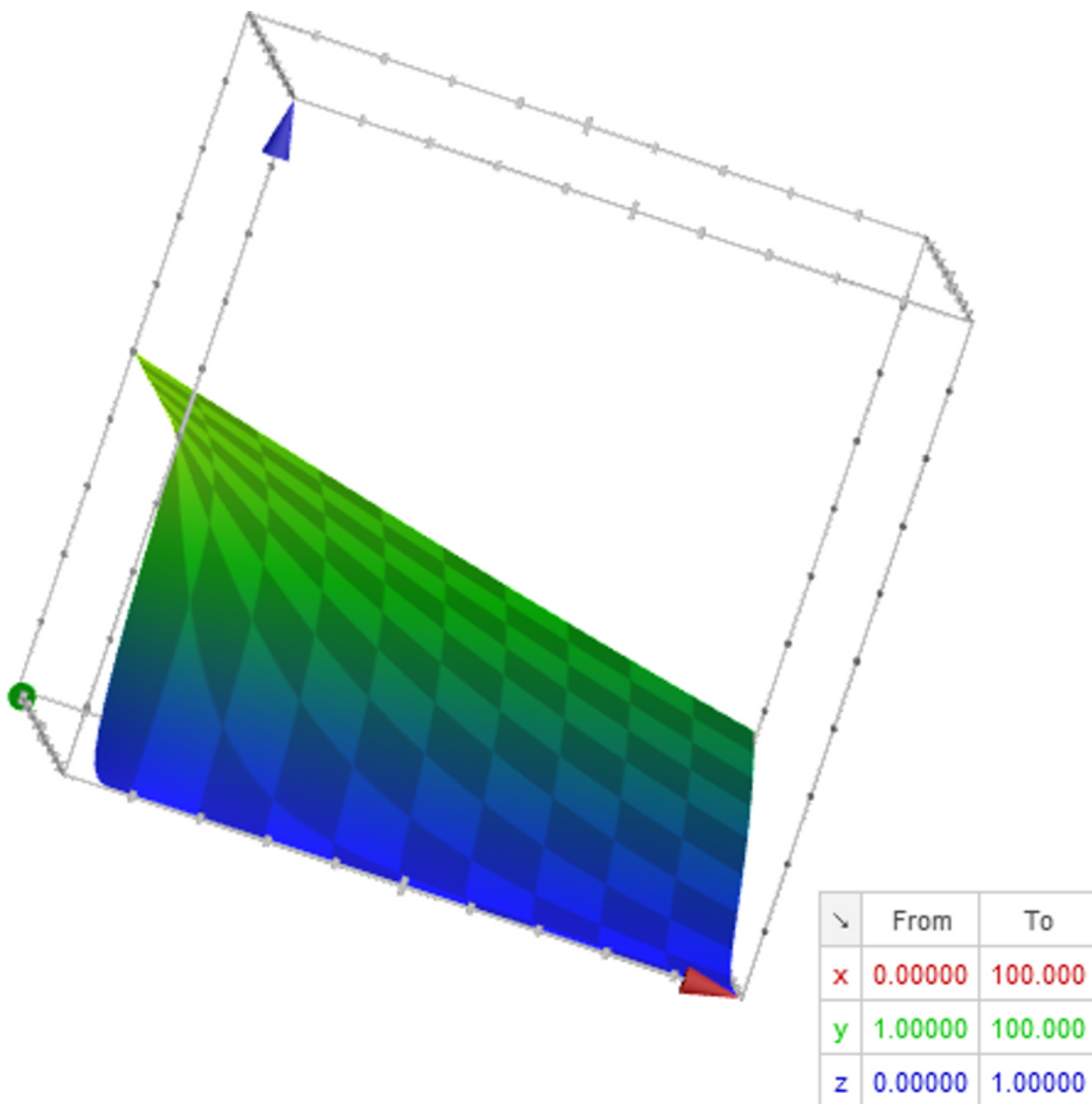
$$P(e, e', T) = \begin{cases} 1 & \text{ako je } e' > e \\ \frac{1}{1 + \exp((e' - e)/T)} & \text{inače} \end{cases}$$

Primjetite da se, umjesto vremena, u njoj govori o temperaturi, koja eksponencijalno pada kako vrijeme odmiče.

Slika 4.4 daje graf funkcije $P(\Delta e, T)$, gdje je $\Delta e = e' - e$. Os x predstavlja Δe , os y je T (bitno je ponoviti da vremenom ova vrijednost pada) te os z prikazuje vrijednost P . Budući da 3D graf prikazujemo na 2D površini, pobjegli smo ga u gradijent s obzirom na njegovu vrijednost kako bismo ga lakše interpretirali.

4.2. Modifikacije

Ovaj algoritam smo nešto prilagodili našoj upotrebi, kako bismo dobili prihvatljivo rješenje što je moguće prije. Budući da je cijeli algoritam baziran na heuristici, a izmjene koje smo napravili ne utječu na točnost, smijemo ih koristiti jer jedina stvar na što utječu su brzina algoritma.



Slika 4.4: Graf funkcije vjerojatnosti prihvatanja P .

4.2.1. Više susjeda

Klasičan algoritam, kako je to gore objašnjeno, koristi samo jedan susjed u svakom koraku. Mi ćemo u našem rješenju koristiti više (k) njih. Od tako dobivenih, uzimamo onaj koji je najbolji i uspoređujemo ga, kako je gore opisano, s trenutnim stanjem.

S obzirom da nam je svaki korak ocjenjivanja relativno skup, time se možemo osigurati rijetko odlazimo u slabija stanja. Međutim, takav pohlepan način odabira može nas dovesti u stanje lokalnog minimuma, iz kojeg se nećemo izvući. Da bismo pokušali otkloniti taj problem, u 10% genirirat ćemo samo jednog susjeda u kojeg ćemo se, ako zadovoljava uvjete, proširiti.

Također, pokazat će se u nastavku, ovime možemo nešto uštedjeti i na korištenju memorije i time povećati efikasnost koju dobijemo kada koristimo grafički procesor za računanje traženih podataka.

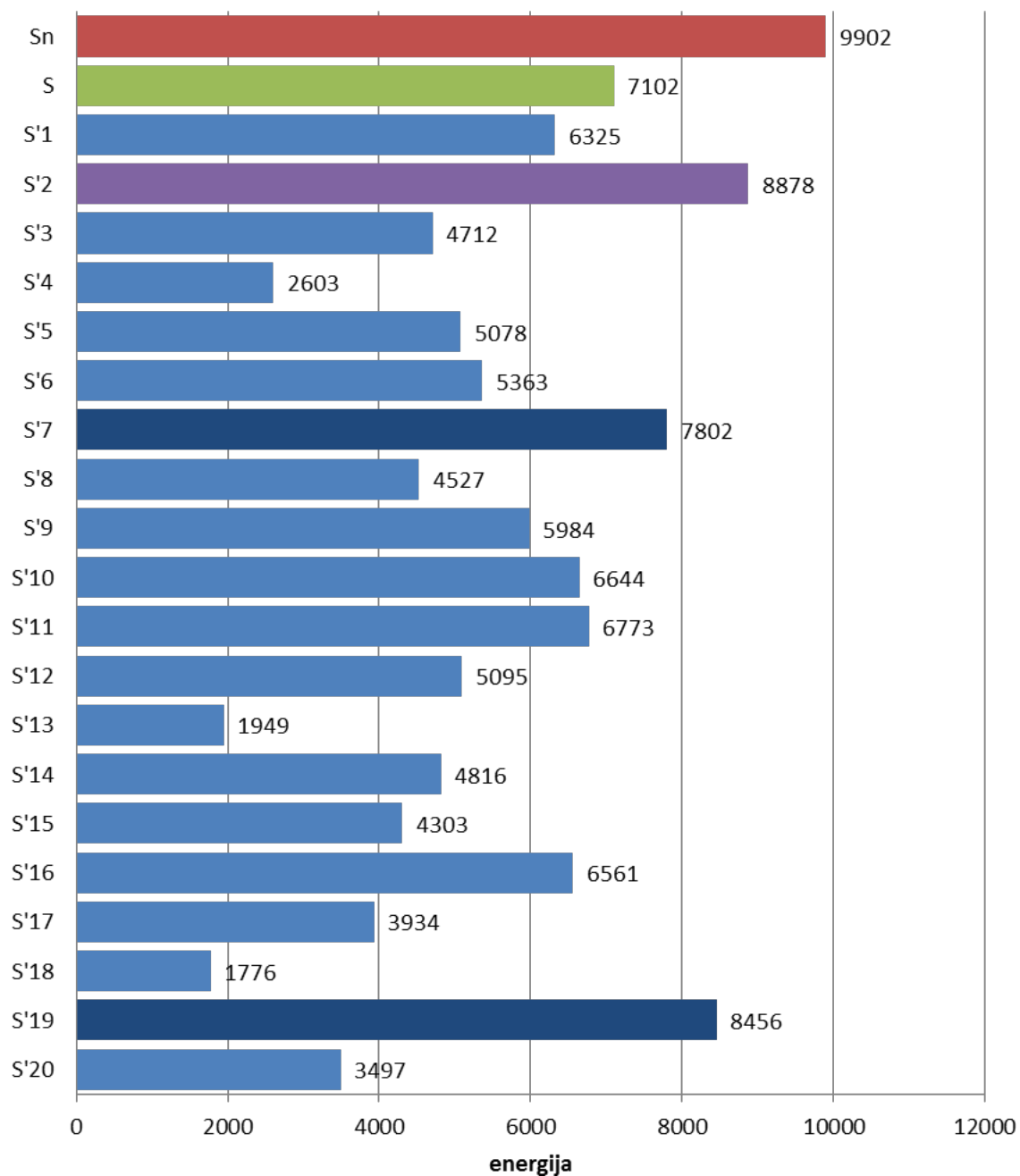
4.2.2. Ponovo pokretanje

Jedna od metoda da se izvučemo iz potencijalnog lokalnog ekstrema jest da ponovo pokrenemo algoritam iz neke prethodne točke. Često se to implementira na način da se promijeni vrijeme (smanji se, tj. postavi se u prošlost). Time se poveća vjerojatnost da izađemo iz nekog lokalnog ekstrema koristeći neka lošija stanja.

U slučaju da se najbolje rješenje nije promijenilo u zadnjih 15 koraka, vrijeme ćemo resetirati da bismo se pokušali pomaknuti iz mogućeg lokalnog ekstrema.

4.3. Parametari

S obzirom da naglasak ovog rada nije bio isključivo na ovom algoritmu, a i na vremenske rokove postavljene na pisanje rada, parametri koji su se koristili u implementaciji nisu previše istraženi.



Slika 4.5: Prikazan je slučaj kada imamo 20 susjeda. Energije svih susjeda koji imaju energiju veću od trenutnog niza su označene tamno-plavom bojom, a jedino je energija najvećeg susjeda, u koju ćemo premjestiti trenutno stanje, pobjana u ljubičasto.

5. CUDA tehnologija

Compute Unified Device Architecture (engl.; računski objedinjena arhitektura uređaja) ili skraćeno CUDA, tehnologija je koja nam omogućuje da upregnemo moć grafičkih čipova na problemima za koje se tipično koristio CPU (odnosno procesor). Kompanija Nvidija razvila ju je za svoje grafičke kartice.

CUDA se smatra najnaprednijim alatom za općenamjensku uporabu grafičke jedinice (engl. GPGPU - *general purpose graphics processing unit*). S obzirom da se grafičke kartice nalaze u gotovo svim računalima, a vrlo se rijetko koriste u svojoj punoj moći (obično samo u računalnim igrama), inženjerima i znanstvenicima palo je na pamet da ne bi bilo loše iskoristiti njihovu snagu u rješavanju općenitijih zadataka.

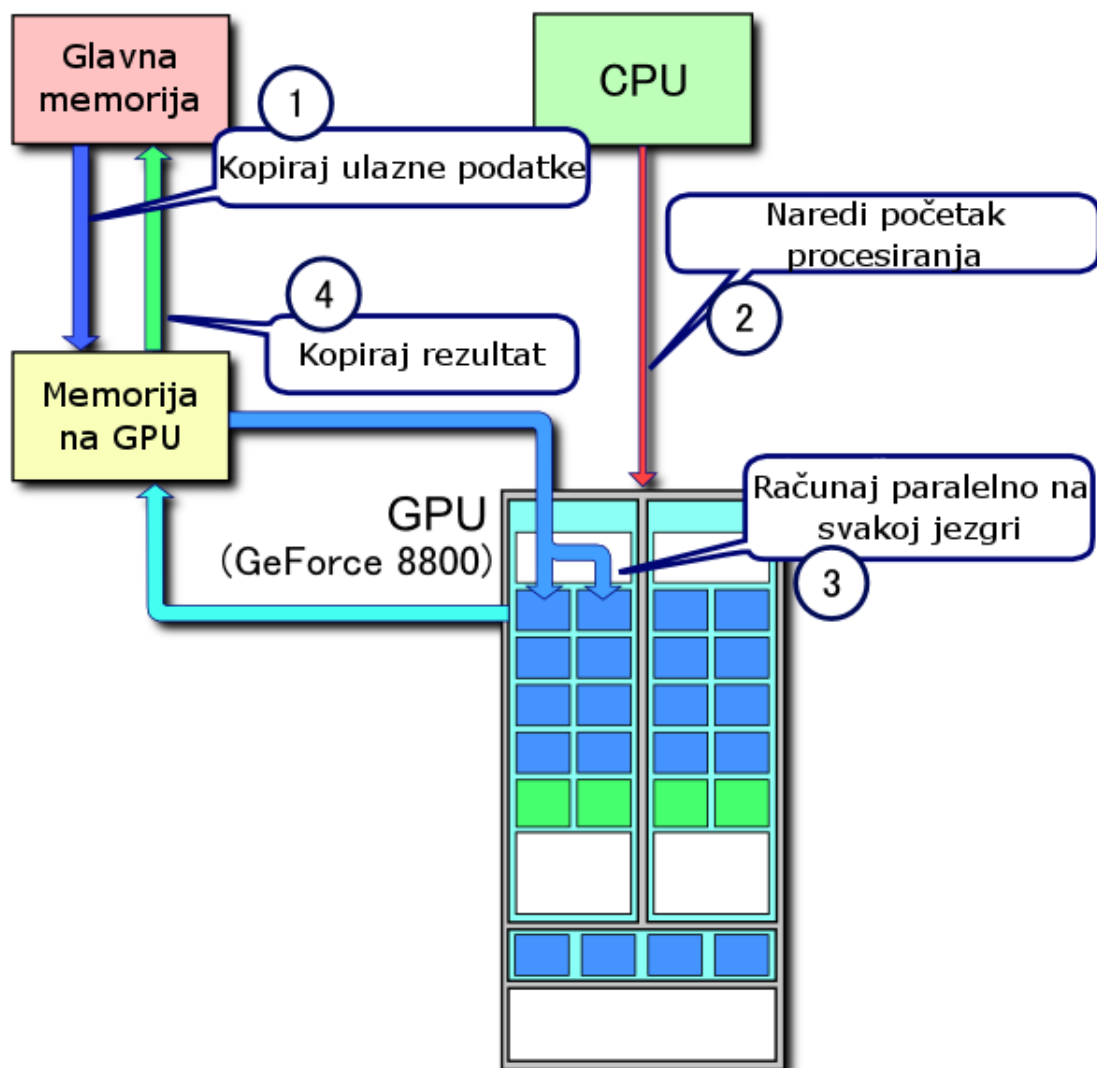
Prva verzija CUDA-inog SDK-a (engl. *software development kit* - oprema za razvoj programske podrške) izdana je 15. veljače 2007. Ona je omogućila korištenje resursa grafičkih kartica jedino u programskom jeziku C. Od tada do danas izdane su još dvije velike iteracije i nekoliko manjih te danas možemo koristiti i podskup jezika C++. Osim službenog SDK-a, za čitav niz programskih jezika, poput Fortrana, Jave, Haskell, Perla, Pythona, Matlaba, napisane su neslužbene poveznice.

Pri radu na CUDA-i, moramo razumjeti slijedeće pojmove:

- Domaćin (engl. *host*) - računalno u kojem se nalazi grafička kartica. Kada kažemo, npr. memorija domaćina mislimo na RAM.
- Uređaj (engl. *device*) - grafička kartica.
- Blok (engl. *block*) - skup dretvi koje se izvršavaju paralelno.
- Mreža (engl. *grid*) - skup blokova koji se izvršavaju paralelno.
- Dretva (engl. *thread*) -
- Osnova (engl. *warp*) - skup dretvi unutar bloka koje se izvršavaju istodobno. Za njih možemo pretpostaviti da su u svakom trenutku na istom mjestu u kodu, pa ih međusobno ne treba sinkronizirati.

Prednosti koje ova tehnologija (odnosno grafičke kartice koje su sposobne koristiti ju) ima nad ostalim GPGPU tehnologijama su slijedeće:

- Nudi pristup bilo kojem dijelu memorije.



Slika 5.1: Protok podataka na CUDA grafičkim karticama. Prvo iz glavne memorije računala (RAM-a) kopiramo podatke u memoriju na GPU-u. Potom procesor naređuje GPU-u da pokrene odgovarajući kernel na nekom broju jezgri. Kada one završe, rezultat se kopira nazad u glavnu memoriju. CUDA SDK nas traži da ručno napravimo korake 1, 2 i 4, a on se brine da se pravilno izvrši korak 3.

- Dretve mogu koristiti brzu zajedničku dijelnu memoriju.
- Podrška za račun s cijelobrojnim tipovima podataka, uključujući i operacije s bitovima.

Nažalost, ništa u životu nije savršeno, pa tako nije niti CUDA. Treba imati na umu da i ona ima i neka ograničenja:

- Učestalo kopiranje memorije između uređaja i domaćina ima loš utjecaj na brzinu izvođenja programa.
- U praksi se pokazalo da trebamo koristiti barem 32 dretve paralelno da bismo dobili brži program nego onaj na CPU-u. Ukupan broj dretvi koje koristimo trebao bi se brojati u tisućama.
- Sklopovlje je dostupno isključivo od jednog proizvođača - Nvidije.
- Zbog nezrelosti prevoditelja i optimizatora valjani C/C++ kôd ne radi nužno i na CUDA-i.
- Računanje s brojevima s posmačnim zarezm nije implementirano posve po standardima, ali u većini slučajeva to ne igra nikakvu ulogu.

6. Implementacija

6.1. Implementacija simuliranog kaljenja

Simulirano kaljenje temelji se na postupku koji je identičan za sve tipove podataka. To nas navodi da implementaciju riješimo koristeći oblikovni obrazac okvirna metoda. Ideja tog oblikovnog obrasca jest da imamo jednu metodu (funkciju) koja izvodi neki postupak pozivajući generičke korake. Svaki korak može biti drugačije implementiran, ovisno o postupku koji želimo.

Izdvojimo apstraktne korake iz algoritma:

1. Odabir susjeda.
2. Računanje energije stanja.
3. Računanje vjerojatnosti prihvatanja.

Kako točno rješavamo svaki od tih koraka, napisalo smo u prethodnom poglavlju.

Implementacijski gledano, sva tri postupka su funkcije. Prvi je funkcija koja prima jedan parametar, trenutno stanje te vraća transformirano stanje koje dobijemo primjenjujući translaciju i/ili rotaciju. Drugi prima takvo transformirano stanje i računa njegovu energiju. To radi tako da primjeni prethodno opisani Smith-Waterman algoritam nad transformiranim i ciljnim nizom, ali ne radimo rekonstrukciju. Treći prima energiju početnog i krajnjeg niza te trenutnu temperaturu te iz toga računa vjerojatnost prihvatanja novog niza.

Zahvaljujući genericima, tj. predlošcima, u C++ je lagano ostavirati ortogonalnost. Njihovom upotrebom, omogućavamo da kôd algoritma napišemo samo jednom i da ga potom možemo koristiti na više mjesta, za više tipova podataka, što upravo i želimo.

Takva implementacija omogućuje nam da ovaj dio programskog rješenja testiramo i na nekom jednostavnijem problemu, što uvelike olakšava razvoj programske potpore jer ne moramo čekati za završetak cijelog sustava da bismo vidjeli radi li. Osim toga, prilikom bubolova (engl. *debugging*) nam je lakše tražiti pogreške ako primjer možemo vizualizirati. Nažalost, kako ovo nije problem u kojem je vizualizaciju lagano napraviti, autor je koristio neke jednostavnije probleme da bi ispravio pogreške u ovom dijelu koda. Primjeri tih problema su traženje specifične točke u prostoru, traženje težišta poligona i optimizacije puta

0	1	1	1	1		0	0	1	1	1		0	0	0	1	1
1	3	3	3	3		0	2	3	3	3		0	0	2	3	3
1	3	3	3	3	⇒	1	3	3	3	3	⇒	0	2	3	3	3
1	3	3	3	3		1	3	3	3	3		1	3	3	3	3
1	3	3	3	3		1	3	3	3	3		1	3	3	3	3

Tablica 6.1: Matrica W na polju $W_{i,j}$ prikazuje broj polja koja trebamo izračunati prije nego izračunamo polje $H_{i,j}$. Tamno-sivom bojom prikazana su izračunata polja, a svijetlo-sivom ona koja možemo izračunati.

trgovačkog putnika. Prilagodba algoritma za tu svrhu svela se na reimplantaciju funkcija za računanje energije i odabir susjeda.

6.2. Implementacija Smith-Watermanovog algoritma

Do sada smo razmatrali samo situaciju kada računamo jedno po jedno polje matrice R . Pretpostavka je bila da su sva polja u prošlim retcima i trenutnom retku do trenutnog stupca izračunata i da ih možemo koristiti u daljnjem računu.

Međutim, kada koristimo masivno paralelne procesore, želimo odjednom računati više od jednog polja jer inače ne uprežemo svu snagu koju nam oni nude.

Ideja na kojoj nam se temelji rješenje jest da primjetimo koja su polja nezavisna, tj. koja možemo koristiti u računu ako smo do sada već izračunali neki dio rješenja. Definirajmo novu matricu W u kojoj nam $W_{i,j}$ označava broj polja matrice R koje moramo izračunati prije nego izračunamo polje $R_{i,j}$. Na početku će vrijediti slijedeće:

$$W_{i,j} = \begin{cases} 0 & \text{ako je } i = 0 \text{ i } j = 0 \\ 3 & \text{ako je } i > 0 \text{ i } j > 0 \\ 1 & \text{inače} \end{cases}$$

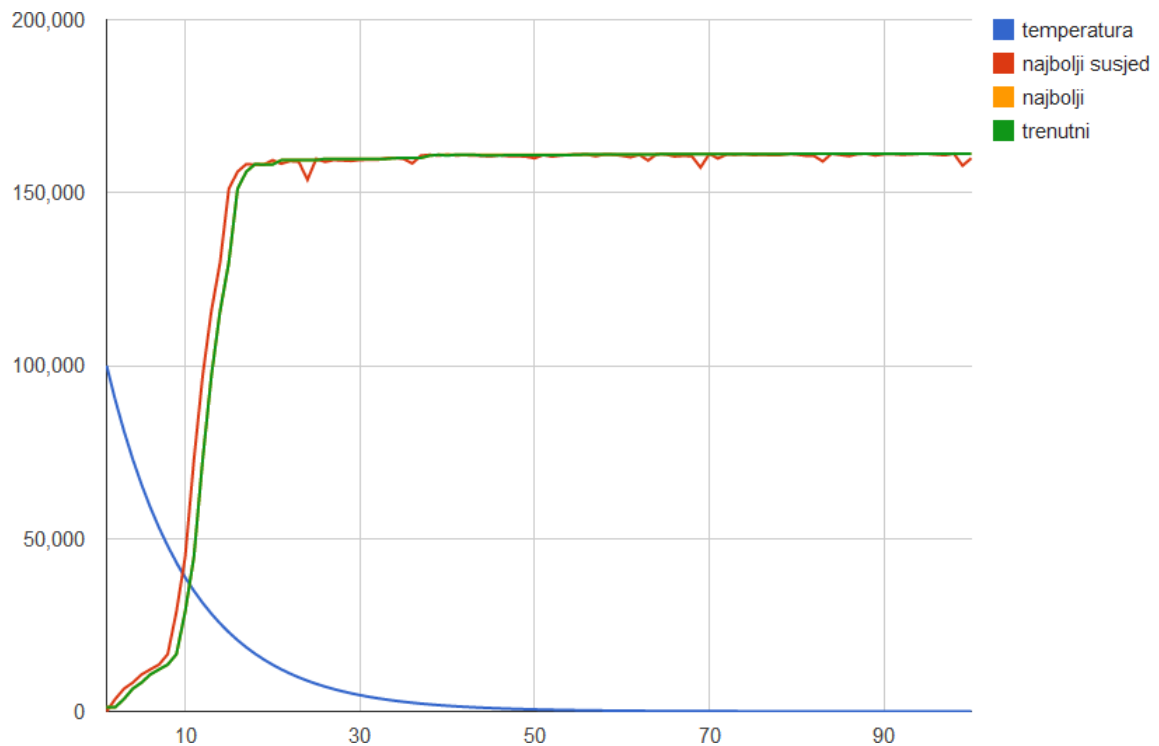
Jasno je da možemo izračunati vrijednosti samo onih polja za koje je $W_{i,j} = 0$. Na početku je takvo samo jedno polje: $W_{0,0}$. Međutim, kada njega izračunamo, smanjit ćemo vrijednosti tri polja u matrici W : $W_{1,0}$, $W_{0,1}$ i $W_{1,1}$. To će uzrokovati da $W_{1,0}$ i $W_{0,1}$ postanu jednaki 0, što znači da sada smijemo i njih izračunati. Kada to učinimo, i osvježimo vrijednosti u matrici W , vidjet ćemo da smo dobili tri nove nule, na pozicijama $W_{2,0}$, $W_{0,2}$ i $W_{1,1}$. Pravilnost se već lagano počinje nazirati. Naime, sve elemente koji se nalaze na istoj sporednoj dijagonali moći ćemo izračunati u istom koraku. Stoga ćemo paralelizaciju temeljiti upravo na tome da u pojedinom koraku računamo sve elemente na sporednoj dijagonali.

Vremenska složenost takvog bi algoritma u optimalnom slučaju bila bi $O(M + N)$. Nažalost, realan je slučaj daleko od optimalnog. Problem nam stvara to što nemamo do-

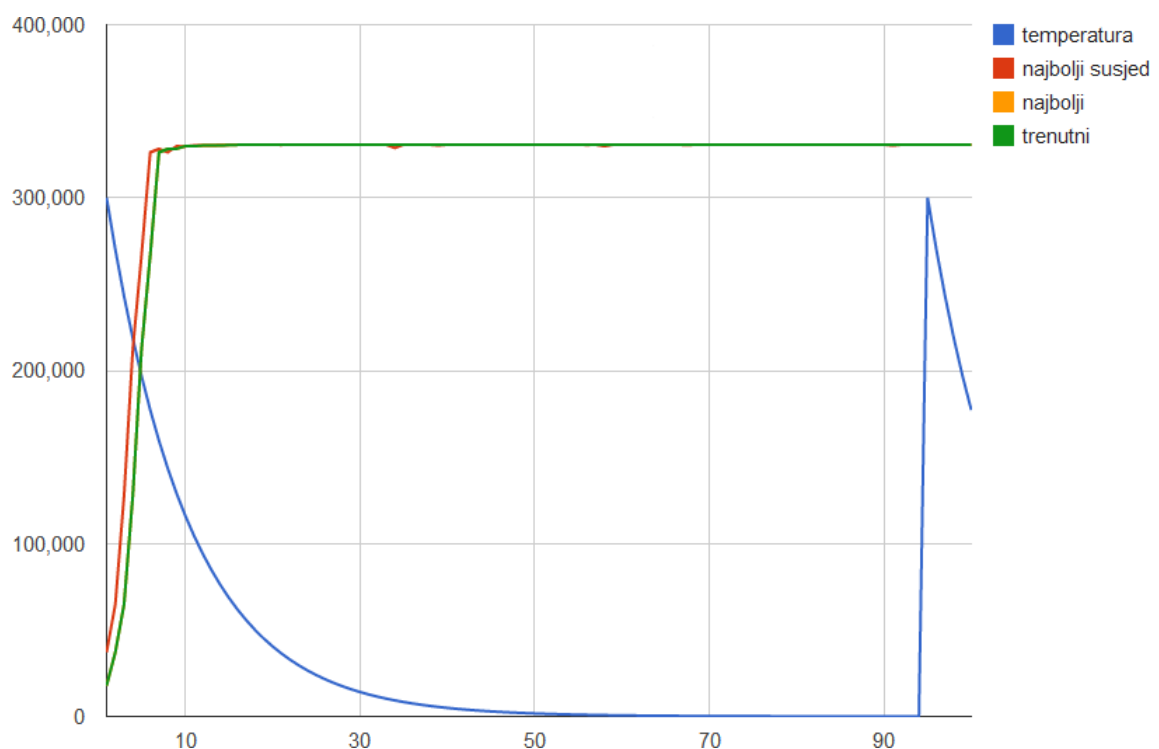
7. Rezultati

Da provjerimo radi li nam program, pokrenuli smo ga na nekim primjerima za koje već znamo rješenje. U ostalim slučajevima, za neku brzu provjeru vjerodostojnosti, izračunat ćemo energiju koju bismo imali ako bismo pokušali poravnati prvi niz sa samim sobom. Budući da je to ujedno i maksimalna energija koju potencijalno možemo pronaći, iz nje i najbolje pronađene energije možemo razumjeti koliko nas je algoritam simuliranog kaljenja doveo blizu rješenja.

U općem slučaju, zanima nas kako se mijenja energija kroz vrijeme, budući nju želimo maksimizirati. U nastavku su dani grafovi koji prikazuju tri energije: energiju najboljeg susjeda, energiju najboljeg do sada pronađenog elementa i energiju trenutno aktivnog elementa. Osim toga, prikazuju i trenutnu temperaturu, da bi nam bilo jasno koliko često prihvaćamo rješenja slabija od trenutnog.



Slika 7.1: Izvođenje programa na proteinima 1d0nA i 2d8bA. Uspjeli smo ostvariti otprilike 20% maksimalne moguće vrijednosti preklapanja (nešto manje od 730000).



Slika 7.2: Uzeli smo protein 1a0iA i iz njega generirali nasumičnu transformaciju. Potom smo pokrenuli algoritam i dobili gotovo 100% preklapanje u manje od 10 koraka. Budući da se u 15 koraka trenutno rješenje nije promijenilo, nešto nakon 90. koraka smo resetirali temperaturu, kako bismo pokušali naći bolje rješenje.

8. Zaključak

Jedan od najvećih problema s kojim se bioinformatika danas susreće je problem poravnanja struktura. Pojavom grafičkog sklopovlja koje omogućava općenamjensko računanje, znanstvenici su odmah prionuli poslu i počeli raditi na projektima kojima je za cilj iskoristiti moć tih čipova za rješavanje problema provananja struktura. No, tehnologija koja se koristi za rješavanje tih problema još uvijek je u povojima. Svakih nekoliko mjeseci izlaze čipovi koji su mnogostruko jači u odnose na prethodne, ali i nešto promijenjenom arhitekturom koja obično omogućava pisanje efikasnijih programa. Zbog toga programi vrlo brzo zastarjevaju, a kako se povećava broj fizičkih jezgri koje kartice sadržavaju, mnoge pretpostavke koje su nam bile temelj osmišljavanja algoritma više ne vrijede. Za nekoliko godina moglo bi se dogoditi da grafička kartica ima i nekoliko stotina tisuća dretvi, što bi značilo da u većini slučajeva imamo dovoljno dretvi na raspolaganju da sav posao koji možemo radimo paralelno. Time bismo mogli napraviti mnogo efikasnije algoritme. Također, pomoćni alati, biblioteke, pa čak i prevoditelj, su još u razvoju.

U ovom radu smo prikazali kako implementirati algoritam Smith-Waterman na CUDA grafičkoj kartici. On se koristi da pronađemo lokalno poravnanje dva niza. Specifičnost implementiranog je u tome što ne koristi supstitucijsku matricu kao osnovu za ocjenjivanje poravanja, već fizičke udaljenosti između molekula. Ta funkcija sigurno se može još unaprijediti i time bi se rezultati također mogli poboljšati. Ako takvu implementaciju Smith-Watermanovog algoritma ukomponiramo kao sredstvo izračuna energije u simuliranju kaljenja, možemo pronaći takvu transformaciju drugog niza koja maksimizira vrijednost poravanja. Drugim riječima, pomoću njega možemo ocijeniti sličnost dva niza, bez obzira na njihovu početnu poziciju.

LITERATURA

Graf funkcije p, 6 2012. URL https://www.google.hr/search?hl=en&biw=1857&bih=995&noj=1&sclient=psy-ab&q=1%2F%281%2Be%5E%28x%2Fy%29%29&oq=1%2F%281%2Be%5E%28x%2Fy%29%29&aq=f&aqi=&aql=&gs_l=serp.3...274395.277370.0.277780.6.6.0.0.0.0.176.515.5j1.6.0...0.0.h3zpB1qjAkE.

Tex/latex savjeti, 2012. URL <https://www.facebook.com/pages/TeXLaTeX-savjeti/261129223970236>.

Michael Downes. *Short Math Guide for L^AT_EX*. American Mathematical Society, 2002. URL <ftp://ftp.ams.org/pub/tex/doc/amsmath/short-math-guide.pdf>.

Ćime Ungar. *Uvod u T_EX s naglaskom na L^AT_EX2_ε*. Odjel za matematiku, Sveučilište J.J. Strossmayera u Osijeku, 2002.

Matija Korpar. Implementacija smith waterman algoritma koristeći grafičke kartice s cuda arhitekturom. Završni rad, 6 2011.

T. Oetiket, H. Partl, Hyna, i E. Schlegl. *The not-so-short introduction to Latex*. URL <http://www.ctan.org/tex-archive/info/lshort/english/lshort.pdf>.

Christian D. Wunsch Saul B. Needleman. A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins. *Journal of Molecular Biology*, 48: 443–453, 1970.

Michael S. Waterman Temple F. Smith. Identification of common molecular subsequences. *Journal of Molecular Biology*, 147:195–197, 1981.

Mike tn. Crushing fire (photo), 2011. URL <http://www.flickr.com/photos/beginasyouare/6121659469/sizes/l/in/photostream/>.

Goran Žužić. Usporedba dna sekvenci: Smith-waterman algoritam. Seminarski rad, 4 2011.

SWIG - Poravnanje struktura korištenjem iterativne primjene Smith-Waterman algoritma

Sažetak

Algoritam dinamičkog programiranja Smith-Waterman služi nam da deterministički pronađemo lokalno poravnanje neka dva proteina. Možemo ga prilagoditi da, umjesto supstitucijske matrice, kao sredstvo ocjene koristi fizičke udaljenosti između dvije molekule proteina u prostu. Metoda simuliranog kaljenja omogućava nam da pronađemo lokalni maksimum neke funkcije. Ako kao funkciju energije koristimo algoritam Smith-Waterman, a za pronalazak susjeda rotiramo i transliramo drugi protein, možemo provjeriti koliko su dva proteina fizički slična bez obzira na njihovu početnu poziciju. Implementacijom tih algoritama na grafičkim karticama koristeći CUDA tehnologiju, možemo dobiti nekoliko redova veličine brži kod, pogotovo kod većih proteina. Kod manjih proteina, efekt je nažalost obratan i dobivamo sporiji kod jer je konstanta skrivena u O notaciji relativno velika.

Ključne riječi: Smith-Waterman, CUDA, simulirano kaljenje, bioinformatika, paralelizacija, poravnanje struktura

SWIG - Aligning structures using iterative application of Smith-Waterman algorithm

Abstract

Dynamic programming algorithm Smith-Waterman is used to deterministically find local alignment of two proteins. We can modify it to, instead of using substitution matrix, use physical distances between two molecules as a rating function. Simulated annealing method is used to find a local extreme (maximum) of a given function. If we use Smith-Waterman algorithm as energy function, and for finding neighbors we rotate and translate one of the proteins, we can check how physically similar two proteins are regardless of their initial positions. Implementing those algorithms on graphic cards using CUDA technology, we can get code that is orders of magnitude faster, especially with larger proteins. With smaller proteins, however, the effect is, unfortunately, adversary, and we get slower code because the constant hidden in O notation is relatively large.

Keywords: Smith-Waterman, CUDA, simulated annealing, bioinformatics, parallelization, aligning structures