

# Analisi di algoritmi per il Motif Finding

Tommaso Papini

[tommaso.papini1@stud.unifi.it](mailto:tommaso.papini1@stud.unifi.it)

Gabriele Bani

[gabriele.bani@stud.unifi.it](mailto:gabriele.bani@stud.unifi.it)



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
FIRENZE

11 Dicembre 2015

# Un po' di background

DNA:

- sequenza di **nucleotidi**
- 4 tipi di nucleotide: A, T, C, G
- ***l-mer***: sottosequenza di DNA di lunghezza  $l$

# Un po' di background

DNA:

- sequenza di **nucleotidi**
- 4 tipi di nucleotide: A, T, C, G
- ***l-mer***: sottosequenza di DNA di lunghezza  $l$

## Motifs

In biologia può essere necessario ricavare certe sequenze di DNA “nascoste”

- ✓ pattern di nucleotidi ripetuti ( $l$ -mer)
- ✓ utili a capire determinati comportamenti biologici
  - sequenze di attivazione di geni specifici

# Il problema del Motif Finding

Il problema del **Motif Finding** consiste nel ricavare un set di  $t$  **l-mer** da un insieme di  $t$  sequenze di DNA.

# Il problema del Motif Finding

Il problema del **Motif Finding** consiste nel ricavare un set di  $t$  **l-mer** da un insieme di  $t$  sequenze di DNA.

## Input

- *DNA*: matrice di nucleotidi  $t \times n$ 
  - $t$  sequenze di DNA
  - ognuna di lunghezza  $n$
- $l$ : lunghezza del motif cercato

# Il problema del Motif Finding

Il problema del **Motif Finding** consiste nel ricavare un set di  $t$  **l-mer** da un insieme di  $t$  sequenze di DNA.

## Input

- *DNA*: matrice di nucleotidi  $t \times n$ 
  - $t$  sequenze di DNA
  - ognuna di lunghezza  $n$
- $l$ : lunghezza del motif cercato

## Output

- ✓  $s = (s_1, s_2, \dots, s_t)$ : lista di  $t$  posizioni iniziali di l-mer il più simili tra loro

## Un primo esempio

CGGGGCTATGCAACTGGGTCGTCACATTCCCCTTTGATA  
TTTGAGGGTGCCCAATAAATGCAACTCCAAAGCGGACAAA  
GGATGCAACTGATGCCGTTTGACGACCTAAATCAACGGCC  
AAGGATGCAACTCCAGGAGCGCCTTTGCTGGTTCTACCTG  
AATTTTCTAAAAAGATTATAATGTCGGTCCATGCAACTTC  
CTGCTGTACAACTGAGATCATGCTGCATGCAACTTTCAAC  
TACATGATCTTTTGATGCAACTTGGATGAGGGAATGATGC

## Un primo esempio

CGGGGCTATGCAACTGGGTCGTACATTCCCCTTTGATA  
TTTGAGGGTGCCCAATAAATGCAACTCCAAAGCGGACAAA  
GGATGCAACTGATGCCGTTTGACGACCTAAATCAACGGCC  
AAGGATGCAACTCCAGGAGCGCCTTTGCTGGTTCTACCTG  
AATTTTCTAAAAAGATTATAATGTCGGTCCATGCAACTTC  
CTGCTGTACAACTGAGATCATGCTGCATGCAACTTTCAAC  
TACATGATCTTTTGATGCAACTTGGATGAGGGAATGATGC



# Mutazioni random

CGGGGCTATcCAgCTGGGTCGTCACATTCCCCTTTTCGATA  
TTTGAGGGTGCCCAATAAaggGCAACTCCAAAGCGGACAAA  
GGATGgAtCTGATGCCGTTTTGACGACCTAAATCAACGGCC  
AAGGAaGCAACcCCAGGAGCGCCTTTGCTGGTTCTACCTG  
AATTTTCTAAAAAGATTATAATGTCGGTCctTGgAACTTC  
CTGCTGTACAACTGAGATCATGCTGCATGCcAtTTTCAAC  
TACATGATCTTTTGATGgcACTTGGATGAGGGAATGATGC

Come trovare l'l-mer più simile tra tutti?

# Allineamento

CGGGGCTATcCAgCTGGGTCGTCACATTCCCCTTTCGATA  
TTTGAGGGTGCCCAATAAggGCAACTCCAAAGCGGACAAA  
GGATGgAtCTGATGCCGTTTGACGACCTAAATCAACGGCC  
AAGGAaGCAACcCCAGGAGCGCCTTTGCTGGTTCTACCTG  
AATTTTCTAAAAAGATTATAATGTCGGTCCtTGgAACTTC  
CTGCTGTACAACTGAGATCATGCTGCATGCcAtTTTCAAC  
TACATGATCTTTTGATGgcACTTGGATGAGGGAATGATGC

# Profilo e Consenso

<b>Allineamento</b>		A	T	C	C	A	G	C	T
		G	G	G	C	A	A	C	T
		A	T	G	G	A	T	C	T
		A	A	G	C	A	A	C	C
		T	T	G	G	A	A	C	T
		A	T	G	C	C	A	T	T
		A	T	G	G	C	A	C	T
<b>Profilo</b>	<b>A</b>	5	1	0	0	5	5	0	0
	<b>T</b>	1	5	0	0	0	1	1	6
	<b>G</b>	1	1	6	3	0	1	0	0
	<b>C</b>	0	0	1	4	2	0	6	1
<b>Consenso</b>		A	T	G	C	A	A	C	T

# Score

Come definire la “bontà” di un set di l-mer?

# Score

Come definire la “bontà” di un set di l-mer?

## Funzione score

Si definisce una funzione **score** sul vettore  $s = (s_1, s_2, \dots, s_t)$  di posizioni iniziali:

$$Score(s, DNA) = \sum_{j=1}^l M_{P(s)}(j)$$

dove

- ✓  $P(s)$ : matrice profilo su  $s$
- ✓  $M_{P(s)}(j)$ : elemento massimo nella colonna  $j$ -esima di  $P(s)$

# Score

Come definire la “bontà” di un set di  $l$ -mer?

## Funzione score

Si definisce una funzione **score** sul vettore  $s = (s_1, s_2, \dots, s_t)$  di posizioni iniziali:

$$\text{Score}(s, \text{DNA}) = \sum_{j=1}^l M_{P(s)}(j)$$

dove

- ✓  $P(s)$ : matrice profilo su  $s$
- ✓  $M_{P(s)}(j)$ : elemento massimo nella colonna  $j$ -esima di  $P(s)$

Si cerca il set di posizioni iniziali  $s$  che **massimizzi**  $\text{Score}(s, \text{DNA})$ !

## Score: l'esempio di prima

<b>Allineamento</b>		A	T	C	C	A	G	C	T
		G	G	G	C	A	A	C	T
		A	T	G	G	A	T	C	T
		A	A	G	C	A	A	C	C
		T	T	G	G	A	A	C	T
		A	T	G	C	C	A	T	T
		A	T	G	G	C	A	C	T
<b>Profilo</b>	<b>A</b>	5	1	0	0	5	5	0	0
	<b>T</b>	1	5	0	0	0	1	1	6
	<b>G</b>	1	1	6	3	0	1	0	0
	<b>C</b>	0	0	1	4	2	0	6	1
<b>Consenso</b>		A	T	G	C	A	A	C	T

$$\text{Score}(s, \text{DNA}) = 5 + 5 + 6 + 4 + 5 + 5 + 6 + 6 = 42$$

## Score: l'esempio di prima

<b>Allineamento</b>		A	T	C	C	A	G	C	T
		G	G	G	C	A	A	C	T
		A	T	G	G	A	T	C	T
		A	A	G	C	A	A	C	C
		T	T	G	G	A	A	C	T
		A	T	G	C	C	A	T	T
		A	T	G	G	C	A	C	T
<b>Profilo</b>	<b>A</b>	5	1	0	0	5	5	0	0
	<b>T</b>	1	5	0	0	0	1	1	6
	<b>G</b>	1	1	6	3	0	1	0	0
	<b>C</b>	0	0	1	4	2	0	6	1
<b>Consenso</b>		A	T	G	C	A	A	C	T

$$\text{Score}(s, \text{DNA}) = 5 + 5 + 6 + 4 + 5 + 5 + 6 + 6 = 42$$



# Score

Quanto può valere lo **score**?

# Score

Quanto può valere lo **score**?

$$Score(s, DNA) = \begin{cases} l \cdot t, & \text{nel caso migliore} \\ \frac{l \cdot t}{4}, & \text{nel caso peggiore} \end{cases}$$

# Score

Quanto può valere lo **score**?

$$Score(s, DNA) = \begin{cases} l \cdot t, & \text{nel caso migliore} \\ \frac{l \cdot t}{4}, & \text{nel caso peggiore} \end{cases}$$

- ✓  $lt$  corrisponde al caso in cui tutti gli  $l$ -mer sono identici
- ✓  $\frac{lt}{4}$  corrisponde al caso in cui gli  $l$ -mer siano diversi in tutte le posizioni

# Algoritmi brute force

## Forza bruta

In informatica il metodo “**forza bruta**” (o ricerca esaustiva della soluzione) è un algoritmo di risoluzione di un problema dato che consiste nel verificare tutte le soluzioni teoricamente possibili fino a che si trova quella effettivamente corretta.

# Simple motif search

## L'idea

Esamina tutte le possibili combinazioni delle posizioni di partenza  $s$  e prendi quella con maggior *Score*.

# Simple motif search

## L'idea

Esamina tutte le possibili combinazioni delle posizioni di partenza  $s$  e prendi quella con maggior *Score*.

- Posizioni iniziali:  $s = (1, \dots, 1)$
- Posizioni finali:  $s = ((n - l + 1), \dots, (n - l + 1))$

# Simple motif search

## L'idea

Esamina tutte le possibili combinazioni delle posizioni di partenza  $s$  e prendi quella con maggior *Score*.

- Posizioni iniziali:  $s = (1, \dots, 1)$
- Posizioni finali:  $s = ((n - l + 1), \dots, (n - l + 1))$

Si utilizza il metodo *NextElement* per passare da un elemento al successivo in ordine alfabetico.

# Simple motif search

## Pseudocode

```
1: procedure SimpleMotifSearch( $DNA, t, n, l$ )
2:    $s \leftarrow (1, 1, \dots, 1)$ 
3:    $bestScore \leftarrow Score(s, DNA)$ 
4:   while true do
5:      $s \leftarrow NextElement(s, t, n - l + 1)$ 
6:     if  $Score(s, DNA) > bestScore$  then
7:        $bestScore \leftarrow Score(s, DNA)$ 
8:        $bestMotif \leftarrow s$ 
9:     end if
10:    if  $s = (1, 1, \dots, 1)$  then
11:      return  $bestMotif$ 
12:    end if
13:  end while
14: end procedure
```



# Simple motif search

Complessità

# Simple motif search

## Complessità

Quante **iterazioni** fa l'algoritmo?

# Simple motif search

## Complessità

Quante **iterazioni** fa l'algoritmo?

- ✓ vengono esaminate tutte le possibili combinazioni
  - $(n - l + 1)$  possibili scelte per ogni posizione iniziale
  - $t$  posizioni iniziali (una per ogni sequenza)
- ✓  $(n - l + 1)^t$  possibili combinazioni di posizioni iniziali

# Simple motif search

## Complessità

Quante **iterazioni** fa l'algoritmo?

- ✓ vengono esaminate tutte le possibili combinazioni
  - $(n - l + 1)$  possibili scelte per ogni posizione iniziale
  - $t$  posizioni iniziali (una per ogni sequenza)
- ✓  $(n - l + 1)^t$  possibili combinazioni di posizioni iniziali

Quanti **passi** per calcolare *Score*?

# Simple motif search

## Complessità

Quante **iterazioni** fa l'algoritmo?

- ✓ vengono esaminate tutte le possibili combinazioni
  - $(n - l + 1)$  possibili scelte per ogni posizione iniziale
  - $t$  posizioni iniziali (una per ogni sequenza)
- ✓  $(n - l + 1)^t$  possibili combinazioni di posizioni iniziali

Quanti **passi** per calcolare *Score*?

- ✓  $tl$  per calcolare la matrice Profilo
- ✓  $4l$  per calcolare *Score*

# Simple motif search

## Complessità

Quante **iterazioni** fa l'algoritmo?

- ✓ vengono esaminate tutte le possibili combinazioni
  - $(n - l + 1)$  possibili scelte per ogni posizione iniziale
  - $t$  posizioni iniziali (una per ogni sequenza)
- ✓  $(n - l + 1)^t$  possibili combinazioni di posizioni iniziali

Quanti **passi** per calcolare *Score*?

- ✓  $tl$  per calcolare la matrice Profilo
- ✓  $4l$  per calcolare *Score*

Costo

$$\mathcal{O}(tln^t)$$

# Branch & bound

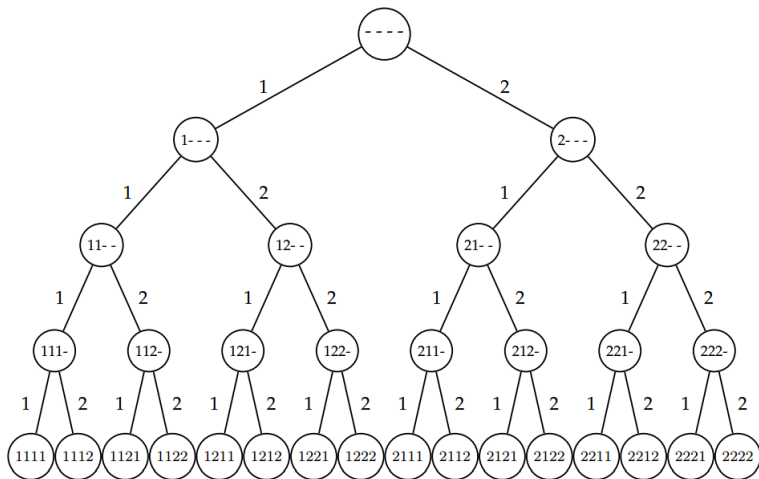
## L'idea

Ottimizza *Simple Motif Search* evitando di analizzare sequenze non ottimali

- ✓ enumerazione delle sequenze tramite **alberi**
- ✓ funzione di *Score ottimistico*
  - *Score parziale* su un nodo interno
  - *Score ideale* per le restanti posizioni

# Branch & bound

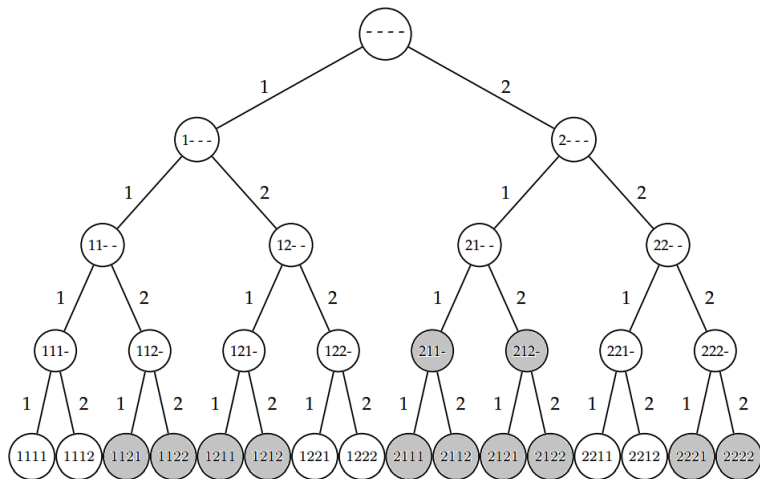
Un esempio





# Branch & bound

Un esempio



# Branch & bound

Si esegue una visita in profondità dell'albero

# Branch & bound

Si esegue una visita in profondità dell'albero

- ✓ calcola lo *Score ottimistico* per ogni nodo
- ✓ scarta i sottoalberi con *Score ottimistico* sub-ottimo

# Branch & bound

Si esegue una visita in profondità dell'albero

- ✓ calcola lo *Score ottimistico* per ogni nodo
- ✓ scarta i sottoalberi con *Score ottimistico* sub-ottimo

## Score ottimistico

$$\text{Score ottimistico} = \text{Score}(s, i, \text{DNA}) + (t - i) \cdot l$$

- ✓  $\text{Score}(s, i, \text{DNA})$ : *Score parziale* relativo alle prime  $i$  sequenze di DNA
- ✓  $(t - i) \cdot l$ : *Score parziale* delle restanti posizioni (supponendole identiche)

# Branch & bound

Si esegue una visita in profondità dell'albero

- ✓ calcola lo *Score ottimistico* per ogni nodo
- ✓ scarta i sottoalberi con *Score ottimistico* sub-ottimo

## Score ottimistico

$$\text{Score ottimistico} = \text{Score}(s, i, \text{DNA}) + (t - i) \cdot l$$

- ✓  $\text{Score}(s, i, \text{DNA})$ : *Score parziale* relativo alle prime  $i$  sequenze di DNA
  - ✓  $(t - i) \cdot l$ : *Score parziale* delle restanti posizioni (supponendole identiche)
- 
- ✓ *NextVertex* per passare al prossimo vertice (DFS)
  - ✓ *Skip* per passare al prossimo vertice saltando il sottoalbero attuale

# Branch & bound

## Pseudocode

```
1: procedure BranchAndBoundMotifSearch(DNA, t, n, l)
2:   s  $\leftarrow$  (1, 1, ..., 1)
3:   bestScore  $\leftarrow$  0
4:   i  $\leftarrow$  1
5:   while i > 0 do
6:     if i < t then
7:       optimisticScore  $\leftarrow$  Score(s, i, DNA) + (t - i)l
8:       if optimisticScore < bestScore then
9:         (s, i)  $\leftarrow$  Skip(s, i, (n - l + 1))
10:      else
11:        (s, i)  $\leftarrow$  NextVertex(s, i, t, (n - l + 1))
12:      end if
13:    else
14:      if Score(s, DNA) > bestScore then
15:        bestScore  $\leftarrow$  Score(s, DNA)
16:        bestMotif  $\leftarrow$  s
17:      end if
18:      (s, i)  $\leftarrow$  NextVertex(s, i, t, (n - l + 1))
19:    end if
20:  end while
21:  return bestMotif
22: end procedure
```

# Branch & bound

Complessità

Quante **iterazioni**?

# Branch & bound

## Complessità

Quante **iterazioni**?

- ✓ una per ogni nodo interno/foglia (caso pessimo)
  - $N = \frac{(n-l+1)^t - 1}{(n-l+1) - 1}$  nodi interni
  - $L = (n-l+1)^t$  foglie
- ✓  $N + L$  passi totali



# Branch & bound

## Complessità

Quante **iterazioni**?

✓ una per ogni nodo interno/foglia (caso pessimo)

- $N = \frac{(n-l+1)^t - 1}{(n-l+1) - 1}$  nodi interni
- $L = (n - l + 1)^t$  foglie

✓  $N + L$  passi totali

Quanto **passi** per calcolare *Score*?

# Branch & bound

## Complessità

Quante **iterazioni**?

✓ una per ogni nodo interno/foglia (caso pessimo)

-  $N = \frac{(n-l+1)^t - 1}{(n-l+1) - 1}$  nodi interni

-  $L = (n - l + 1)^t$  foglie

✓  $N + L$  passi totali

Quanto **passi** per calcolare *Score*?

✓ come prima!

# Branch & bound

## Complessità

Quante **iterazioni**?

✓ una per ogni nodo interno/foglia (caso pessimo)

- $N = \frac{(n-l+1)^t - 1}{(n-l+1) - 1}$  nodi interni
- $L = (n - l + 1)^t$  foglie

✓  $N + L$  passi totali

Quanto **passi** per calcolare *Score*?

✓ come prima!

Costo

$$\mathcal{O}(t \ln^t)$$

# Branch & bound

## Complessità

Quante **iterazioni**?

✓ una per ogni nodo interno/foglia (caso pessimo)

- $N = \frac{(n-l+1)^t - 1}{(n-l+1) - 1}$  nodi interni
- $L = (n - l + 1)^t$  foglie

✓  $N + L$  passi totali

Quanto **passi** per calcolare *Score*?

✓ come prima!

Costo

$$O(tln^t)$$

Come prima!

✓ più costoso nel caso pessimo

✓ conveniente se esegue tanti *Skip*

# Algoritmi greedy

## Greedy

Un algoritmo **greedy** è un algoritmo che cerca di ottenere una soluzione ottima da un punto di vista globale attraverso la scelta della soluzione più golosa ad ogni passo locale

# Greedy motif search

## L'idea

Scansiona ogni sequenza di DNA una sola volta e prendi l'*l*-mer che massimizza lo *Score parziale*

# Greedy motif search

## L'idea

Scansiona ogni sequenza di DNA una sola volta e prendi l'l-mer che massimizza lo *Score parziale*

- ✓ ciclo di inizializzazione per calcolare i primi due l-mer
  - brute force
- ✓ i restanti l-mer scelti secondo lo *Score parziale*

# Greedy motif search

## Pseudocode

```
1: procedure GreedyMotifSearch( $DNA, t, n, l$ )
2:    $bestMotif \leftarrow (1, 1, \dots, 1)$ 
3:    $s \leftarrow (1, 1, \dots, 1)$ 
4:   for  $s[1] \leftarrow 1$  to  $n - l + 1$  do
5:     for  $s[2] \leftarrow 1$  to  $n - l + 1$  do
6:       if  $Score(S, 2, DNA) > Score(bestMotif, 2, DNA)$  then
7:          $bestMotif[1] \leftarrow s[1]$ 
8:          $bestMotif[2] \leftarrow s[2]$ 
9:       end if
10:    end for
11:  end for
12:   $s \leftarrow bestMotif$ 
13:  for  $i \leftarrow 3$  to  $t$  do
14:    for  $s[i] \leftarrow 1$  to  $n - l + 1$  do
15:      if  $Score(S, i, DNA) > Score(bestMotif, i, DNA)$  then
16:         $bestMotif[i] \leftarrow s[i]$ 
17:      end if
18:    end for
19:     $s[i] \leftarrow bestMotif[i]$ 
20:  end for
21:  return  $bestMotif$ 
22: end procedure
```



# Greedy motif search

Complessità

Quanti **passi** fanno i primi due cicli?

# Greedy motif search

## Complessità

Quanti **passi** fanno i primi due cicli?

- ✓  $(n - l + 1)$  cicli ognuno
- ✓ in ogni ciclo si invoca *Score* due volte
  - $2(tl + 4l)$  passi

# Greedy motif search

## Complessità

Quanti **passi** fanno i primi due cicli?

- ✓  $(n - l + 1)$  cicli ognuno
- ✓ in ogni ciclo si invoca *Score* due volte
  - $2(tl + 4l)$  passi

Quanti **passi** fanno i secondi due cicli?

# Greedy motif search

## Complessità

Quanti **passi** fanno i primi due cicli?

- ✓  $(n - l + 1)$  cicli ognuno
- ✓ in ogni ciclo si invoca *Score* due volte
  - $2(tl + 4l)$  passi

Quanti **passi** fanno i secondi due cicli?

- ✓  $(t - 3)$  passi il ciclo esterno
- ✓  $(n - l + 1)$  passi il ciclo interno
- ✓ in ogni ciclo si invoca *Score* due volte
  - come prima!

# Greedy motif search

## Complessità

Quanti **passi** fanno i primi due cicli?

- ✓  $(n - l + 1)$  cicli ognuno
- ✓ in ogni ciclo si invoca *Score* due volte
  - $2(tl + 4l)$  passi

Quanti **passi** fanno i secondi due cicli?

- ✓  $(t - 3)$  passi il ciclo esterno
- ✓  $(n - l + 1)$  passi il ciclo interno
- ✓ in ogni ciclo si invoca *Score* due volte
  - come prima!

## Costo

$$\begin{aligned} \mathcal{O}(tln^2 + t^2ln) &= \\ &= \mathcal{O}(tln(n + t)) \end{aligned}$$

# Greedy motif search

Esattezza e approssimazione

*GreedyMotifSearch* potrebbe non calcolare la soluzione ottima!

- ✓ algoritmo greedy approssimato (non esatto)

# Greedy motif search

## Esattezza e approssimazione

*GreedyMotifSearch* potrebbe non calcolare la soluzione ottima!

- ✓ algoritmo greedy approssimato (non esatto)

Di quanto viene approssimata la soluzione trovata?

- ✓ fattore di approssimazione sconosciuto!

# Greedy motif search

## Esattezza e approssimazione

*GreedyMotifSearch* potrebbe non calcolare la soluzione ottima!

- ✓ algoritmo greedy approssimato (non esatto)

Di quanto viene approssimata la soluzione trovata?

- ✓ fattore di approssimazione sconosciuto!

## CONSENSUS

Esiste un'implementazione (CONSENSUS) di *GreedyMotifSearch*

- ✓ risultati spesso vicini all'ottimo
- ✓ complessità molto bassa



# Algoritmi randomizzati

## Random

Gli algoritmi **randomizzati** sono algoritmi che impiegano un certo grado di casualità durante la loro esecuzione al fine di ottenere delle buone prestazioni nel caso medio

# Greedy profile motif search

## L'idea

Crea un profilo su un vettore  $s$  casuale, calcola, per ogni sequenza, l'l-mer che ha più probabilità di aver generato tale profilo e ripeti sul nuovo profilo ottenuto

# Greedy profile motif search

## L'idea

Crea un profilo su un vettore  $s$  casuale, calcola, per ogni sequenza, l' $l$ -mer che ha più probabilità di aver generato tale profilo e ripeti sul nuovo profilo ottenuto

Come si definisce la probabilità che un  $l$ -mer  $a$  abbia generato un profilo  $P$ ?

# Greedy profile motif search

## L'idea

Crea un profilo su un vettore  $s$  casuale, calcola, per ogni sequenza, l' $l$ -mer che ha più probabilità di aver generato tale profilo e ripeti sul nuovo profilo ottenuto

Come si definisce la probabilità che un  $l$ -mer  $a$  abbia generato un profilo  $P$ ?

- ✓  $Prob(a|P) = \prod_{i=1}^l p_{a_i,i}$
- ✓ con  $P(s) = (p_{ij})$  matrice profilo costruita su  $s$

# Greedy profile motif search

## Pseudocode

```
1: procedure GreedyProfileMotifSearch( $DNA, t, n, l$ )
2:    $s \leftarrow$  vettore casuale di posizioni iniziali in  $DNA$ 
3:    $P \leftarrow P(s)$ 
4:    $bestScore \leftarrow 0$ 
5:   while  $Score(s, DNA) > bestScore$  do
6:      $bestScore \leftarrow Score(s, DNA)$ 
7:     for  $i \leftarrow 1$  to  $t$  do
8:        $a \leftarrow$  l-mer dell' $i$ -esima sequenza più probabile per  $P$ 
9:        $s[i] \leftarrow$  posizione iniziale di  $a$ 
10:    end for
11:  end while
12:  return  $s$ 
13: end procedure
```

# Greedy profile motif search

## Complessità

Quante **iterazioni** esegue il *while*?

# Greedy profile motif search

## Complessità

Quante **iterazioni** esegue il *while*?

- ✓ al più  $t \cdot (n - l + 1)$
- ✓ in ogni ciclo si calcola *Score* due volte
  - $2(tl + 4l)$  passi
- ✓ ciclo *for*
  - $t$  passi totali
  - in ogni passo si cerca l' $l$ -mer con probabilità più alta
    - ★  $(n - l + 1)$   $l$ -mer da controllare
    - ★ il calcolo di ogni probabilità richiede  $l$  passi

# Greedy profile motif search

## Complessità

Quante **iterazioni** esegue il *while*?

- ✓ al più  $t \cdot (n - l + 1)$
- ✓ in ogni ciclo si calcola *Score* due volte
  - $2(tl + 4l)$  passi
- ✓ ciclo *for*
  - $t$  passi totali
  - in ogni passo si cerca l' $l$ -mer con probabilità più alta
    - ★  $(n - l + 1)$   $l$ -mer da controllare
    - ★ il calcolo di ogni probabilità richiede  $l$  passi

Costo

$$\mathcal{O}(ln^2 t^2)$$



# Gibbs sampling

## L'idea

Simile a *GreedyProfileMotifSearch* ma aggiornando ad ogni passo una sola sequenza (scelta in modo casuale) anziché tutte e scegliendo l'l-mer migliore in modo probabilistico e non greedy

# Gibbs sampling

## Pseudocode

```
1: procedure GibbsSampling( $DNA, t, n, l$ )
2:    $s \leftarrow$  vettore casuale di posizioni iniziali in  $DNA$ 
3:   repeat
4:      $x \leftarrow$  indice di una sequenza di DNA scelta casualmente
5:      $P \leftarrow P(s)$  calcolata sulle restanti  $t - 1$  sequenze
6:     for  $i \leftarrow 1$  to  $n - l + 1$  do
7:        $a \leftarrow$   $l$ -mer della sequenza  $x$ -esima con posizione iniziale  $i$ 
8:        $p_i \leftarrow$  probabilità che  $a$  abbia generato  $P$ 
9:     end for
10:     $j \leftarrow$  scelta casuale sulla distribuzione  $(p_1, p_2, \dots, p_{n-l+1})$ 
11:     $s[x] \leftarrow j$ 
12:  until convergenza
13:  return  $s$ 
14: end procedure
```

# Gibbs sampling

## Complessità

Assumendo la stessa funzione obiettivo di *GreedyProfileMotifSearch*:

- ✓ stessi passi di prima
- ✓ eccetto il ciclo sulle sequenze
  - viene analizzata una sola sequenza per ciclo

# Gibbs sampling

## Complessità

Assumendo la stessa funzione obiettivo di *GreedyProfileMotifSearch*:

- ✓ stessi passi di prima
- ✓ eccetto il ciclo sulle sequenze
  - viene analizzata una sola sequenza per ciclo

Costo

$$\mathcal{O}(\ln^2 t)$$

# Conclusioni

		Costo	Esattezza
Forza bruta	Simple MS	$\mathcal{O}(t \ln^t)$	✓
	Branch & Bound	$\mathcal{O}(t \ln^t)$	✓
Greedy	Greedy MS	$\mathcal{O}(t \ln(n + t))$	
Randomizzati	Greedy Profile MS	$\mathcal{O}(\ln^2 t^2)$	
	Gibbs Sampling	$\mathcal{O}(\ln^2 t)$	

# Fine!

# Fine!

Domande?

# Appendice

## NextElement

```
1: procedure NextElement( $a, L, k$ )
2:   for  $i \leftarrow L$  to 1 do
3:     if  $a[i] < k$  then
4:        $a[i] \leftarrow a[i] + 1$ 
5:       return  $a$ 
6:     end if
7:      $a[i] \leftarrow 1$ 
8:   end for
9:   return  $a$ 
10: end procedure
```



# Appendice

## NextVertex

```
1: procedure NextVertex( $a, i, L, k$ )
2:   if  $i < L$  then
3:      $a[i + 1] \leftarrow 1$ 
4:     return ( $a, i + 1$ )
5:   else
6:     for  $j \leftarrow L$  to 1 do
7:       if  $a[j] < k$  then
8:          $a[j] \leftarrow a[j] + 1$ 
9:         return ( $a, j$ )
10:      end if
11:    end for
12:  end if
13:  return ( $a, 0$ )
14: end procedure
```

# Appendice

## Skip

```
1: procedure Skip( $a, i, k$ )
2:   for  $j \leftarrow i$  to 1 do
3:     if  $a[j] < k$  then
4:        $a[j] \leftarrow a[j] + 1$ 
5:       return ( $a, j$ )
6:     end if
7:   end for
8:   return ( $a, 0$ )
9: end procedure
```