

▼ ゲノム解析

量子ゲート方式によるアセンブリング

IBM Community Japan ナレッジモール研究

量子コンピューターの活用研究 –機械学習・量子化学計算・組み合わせ最適化への応用–

```
# !pip install numpy
# !pip install matplotlib
# !pip install graphviz
# !pip install pymetis
# !pip install networkx
```

```
import numpy as np

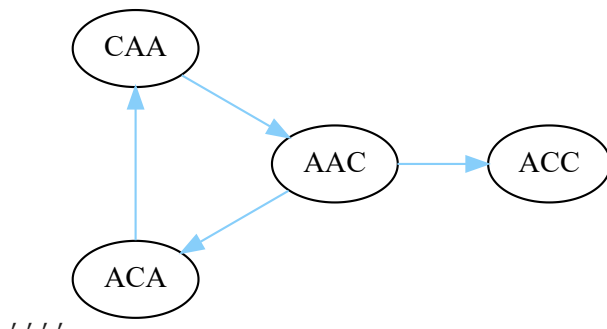
from graphviz import Digraph
import networkx as nx
import networkx.algorithms as nxa
import re
import DeBruijnDNA
import matplotlib.pyplot as plt
```

▼ De Bruijn graphのハミルトニアンパスを作成

```
#seq = 'CATACACCTAA' # ゲノムシーケンス
#seq = 'CATACA'
seq = 'ACAACC'
#seq = 'ACATACC'

kmer_len, suffix_len = 3, 2 # 文字数は3、サフィックスは2バイト
# ゲノムシーケンスから隣接グラフとノードラベルを生成する
adj, node_labels = DeBruijnDNA.make_debr(seq, kmer_len=kmer_len, suffix_len=suffix_len)
g, nodes = DeBruijnDNA.draw_graph(adj, node_labels, [], kmer_len = kmer_len)
g.engine = 'circo'
Q = DeBruijnDNA.to_qubo(adj) # 隣接グラフからquboを生成する
print('solve', len(Q), 'ising problem')
g # グラフを描画する
```

solve 16 ising problem



▼ QAOAで実行する

```
#!pip install qiskit
#!pip install qiskit.optimization
# qiskitの必要なライブラリをimportする
from qiskit import BasicAer
from qiskit.utils import QuantumInstance
```

```
# qiskitで必要なqubo式を生成する
qubo = QuadraticProgram()

term_list = ['x_'+ str(i) for i in range(len(Q))]
for term in term_list:
    qubo.binary_var(term)

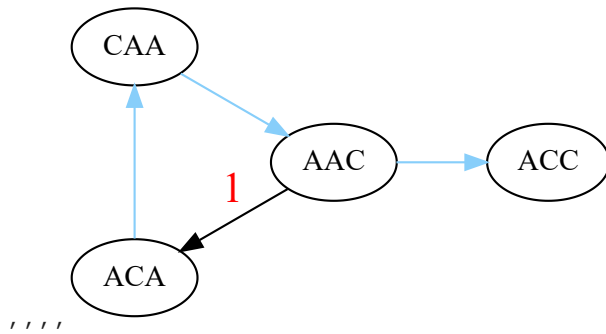
# numpyのqubo行列から線形項、2次項を取り出して、qiskit用のqubo式を作成する

def get_terms(Q, term_list):
    linear = []
    quadratic = {}
    for i in range(len(Q)):
        for j in range(len(Q)):
            if i==j:
                linear.append(Q[i][j])
            else:
                quadratic[(term_list[i],term_list[j])] = Q[i][j]
    return linear, quadratic

linear, quad = get_terms(Q, term_list)
qubo.minimize(linear=linear, quadratic=quad)
print(qubo.prettyprint()) #qubo式を表示する
```

[illegible]


```
# 隣接グラフを描画する
g, nodes = DeBruijnDNA.draw_graph(adj, node_labels, path_spins=qaoa_result.x.tolist(), kmer_len=kmer_len)
g.engine = 'circo'
g
```



▼ ExactSolverで結果を確認する

```
# ExactSolverのインスタンスを生成する
exact_mes = NumPyMinimumEigensolver()
exact = MinimumEigenOptimizer(exact_mes) # using the exact classical numpy minimum eigen solver
```

```
# ExactSolverを実行して結果を表示する
exact_result = exact.solve(qubo)
print(exact_result.prettyprint())
```

```
objective function value: -4.0
variable values: x_0=1.0, x_1=0.0, x_2=0.0, x_3=0.0, x_4=0.0, x_5=1.0, x_6=0.0, x_7=0.0, x_8=0.0, x_9=0.0, x_10=1.0, x_11=0.0
status: SUCCESS
```



```
# 隣接グラフを描画する
g, nodes = DeBruijnDNA.draw_graph(adj, node_labels, path_spins=exact_result.x.tolist(), kmer_len=kmer_len)
g.engine = 'circo'
g
```

