Алгоритмы в биоинформатике, НИУ ВШЭ / Домашняя работа 2

Студент - Катерина Олейникова

Преподаватели - Миронов Андрей, Сергей Спирин

7 Марта 2022

Примечание Для решения заданий был использован Python. Код приведен в конце отчета.

Задание 1 1. Скачать последовательность генома *E.coli*.

- 2. Выделить 1000 фрагментов размером 4000 нуклеотидов (можно c фиксированным шагом, можно c помощью датчика случайных чисел).
- 3. Для каждого фрагмента построить бернуллиевскую модель и марковские модели 1, 2, 3 порядков.
- 4. Для каждой модели оценить AIC и BIC.
- 5. Сделать вывод, какая модель лучше описывает последовательности.
- 6.* Попробовать увеличить порядок модели и понять, какой порядок модели оптимален.

Решение.

Сперва был скачан геном Escherichia coli (кишечная палочка) - грам-отрицательные палочковидные бактерии, принадлежащие к семейству Enterobacteriaceae, роду Escherichia (эшерихия).

Затем с помощью Biopython и пакета random было выделено 1000 фрагментов размером 4000 нуклеотидов из скачанного генома случайным образом.

Самым простым мотивом (то есть относительно короткая характерная последовательность нуклеотидов (в ДНК, РНК) или аминокислотах (в белках), которая имеет существенное биологическое значение) последовательности ДНК является *слово*. Определенное распределение частот таких слов позволяет охарактеризовать развивающуюся последовательность и установить, как часто или редко данное слово появляется в последовательности генома. Таким образом, в данной части задания мы сосредоточимся на распределении частот слов.

Для каждого фрагмента необходимо было построить бернуллиевскую модель и марковские модели 1, 2, 3 порядков.

Бернуллиевская модель является самой простой моделью генерации последовательностей. Для этого необходимо задать некоторое распределение частот букв $p(\alpha)$, после с помощью генератора случайных чисел выбирается буква и помещается в последовательность (так продолжается п количество раз). В результате мы получим последовательность букв, которая является случайной последовательностью.

При условии, что мы возьмём все возможные последовательности данной длины L, то бернуллиевская генерация последовательности в целом состоит из двух этапов — 1) выбора длины последовательности и 2) генерации L символов (взято из книги А.А.Миронова "Биоинформатика последовательностей"). Хотя эта процедура и может показаться простой (возможно, даже слишком абстрактной), но, на самом деле, она весьма эффективна для достижения аналогичного распределения частот слов как у реальных последовательностей.

Процесс конструирования бернуллиевской модели с использованием рандомно сконструированных 1000 последовательностей одинаковой длины (4000 пар оснований) реализован в Python с помощью библиотеки math (как и следующие нижеизложенные марковские модели 1-ого, 2-ого и 3-его порядков).

Марковская модель генерации последовательностей заключается в следующем: даны распределения вероятностей для первых символов $q(\alpha)$; для дальнейшей генерации есть переходные вероятности $p(\beta|\alpha)$. Затем задаемся длиной последовательности L и генерируем первый символ из распределения $q(\alpha)$. После, исходя из текущего символа, генерируем следующее состояние с использованием распределения $p(\beta|\alpha)$.

Сперва нам надо построить марковскую модель 1-ого порядка - это такая модель, в которой очередная буква зависит только от одного предыдущего символа.

Для моделей высшего порядка (т.е., например, 2-ого и 3-его порядка) марковская модель первого порядка легко обобщается: когда генерация следующего символа зависит от нескольких предыдущих символов.

После того, как модели построены, необходимо было рассчитать для каждой из них AIC и BIC (шаг "Оценка моделей"из книги А.А.Миронова "Биоинформатика последовательностей").

Имеется некоторый набор последовательностей и несколько моделей. Для оценки качества модели часто используют информационные критерии (именно вышеперечисленные AIC и BIC).

Информационный критерий Акаике (AIC) — критерий, применяющийся исключительно для выбора из нескольких статистических моделей. Этот критерий в 1971 году был разработан Хироцугу Акаике. AIC вычисляется по формуле:

$$AIC(M) = 2k - 2ln(\hat{L}),$$

где k - число параметров модели,

 \hat{L} - оптимальное значение правдоподобия модели.

Среди всех моделей отбирают такую модель, которая имеет минимальное значение AIC, что обеспечивает баланс между качеством описания (\hat{L}) и количеством параметров.

В данной задаче для рассмотренных моделей получились значения АІС:

Бернуллиевская модель - AIC = 11052019,426;

Марковская модель 1-ого порядка - AIC = 11410766,926;

Марковская модель 2-ого порядка - AIC = 10522520,553;

Марковская модель 3-его порядка - AIC = 10398838,799.

Основываясь на несколько других предположениях, в 1978 году Шварцем был предложен Байесовский информационный критерий (BIC) (поэтому часто он называется также критерием Шварца (Schwarz criterion (SC)). Он разработан исходя из байесовского подхода и является наиболее часто используемой модификацией AIC.

В этом критерии учитывается п – размер обучающей выборки:

$$BIC(M) = k \cdot ln(n) - 2ln(\hat{L}).$$

Как видно из формулы, данный критерий налагает больший штраф на увеличение количества параметров по сравнению с AIC, так как ln(n) больше 2 уже при количестве 8 наблюдений.

В данной задаче для рассмотренных моделей получились значения ВІС:

Бернуллиевская модель - BIC = 11052034,149;

Марковская модель 1-ого порядка - BIC = 11410840,542;

Марковская модель 2-ого порядка - BIC = 10522829,741;

Марковская модель 3-его порядка - BIC = 10400090,277.

Вычисления AIC и BIC осуществлены в Python.

В заключение можно сделать вывод, что марковская модель 3-его порядка дает наивысшую оценку (наименьшие значения AIC, BIC) и лучше всего описывает последовательности.

* Дополнительно были рассмотрены марковские модели 4-8 порядков (код реализован в Python), и выявлено, что лучше всего описывает последовательности марковская модель 7-ого порядка, имеющая самые меньшие значения AIC и BIC (AIC = 1524445,284 и BIC = 1846075,0263).