

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ
МАТЕМАТИЧКИ ФАКУЛТЕТ



Лазар М. Васовић

СКРИВЕНИ МАРКОВЉЕВИ МОДЕЛИ У
БИОИНФОРМАТИЦИ

мастер рад

Београд, 2021.

Ментор:

др Јована КОВАЧЕВИЋ, доцент

Универзитет у Београду, Математички факултет

Чланови комисије:

... .., ...

..., ...

... .., ...

..., ...

Датум одбране: септембар 2021.

Наслов мастер рада: Скривени Марковљеви модели у биоинформатици

Резиме: ...

Кључне речи: биоинформатика, скривени Марковљеви модели

Садржај

1	Увод	1
2	Разрада	4
3	Закључак	5
	Библиографија	6

Глава 1

Увод

Биоинформатика је интердисциплинарна област која се бави применом рачунарских технологија у области биологије и сродних наука, са нагласком на разумевању биолошких података. Кључна особина јој је управо поменута мултидисциплинарност, која се може представити дијаграмом са слике 1.1.



Слика 1.1: Венов дијаграм интердисциплинарности[9]

Овако представљена, биоинформатика је заправо спој статистике, рачу-

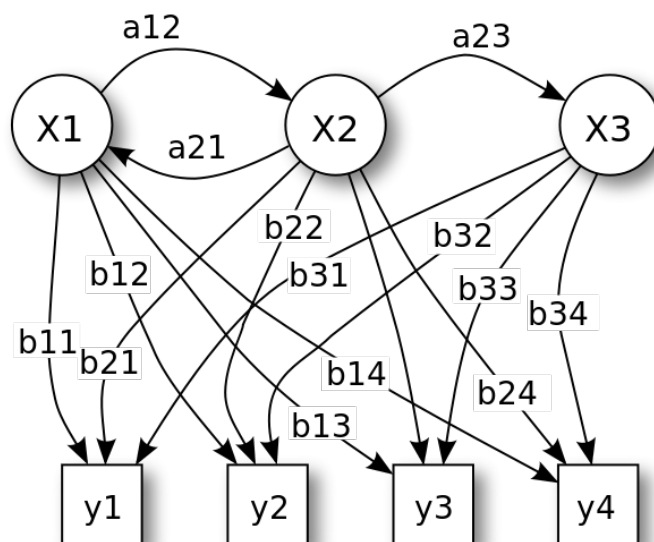
нарства и биологије – сва три истовремено – по чему надилази појединачне спојеве: биостатистику, науку о подацима и рачунарску биологију. Конкретно, статистички (математички) апаратат служи за рад са подацима, рачунарске технологије тај апарат чине употребљивијим, док биологија даје потребно доменско знање (разумевање) за рад са биолошким и сродним подацима. Иако се може рећи да је биоинформатика, у савременом смислу представљеном приказаним дијаграмом, релативно млада наука, брзо је постала популарна и многи су јој посветили пажњу или се њоме баве [6, 4, 3].

Међу познатим личностима из овога домена издвајају се научници Филип Компо (*Phillip Compeau*) и Павел Певзнер (*Pavel Pevzner*), аутори књиге *Bioinformatics Algorithms: An Active Learning Approach*. Прво издање књиге изашло је 2014. године, а друго већ наредне, у два тома. Актуелно, треће издање, издато је 2018. године, у једном тому. Захваљујући динамичном и активном приступу биолошким проблемима и њиховим информатичким решењима, као и многим додатним материјалима за учење, књига се користи као уџбеник на више од сто светских факултета[1]. Међу њима је и Математички факултет Универзитета у Београду, односно на њему доступни мастер курс Увод у биоинформатику, а делови књиге користе се и у настави повезаног мастер и докторског курса Истраживање података у биоинформатици[2].

Актуелна иницијатива на нивоу курса Увод у биоинформатику јесте израда електронског уџбеника, заснованог на поменутој књизи. Идеја је да заинтересовани студенти као мастер рад обраде по једно поглавље књиге, при чему обрада укључује писање текста на српском језику, али и имплементацију и евентуалну визуелизацију свих или макар већине пратећих алгоритама. Овај рад настао је управо у склопу представљене иницијативе, међу првима.

Уџбеник кроз једанаест глава обрађује разне теме које су занимљиве у оквиру биоинформатике: почетак репликације (алгоритамско загревање), генске мотиве (рандомизовани алгоритми), асемблирање генома (графовски алгоритми), секвенцирање антибиотика/пептида (алгоритми грубе силе), поређење и поравнање геномских секвенци (динамичко програмирање), блокове синтеније (комбинаторни алгоритми), филогенију (еволутивна стабла), груписање гена (кластеровање), проналажење шаблона (префиксна и суфиксна стабла), откривање гена и порекла секвенце (скривени Марковљеви модели), напредно секвенцирање пептида (рачунарска протеомика). Циљ овог рада је обрада десетог поглавља, заснованог на скривеним Марковљевим моделима[5].

Скривени Марковљев модел (у наставку углавном скраћено *НММ*, према енгл. *Hidden Markov Model*), укратко, представља статистички модел који се састоји из следећих елемената: скривених стања (x_i), опсервација (y_i), вероватноћа прелаза (a_{ij}), полазних (π_i) и излазних вероватноћа (b_{ij}), по примеру са слике 1.2. *НММ* се тако може схватити као коначни аутомат, при чему стања задржавају уобичајено значење, док вероватноће прелаза описују колико се често неки прелаз реализује. Полазне вероватноће одређују почетно стање. Овакав аутомат допуњује се идејом да свако стање са одређеном излазном вероватноћом емитује (приказује) неку опсервацију. Штавише, најчешће су само опсервације и познате у раду са *НММ*, док се позадински низ стања погађа („предвиђа”), па се управо зато стања и модели називају скривеним[7].



Слика 1.2: Једноставан пример скривеног Марковљевог модела[8]

У претходном пасусу су, наравно, скривени Марковљеви модели представљени малтене само концептуално, на високом нивоу. У наставку ће, међутим, они бити постепено уведени, заједно са мотивацијом за њихову употребу у виду биолошких проблема који се њима решавају. Према идеји електронског уџбеника, излагање ће пратити књигу *Bioinformatics Algorithms: An Active Learning Approach*, а биће имплементирани и сви пратећи алгоритми.

Глава 2

Разрада

...

Глава 3

Закључак

...

Библиографија

- [1] Bioinformatics algorithms. званични сајт књиге/уџбеника из биоинформатике: <https://www.bioinformaticsalgorithms.org/>.
- [2] Bioinformatika. званични сајт курса Увод у биоинформатику и уопштено биоинформатике: <http://www.bioinformatika.matf.bg.ac.rs/>.
- [3] A guide for students. Programa de Pós-Graduação em Bioinformática, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, уводна реч једног бразилског програма дипломских студија из биоинформатике доступна на: <http://www.bioinfo.ufpr.br/en/a-guide-for-students.html>.
- [4] Marek Cmero. Frequently asked questions about a career in bioinformatics, 09 2015. Genome Jigsaw, чланак блога бесплатно доступан на интернет адреси: <https://genomejigsaw.wordpress.com/2015/09/27/faq/>.
- [5] Phillip Compeau and Pavel Pevzner. *Bioinformatics Algorithms: An Active Learning Approach, 2nd Edition, Vol. II*. Active Learning Publishers, LLC, 2015. претпоследње поглавље *Chapter 10: Why Have Biologists Still Not Developed an HIV Vaccine? – Hidden Markov Models*, стране 178–233.
- [6] Nabiilah Ardini Fauziyyah. Bioinformatics: Decoding nature’s code of life, 12 2019. Algoritma Technical Blog, чланак блога бесплатно доступан на интернет адреси: <https://algotech.netlify.app/blog/bio-intro/>.
- [7] Mark Stamp. A revealing introduction to hidden markov models. 2021. доступно на: <http://www.cs.sjsu.edu/~stamp/RUA/HMM.pdf>.
- [8] Tdunning. File:hiddenmarkovmodel.svg. Wikimedia Commons, илустрација скривеног Марковљевог модела са Викимедије: <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:HiddenMarkovModel.svg>.

БИБЛИОГРАФИЈА

- [9] Lazar Vasović. Биоинформатика, 07 2021. Classtools.net, ауторски Венов дијаграм: <https://www.classtools.net/Venn/202107-QTgda5>.