# Spaced seeds

Michele Beccari 856608

Corso di Bioinformatica

2023

## Scopo

Lo scopo del progetto è individuare uno SNP o un singolo errore su una read r rispetto al reference R.

**INPUT**: due sequenze r e R. r differisce di uno SNP o errore da una sottostringa di R, cioe  $\exists r'$  sottostringa di r tale che hamming(r, r') = 1

**OUTPUT**: la posizione (se esiste) in r di uno SNP oppure di un errore, ovvero la posizione in cui r differisce per una sottostringa r' da R da cui r può essere derivata.

### Esempio

Dato R = AAAAATCGG e r = ATAGG, chiaramente r differisce in posizione 2 da r' = ATCGG a causa dello SNP C che sostituisce A.

Michele Beccari 856608 Spaced seeds 2023 2

## Spaced seeds

Una possibile soluzione è utilizzare gli spaced seeds

#### Spaced seed

Uno spaced seed consiste in un k-mer dove alcune posizioni sono indicate come \* che sta per "do not care".

Definiamo un k-mer 1-approssimato se solo una posizione del k-mer è \*.

### Esempio

AA\*GG può matchare con AAAGG e anche con AAGGG.

## Spaced seeds

Abbiamo diversi k-mer 1-approssimati per le varie posizioni da 1 a k. Ipotizzando che per ogni posizione i di r ci sia uno SNP si può capire se saltando una determinata posizione i di r si ottiene un k-mer che matcha con uno dei k-mers di R.

## **Implementazione**

Utilizzando ntHash2 è possibile indicizzare la stringa R con k-mer 1-approssimati, distinguendo l'hashing per \* in posizione 1,2,3...k. Per trovare lo SNP gli step saranno quindi:

- 1 Ottenere tutti k-mer 1-approssimati della stringa r.
- 2 Per ogni k-mer 1-approssimato nella stringa R eseguire un confronto con i k-mer 1-approssimati trovati al punto 1.
- 3 Quando eventualmente si trova una match, verificare il carattere corrispondente alla posizione dell' "\*" nella stringa r per trovare lo SNP.

### **Implementazione**

Per generare gli hash dei k-mer 1-approssimati la libreria offre degli oggetti appositi:

```
// Oggetto che genera un hash
// per i k-meri di lunghezza 5 della stringa "ATAGG",
// i seed forniti.
// Gli hash sono degli interi senza segno a 64 bit
nthash::SeedNtHash("ATAGG", seeds, 1, 5)
```

Per generare gli hash con un "\*" in una determinata posizione è necessario fornire all'oggetto della libreria uno o più *seed*, ovvero una stringa composta da 0 e 1 dove gli 0 rappresentano gli asterischi.

Potenzialmente è possibile generare anche più di un hash per ogni

Potenzialmente è possibile generare anche più di un hash per ogni sequenza per gestire eventuali conflitti.