

Sviluppi teorici e applicativi delle metriche entropiche di Rohlin

Dawid Crivelli

Università degli studi di Parma

Relatore:
Prof. Mario Casartelli

Correlatore:
Prof.ssa Raffaella Burioni

In questa tesi ci siamo occupati della metrica di Rohlin sotto diversi aspetti formali e algoritmici, per una migliore comprensione del suo significato e della sua adattabilità allo studio di situazioni complesse, quali ad esempio l'evoluzione di sequenze geniche o la caratterizzazione di sistemi disordinati in meccanica statistica. Lo scopo iniziale del lavoro era approfondire l'utilizzo delle misure entropiche di Rohlin su sequenze biologiche, corrispondenti alla sequenza di amminoacidi della proteina HA dei virus dell'influenza. Differente dalla solita distanza che differenzia mutazioni puntuali nei simboli, la distanza di Rohlin lavora nello spazio delle partizioni sulle sequenze, permettendo di evidenziare strutture e differenze globali, con alto potere predittivo per quanto riguarda il riconoscimento dell'emergenza di nuovi ceppi virali a partire dalla distanza su un insieme di sequenze campionato nel tempo.

La metrica entropica misura la distanza tra le partizioni costruite a partire dai simboli sulle sequenze. La scelta più semplice, che ha dimostrato ottime proprietà, corrisponde a prendere partizioni formate da segmenti omogenei di simboli. Abbiamo inoltre esteso il criterio di partizionamento rendendolo del tutto generale. Per migliorare la sensibilità delle metriche utilizzate, è risultato anche in questo caso cruciale definire un metodo di amplificazione delle distanze, detto *riduzione*, su cui abbiamo concentrato i nostri sforzi al fine di ottenere un'implementazione ottimale. La riduzione consiste nella semplificazione dei fattori che non influiscono sulla distanza: si calcola l'intersezione tra le due partizioni e si ricostruisce la partizione evitando di includere i fattori che risultano comuni.

Abbiamo sperimentato anche la definizione di diversi processi di riduzione, sempre perfettamente generali, utilizzabili su partizioni non aventi una geometria

predefinita sottostante: ad esempio usando un criterio meno sensibile a variazioni sui singoli siti, tralasciando direttamente fattori anche nel caso in cui non sono comuni, ma differiscono in misura meno di una soglia ϵ . Per fare ciò si è dovuto definire operazioni binarie tra partizioni usando algoritmi di *clustering* e *sorting*, per potere rimuovere anche i limiti sull'insieme dei simboli ammesso nelle sequenze. Questo rende possibile definire lo studio delle distanze tra partizioni di qualunque forma e dimensione, generalizzando il problema allo studio di partizioni su reticoli anche con un elevato numero di siti ($N \sim 10^6$) prima non attaccabile, esibendo un andamento asintotico $\mathcal{O}(N \ln N)$ per singola operazione.

Nel caso di sequenze biologiche abbiamo studiato variazioni nei possibili tipi di distanza. La complessità nelle sequenze è solitamente misurata con l'entropia metrica di Shannon, che dipende dalla lunghezza dei segmenti individuati. Non essendoci un criterio fondamentale per pesare le lunghezze, abbiamo sperimentato anche l'utilizzo dell'entropia topologica, definita solo in base al numero di atomi in cui è stata partizionata la sequenza. Abbiamo inoltre verificato cosa accade quando si formano partizioni nonconnesse, per evitare che mutazioni puntuali nascondano possibili invarianze su un piano più astratto, permettendo quindi di collegare amminoacidi uguali anche saltando un numero massimo predefinito di simboli diversi. Abbiamo studiato come l'informazione fornita dalla sequenza viene filtrata dall'ignorare mutazioni su scale sempre più lunghe o utilizzando alfabeti ridotti di amminoacidi. Tutto per svincolarsi da supposizioni ad hoc ed esplorare il panorama delle possibili misure, per verificare quali meglio mettono in evidenza la funzionalità biologica in gioco nel processo evolutivo, senza mai fare assunzioni richiedenti la conoscenza di caratteristiche biologiche non direttamente inferibili dalle sequenze considerate. Si è anche analizzato diversi algoritmi per raggruppare sequenze simili, notando che l'emergenza dei *cluster* di notevole interesse biologico evidenziati grazie alla distanza di Rohlin non dipende dal metodo scelto. Lo studio di tutte le distanze ha selezionato il miglior tipo di distanza, in cui la *riduzione* ha un ruolo fondamentale, mentre un'eccessiva aggregazione di siti e mutazioni maschera l'essenziale funzione del drift genetico.

Per sistemi di Ising in assenza di campo magnetico, l'energia del sistema è invariante per inversione degli spin e le grandezze fisiche rilevanti sono le differenze tra spin vicini, opportunamente rappresentate dai bordi delle partizioni formate da cluster connessi di spin omogenei. La distanza di Rohlin con questo partizionamento cattura solo l'effettiva differenza tra realizzazioni dello stesso sistema rispecchiando la simmetria dell'hamiltoniana. Anche generalizzando l'accoppiamento al caso disordinato, la distanza media al crescere della lunghezza delle sequenze ha permesso di definire e misurare una lunghezza di correlazione efficace in funzione della temperatura. Lo studio è stato esteso a un sistema bidimensionale di Ising in diversi istanti temporali, sia all'equilibrio che in fase transiente o stazionaria a partire da una configurazione casuale, per verificare la adattabilità del metodo a modelli disordinati più generali del reticolo monodimensionale.