Sviluppi Teorici e Applicativi delle Metriche Entropiche di Rohlin

Dawid Crivelli

26 Aprile 2012

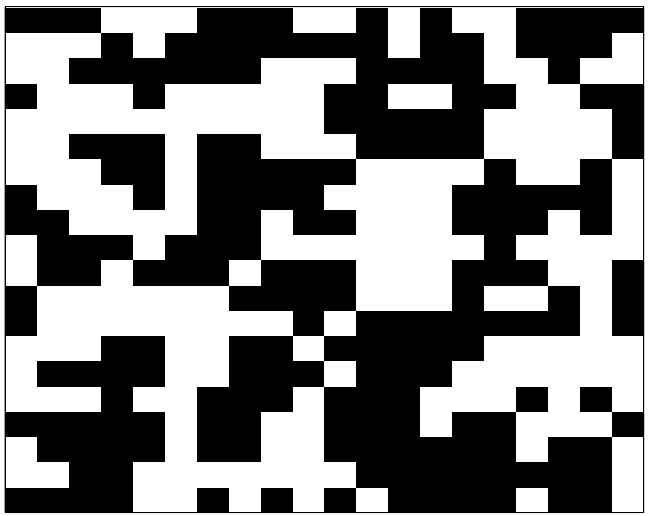
Distanza di Rohlin

Distanza non tra configurazioni, ma tra **partizioni**

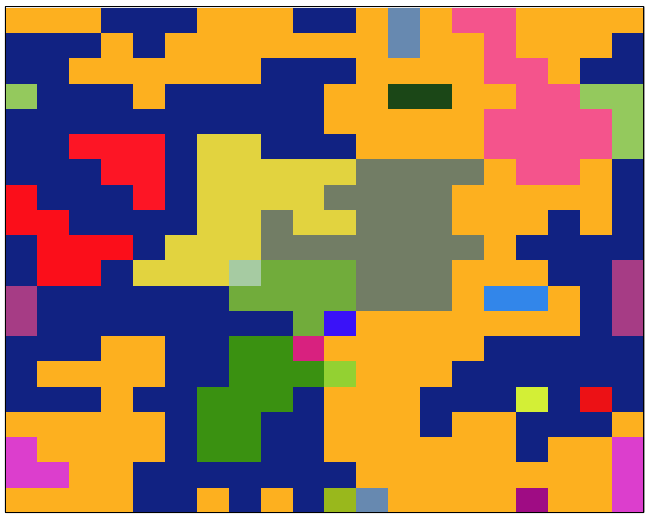
Requisiti:

- uno spazio di probabilità: $(\mathbf{M}, \mathcal{M}, \mu)$
- un criterio per partizionare (relazione di equivalenza)
- usiamo **M** discreto

Ogni sequenza, reticolo, grafo $=>$ array con relazioni non locali



da $\mathcal{C}(\mathbf{M})$ a $\mathcal{Z}(\mathbf{M})$



Complessità di una partizione

Partizione $\Longleftrightarrow$ scomposizione in **atomi** disgiunti di *misura* $\mu(A_k)$

Rappresentazione associando ad ogni sito un'etichetta (atomo):

$$\mathrm{A} = \{\underbrace{(1,2,3,4)}_{A_1}, \underbrace{(5,6)}_{A_2}, \underbrace{(7,8,9)}_{A_3}, \underbrace{(10,11,12,13)}_{A_4}\}$$

$$\mathrm{A} = \begin{bmatrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 2 & 2 & 3 & 3 & 3 & 4 & 4 & 4 & 4 \end{bmatrix}$$

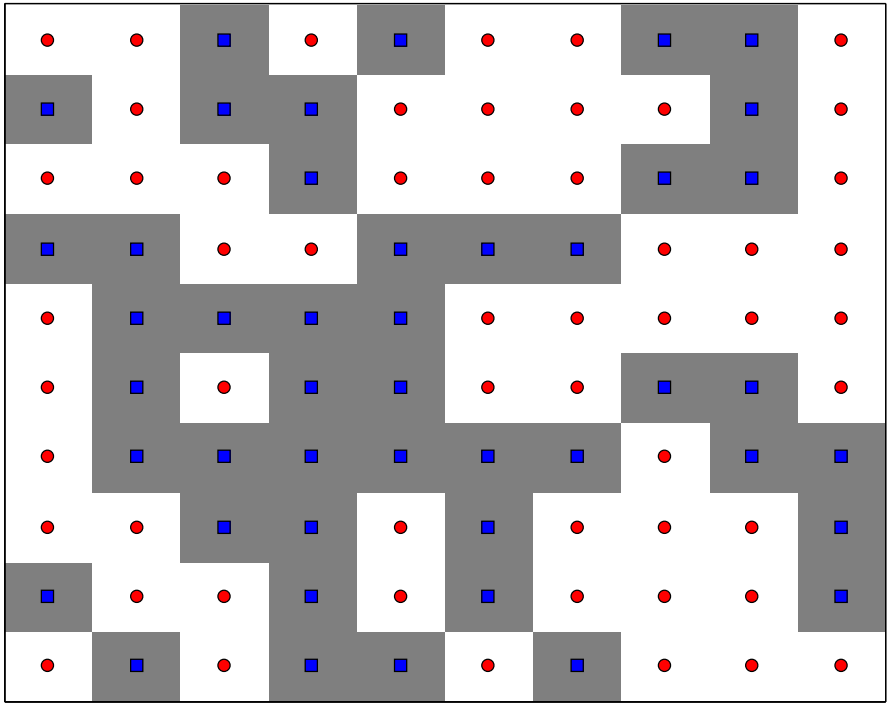
Entropia di Shannon: misura della complessità di una partizione

$$H(A) = \sum_{k}^{n} \mu(A_k) \log\left(\mu(A_k)\right)$$

H=log(n) (max) $\Leftrightarrow$ partizione con n atomi equivalenti
H=0 (min) $\Leftrightarrow$ partizione banale ν

Partizionamento

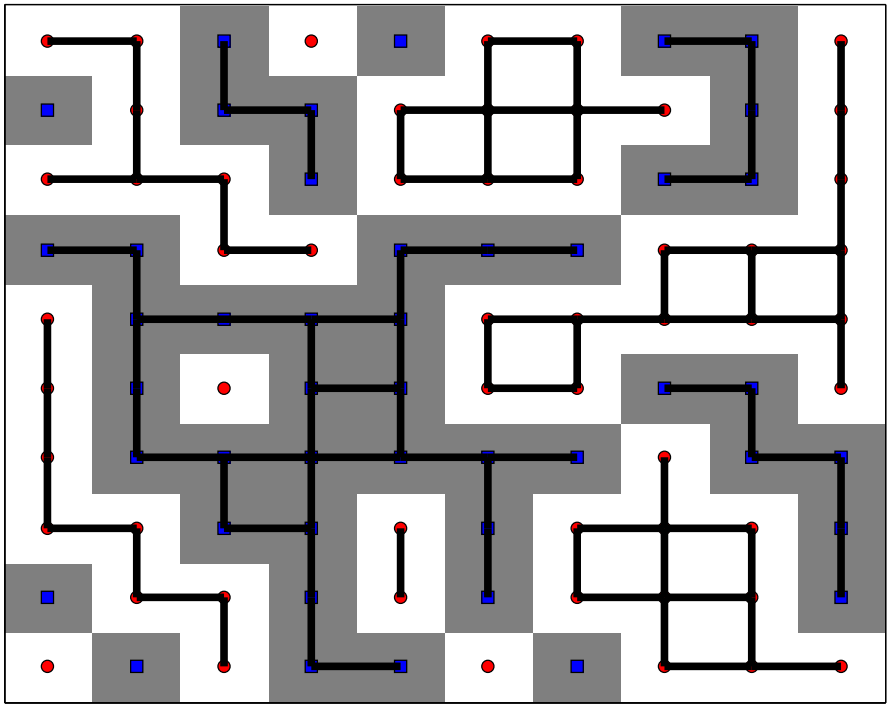
un partizione è una relazione di equivalenza, $i \sim j \iff i, j \in A_k$



relazione locale(tra vicini) => partizione globale
=> colorazione di grafi, algoritmo Hoshen-Kopelman $\mathcal{O}(N \log(N))$

Partizionamento

un partizione è una relazione di equivalenza, $i \sim j \iff i, j \in A_k$

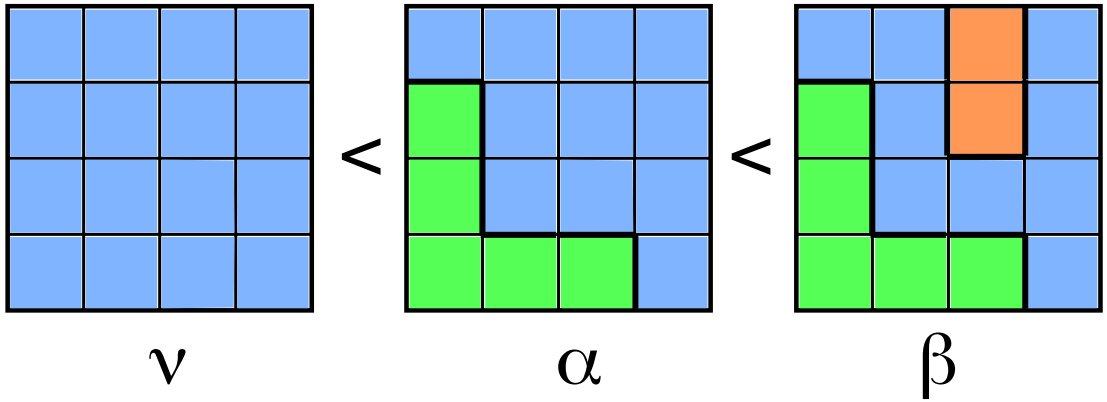


relazione locale(tra vicini) => partizione globale
=> colorazione di grafi, algoritmo Hoshen-Kopelman $\mathcal{O}(N \log(N))$

Ordinamento parziale e fattori

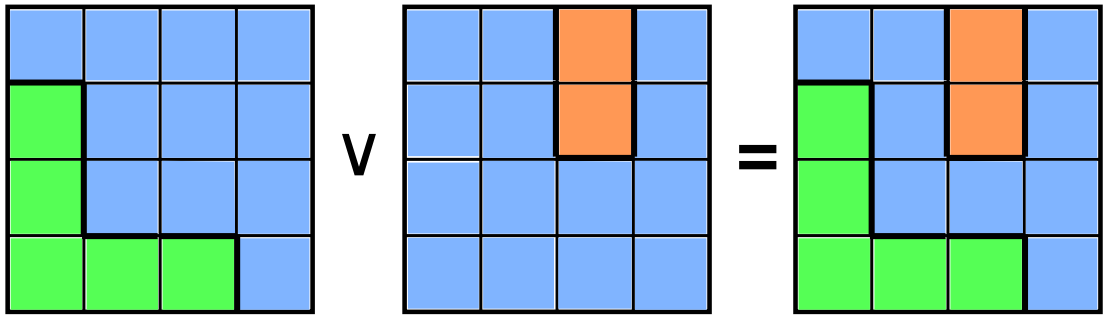
Ordinamento

- α è **fattore** di β
- β è più fine di α
- $H(\alpha) < H(\beta)$



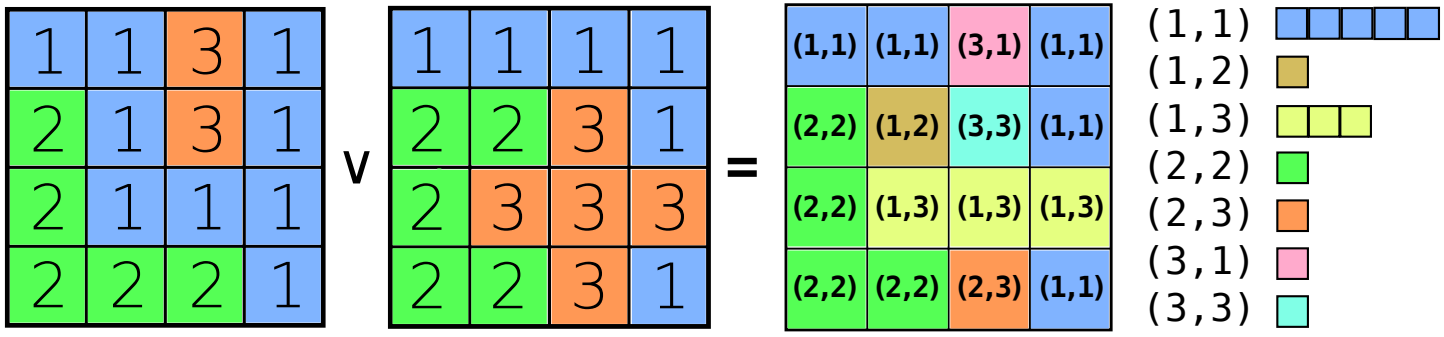
Prodotto

- proprietà associativa
- elemento neutro ν
- ogni partizione è prodotto di fattori
- "**minimo comune multiplo**"

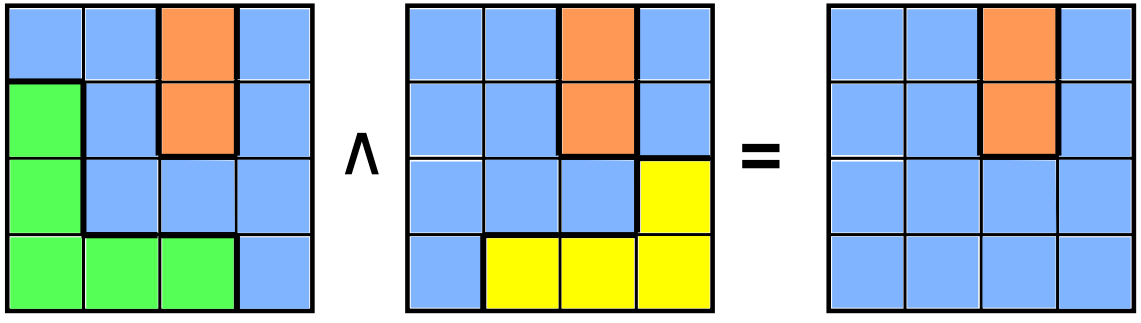


Prodotti tra partizioni

Partizione prodotto $\gamma = \alpha \vee \beta$, più fine: **unione** dei bordi



Partizione intersezione $\sigma = \alpha \wedge \beta$, meno fine: **intersezione** dei bordi



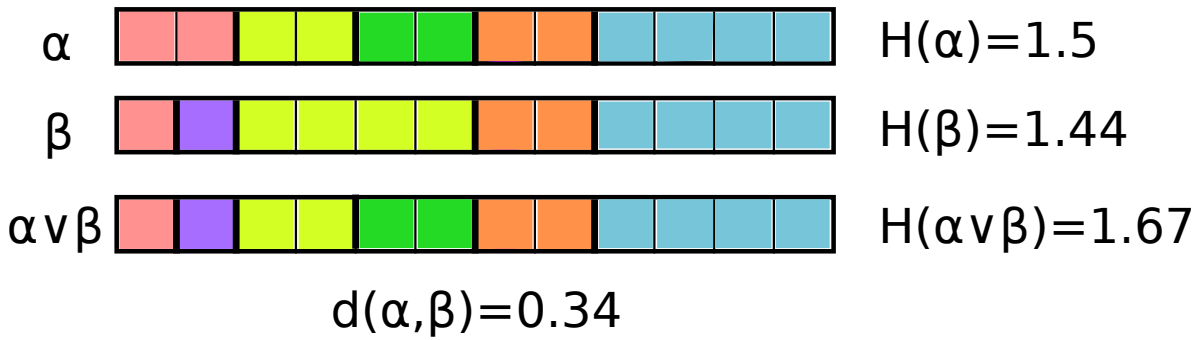
è il "**massimo comune divisore**"

Distanza di Rohlin

Distanza tra partizioni, tramite l'entropia del prodotto:

$$d_R(\alpha, \beta) = 2\, H(\alpha \vee \beta) - H(\alpha) - H(\beta)$$

Partizioni simili hanno piccola distanza:



Funziona perché:

- prodotto idempotente $\alpha \vee \alpha = \alpha$
- l'entropia del prodotto è crescente $H(\alpha \vee \beta) \geq H(\alpha),\ \forall \beta$

Distanza piccola per partizioni estramemente frammentate...

Riduzione e amplificazione della distanza

Ridurre le partizioni: eliminare il più possibile fattori comuni

Definiamo una mappa dalle partizioni alle ridotte

$$\alpha \otimes \beta \xrightarrow{\text{riduzione}} \hat{\alpha}(\alpha,\beta) \otimes \hat{\beta}(\alpha,\beta)$$

Algoritmo

- scomposizione delle due partizioni in fattori
- confronto dei fattori tra le due partizioni
- scelta e scarto
- ricomposizione di ciascuna

La distanza è sempre amplificata:

$$R = \frac{d_R(\hat{\alpha} \otimes \hat{\beta})}{d_R(\alpha \otimes \beta)} \geq 1$$

Confronto tra diverse riduzioni

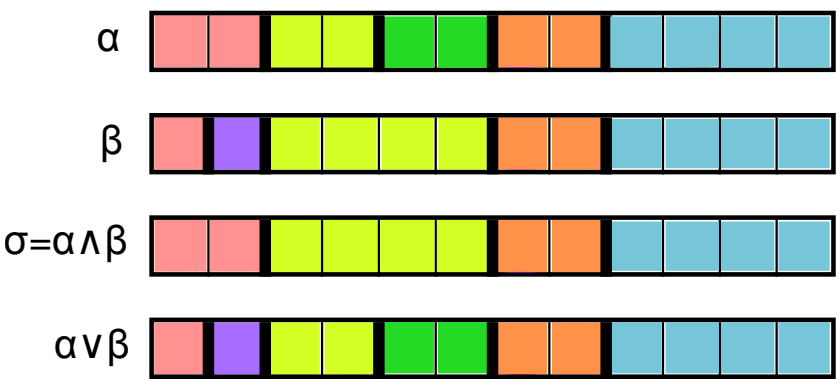
Fattori lineari

- **solo** partizioni lineari connesse
- ottimale come riduzione
- semplicissimo da implementare

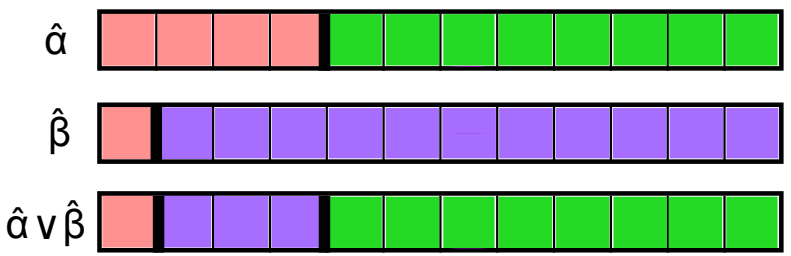
Fattori dicotomici semplici

- ovunque applicabile
- oneroso computazionalmente
- peggiore nel caso lineare

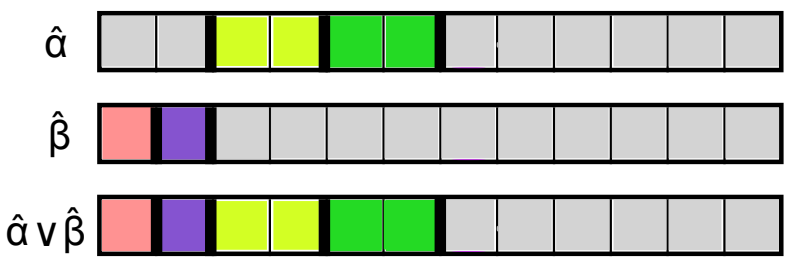
Partizioni non ridotte



Riduzione tramite fattori lineari



Riduzione tramite fattori dicotomici



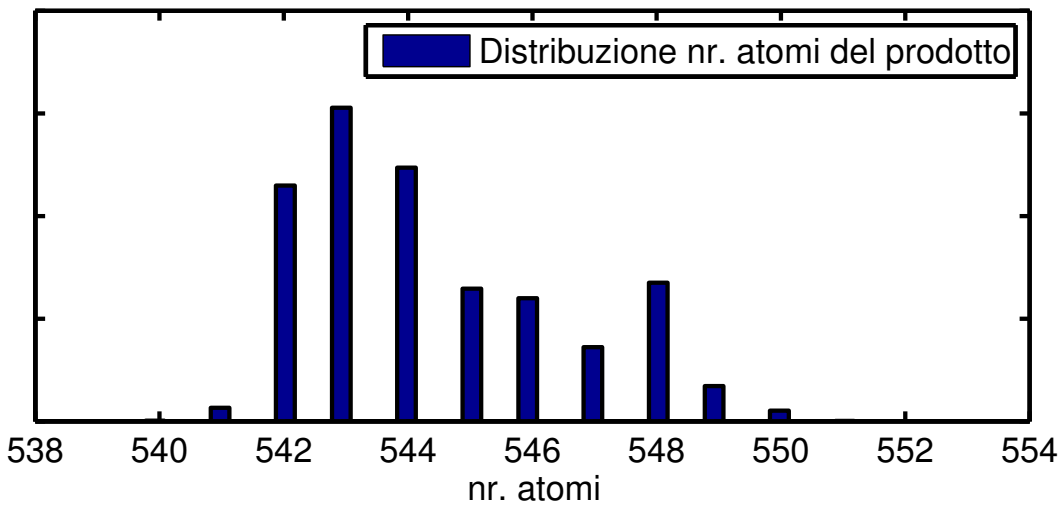
Definizione topologica della distanza

Funzionale entropia indipendente dalla misura μ:

$$H_{\text{top}} = \log(n) \qquad \text{n è il numero di atomi}$$

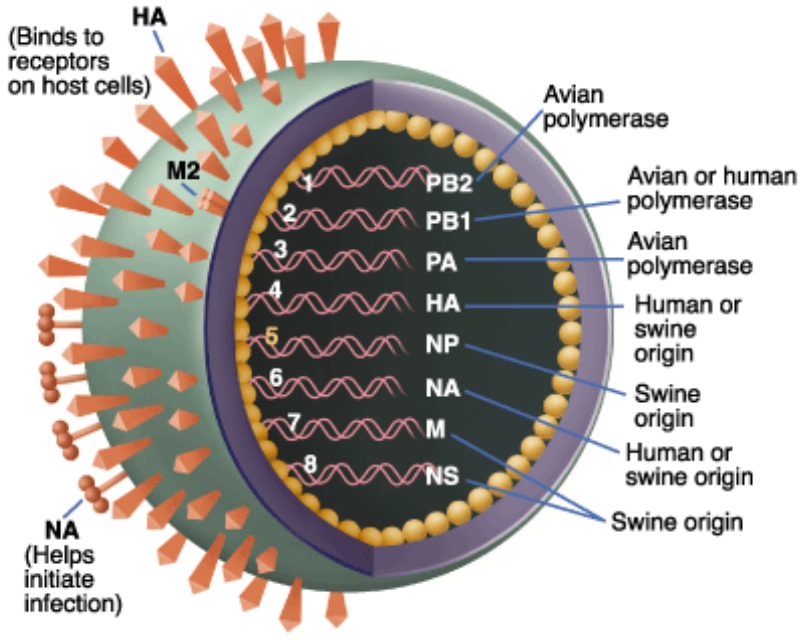
Una distanza di Rohlin opportunamente definita:

$$d_{\text{top}}(\alpha, \beta) = 2\log(n_{\alpha \vee \beta}) - \log(n_\alpha) - \log(n_\beta)$$

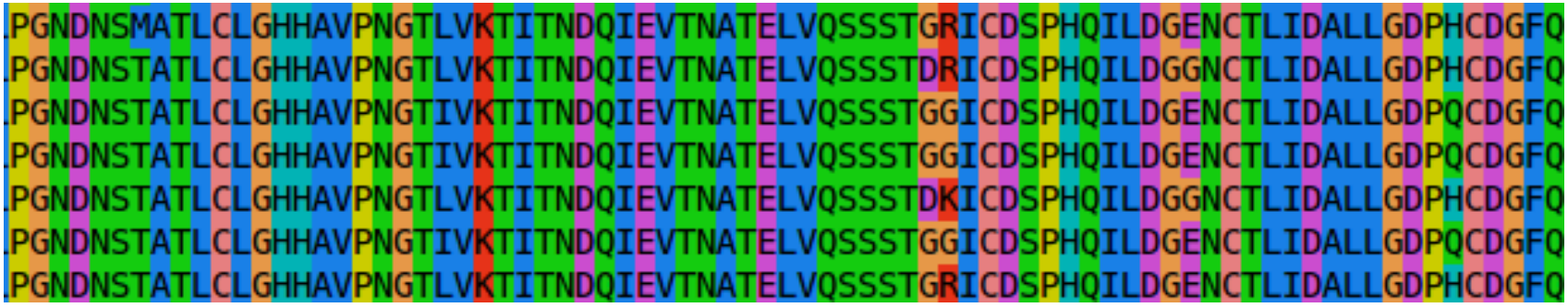


Proteine dell'influenza H3N2

- proteine come stringhe
- approccio *black box*
- sequenze lunghe 566
- alfabeto di 24 lettere
- solo 10% mutazioni
- **antigenic drift**



Sequenze a confronto:



Hamming è poco adatto

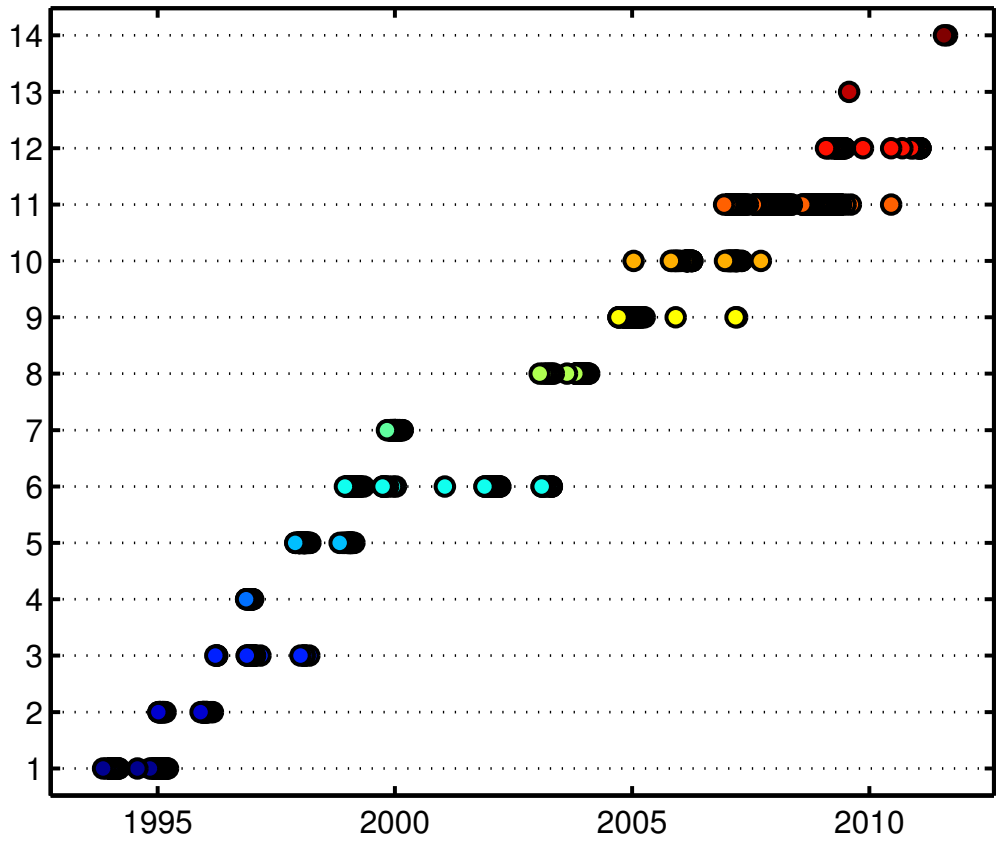
A={GHHAVPNGTLVKTITTGRICGDPHCDGFQNKEW}
B={GHHAVPNGTIVKTITTGEICGDPQCDGFQNKKW}

$d_H(A, B) =$ #differenze
$d_H(A, B) = 4$

Hamming è poco adatto

A={GHHAVPNGTLVKTITTGRICGDPHCDGFQNKEW}
B={GHHAVPNGTIVKTITTGEICGDPQCDGFQNKKW}

$d_H(A, B)$= #differenze
$d_H(A, B) = 4$



Antigenic drift

$d_H \propto t$

Utilizzo misure entropiche

1. Selezione N sequenze da un database (FluDB, NCBI) e allineamento
2. Partizionamento delle sequenze
3. Calcolo matrice d_{ij} delle $N(N-1)/2$ distanze tra partizioni
4. N punti, distanti tra di loro d_{ij} — grafo completo tra le sequenze

Utilizzo misure entropiche

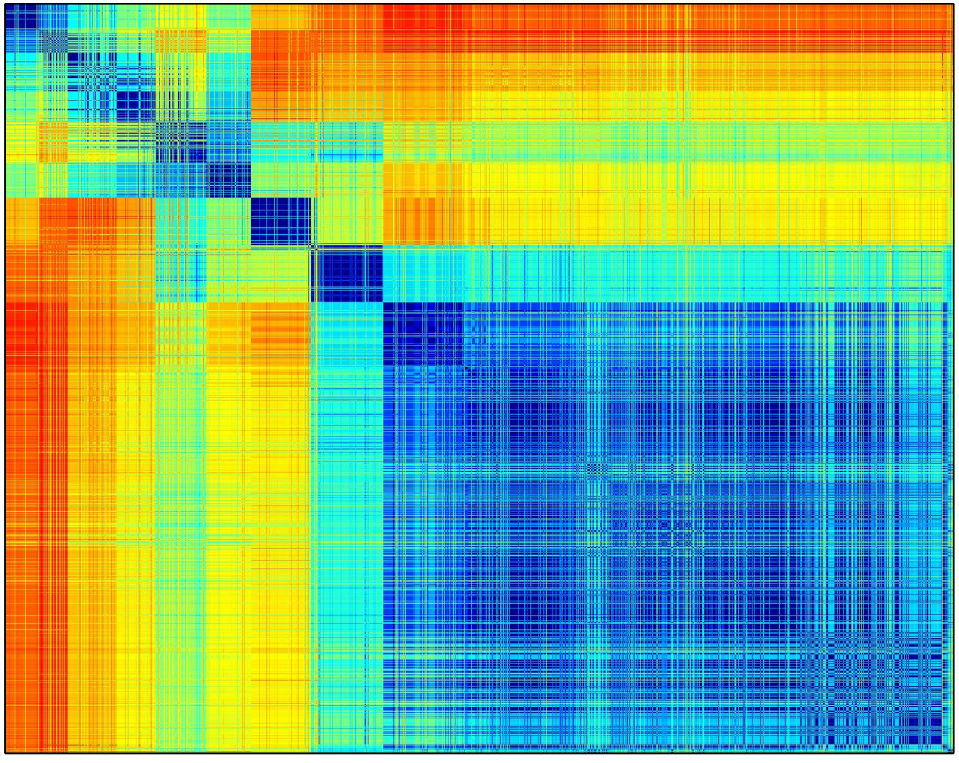
1. Selezione N sequenze da un database (FluDB, NCBI) e allineamento
2. Partizionamento delle sequenze
3. Calcolo matrice d_{ij} delle $N(N-1)/2$ distanze tra partizioni
4. N punti, distanti tra di loro d_{ij} — grafo completo tra le sequenze

Utilizzo misure entropiche

1. Selezione N sequenze da un database (FluDB, NCBI) e allineamento
2. Partizionamento delle sequenze
3. Calcolo matrice d_{ij} delle $N(N-1)/2$ distanze tra partizioni
4. N punti, distanti tra di loro d_{ij} — grafo completo tra le sequenze

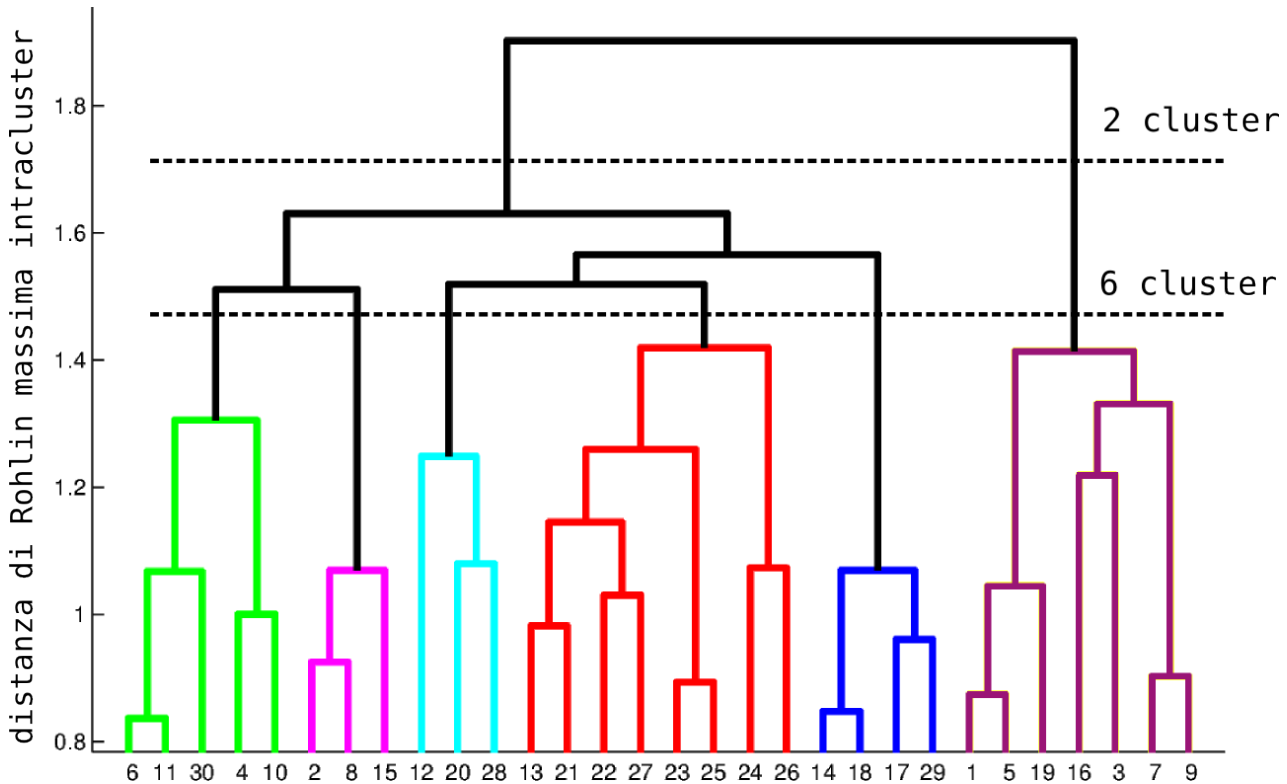
Utilizzo misure entropiche

1. Selezione N sequenze da un database (FluDB, NCBI) e allineamento
2. Partizionamento delle sequenze
3. Calcolo matrice d_{ij} delle $N(N-1)/2$ distanze tra partizioni
4. N punti, distanti tra di loro d_{ij} — grafo completo tra le sequenze



Clustering di sequenze

Suddivisione di N sequenze in p **clusters**

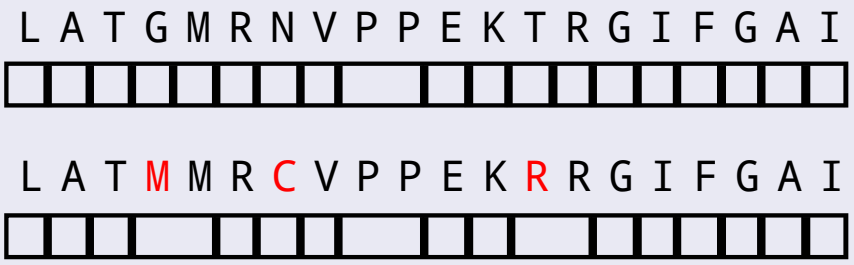


"Clustering gerarchico agglomerativo"

Altri algoritmi: risultati qualitativamente indistinguibili

Distanza e partizionamento ottimale

Partizioni di segmenti omogenei

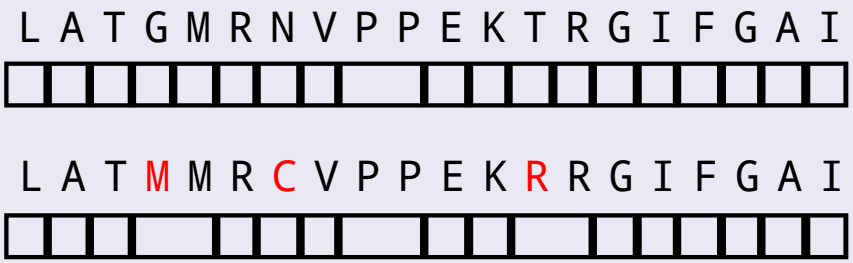


$$d_R = 0.13$$

Partizioni ridotte

Distanza e partizionamento ottimale

Partizioni di segmenti omogenei



$$d_R = 0.13$$

Partizioni ridotte

$$d_R = 1.07$$

Distanza e partizionamento ottimale

Partizioni di segmenti omogenei

L A T G M R N V P P E K T R G I F G A I

L A T M M R C V P P E K R R G I F G A I

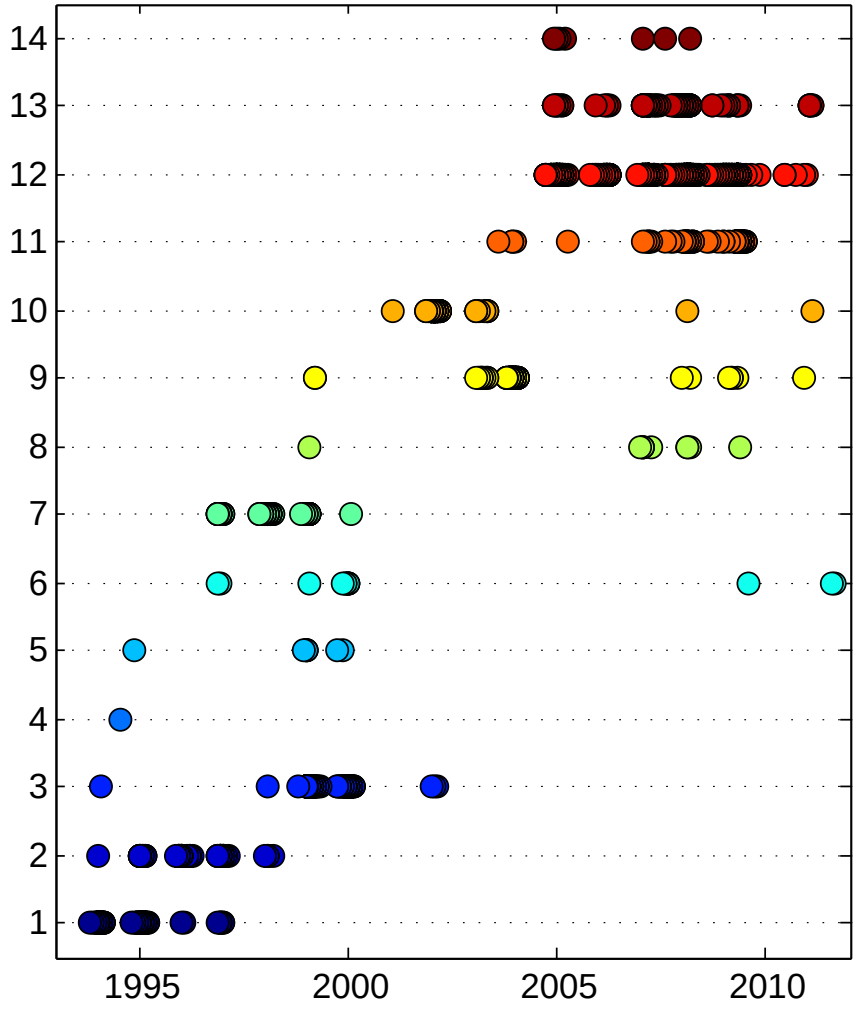
$d_R = 0.13$

Partizioni ridotte

L A T G M R N V P P E K T R G I F G A I

L A T M M R C V P P E K R R G I F G A I

$d_R = 1.07$



Sequenze lineari di spin (Ising 1D

Clusters di spin $\Longleftrightarrow$ Clusters di link

Lunghezza di correlazione tra partizioni

Variazione in temperatura

Tipi di disordine

Ising 2D, reticolo quadrato