

یک مدل ریاضی جدید برای مساله استنباط هاپلوتا‌یپ‌ها از ژنوتا‌یپ‌ها با معیار پارسیمونی

رضا فیض‌آبادی^۱، مهری باقریان^{۲*}

۱- دانشجوی دکتری، گروه ریاضی کاربردی، دانشکده علوم ریاضی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

۲- استادیار گروه ریاضی کاربردی، دانشکده علوم ریاضی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

رسید مقاله: ۱۰ اردیبهشت ۱۳۹۶

پذیرش مقاله: ۲ آبان ۱۳۹۶

چکیده

مساله استنباط هاپلوتا‌یپ‌ها از ژنوتا‌یپ‌ها یکی از مسایل مهم حوزه ریاضیات زیستی است. اهمیت این مساله به دلیل کاربردهای فراوان آن در تشخیص و درمان بیماری‌های ژنتیکی همچون دیابت، آلزایمر و امراض قلبی است که موجب رقابت پژوهشگران در ارایه مدل‌های ریاضی بهتر و طراحی الگوریتم‌های کارا تر برای حل این مساله شده است. علی‌رغم پژوهش‌های فراوان، به دلیل NP-hard بودن مساله همچنان نیاز به ارایه مدل‌های جدید و یا بهبود روش‌های قبلی احساس می‌شود. استنباط هاپلوتا‌یپ‌ها تحت معیارهای متفاوتی بیان می‌شود. پارسیمونی یکی از مهم‌ترین آن‌هاست و در این مقاله مساله با این معیار مورد بررسی قرار گرفته است. روش‌های حل مساله استنباط هاپلوتا‌یپ‌ها از ژنوتا‌یپ‌ها با معیار پارسیمونی به دو دسته دقیق و تقریبی تقسیم می‌شود. اغلب روش‌های دقیق مساله را به صورت یک مساله برنامه‌ریزی با اعداد صحیح فرمول‌بندی می‌کنند. اخیراً در مقاله‌ای یک مدل دقیق به نام HI Base -10 برای این مساله ارایه شده که ابتدا به هر هاپلوتا‌یپ و ژنوتا‌یپ یک عدد متناظر کرده و سپس مدل را بر اساس این اعداد تشکیل می‌دهد که در آن هیچ متغیر و قیدی متناظر جایگاه‌های هتروزیگوت به مساله تحمیل نمی‌شود. در این مقاله نیز با شیوه‌ای متفاوت به ژنوتا‌یپ‌ها اعدادی متناظر کرده و بر اساس این اعداد یک مساله برنامه‌ریزی با متغیرهای دودویی و آمیخته می‌سازیم. در نتیجه این تبدیلات، مدل جدید، متغیر عدد صحیح نداشته و متغیرهای کم‌تری نسبت به HI Base -10 دارد. به علاوه در مدل جدید هیچ متغیر و قیدی متناظر جایگاه‌های هموزیگوت وجود ندارد و متغیرها به جایگاه‌های هتروزیگوت اختصاص داده می‌شوند. با توجه به تعداد زیاد جایگاه‌های هموزیگوت در مقایسه با جایگاه‌های هتروزیگوت در داده‌های واقعی ارزش این مدل مشخص می‌شود.

کلمات کلیدی: بیوانفورماتیک، استنباط هاپلوتا‌یپ‌ها، مدل عدد صحیح، پارسیمونی، ژنوتا‌یپ

* عهده‌دار مکاتبات

آدرس الکترونیکی: mbagherian@guilan.ac.ir

۱ مقدمه

انسان یک موجود دیپلوئید است؛ یعنی DNA انسان به ۲۳ جفت کروموزوم تقسیم می‌شود. هر زوج کروموزوم نسخه یکسانی از کروموزوم‌هایی است که از هر یک از والدین به ارث رسیده است. کروموزوم شامل مولکول پلیمری بسیار طویل از زیرواحدهای ساده‌تری به نام نوکلئوتید است. تنها چهار نوع نوکلئوتید در ساختمان DNA نقش دارند که آن‌ها را به اختصار با حروف A، T، C و G می‌شناسند. به جز در ۰.۱ درصد از جایگاه‌های نوکلئوتیدی، در بقیه جایگاه‌ها عناصر متناظر روی هر دو کروموزوم یک فرد یا بین افراد جامعه یکسان است [۱، ۲، ۳، ۴]. به جایگاه‌های اختلاف‌دار چندریختی تک‌نوکلئوتیدی^۱ یا به اختصار اسنپ (SNP) گفته می‌شود. تقریباً همه اسنپ‌ها دو آللی^۲ هستند؛ یعنی تنها دو نوکلئوتید از چهار حالت ممکن در یک جایگاه مشاهده می‌شود. به آلل‌های مشاهده‌شده با تکرار بالا در جمعیت، نوع غالب^۳ گفته می‌شود [۵] و این جایگاه‌ها به کدگذاری می‌شود. آلل‌های با تکرار کم به ۱ کدگذاری می‌شود و به آن‌ها نوع مغلوب^۴ گفته می‌شود [۵].

با صرف نظر کردن از جایگاه‌های یکسان و پشت سر هم قراردادن اسنپ‌ها دنباله‌ای از ارقام ۰ و ۱ حاصل می‌شود که به آن هاپلوتا‌پ می‌گوییم. شکل ۱ الف بخشی از کروموزوم‌های k فرد را نمایش می‌دهد. جایگاه‌هایی که با زمینه رنگی مشخص شده‌است، در تمام جمعیت دارای نوکلئوتید یکسان نیست و اسنپ نامیده شده‌است. با حذف جایگاه‌های حاوی نوکلئوتید یکسان و پشت هم ردیف کردن اسنپ‌ها در شکل ۱.ب هاپلوتا‌پ‌ها ایجاد و در شکل ۱.پ کدگذاری شده‌است.

مقایسه هاپلوتا‌پ‌ها بین اشخاص سالم و بیمار به تشخیص و درمان بسیاری از بیماری‌ها کمک می‌کند. تخمین هاپلوتا‌پ‌ها در زمینه‌های مختلفی همچون طراحی دارو، عملکرد ژن‌ها، نقشه‌ی ژنی بیماری‌های پیچیده و غیره کمک می‌کند [۶]. برخی از مطالعاتی که با استفاده از هاپلوتا‌پ‌ها به مطالعه بیماری‌ها می‌پردازند عبارتند از: [۷، ۸، ۹] در دیابت نوع ۱، [۱۰، ۱۱] در دیابت نوع ۲، [۱۲، ۱۳] در آلزایمر، [۱۴] در سکتة مغزی، [۱۵] در آسم و [۱۶] در بیماری عروق کرونر.

متأسفانه استخراج هاپلوتا‌پ‌ها با روش‌های آزمایشگاهی بسیار گران و زمان‌بر است؛ اما ژنوتا‌پ‌ها که در واقع ترکیب هاپلوتا‌پ‌های پدرانه و مادرانه هستند از روش‌های آزمایشگاهی با سرعت و با هزینه کم قابل دستیابی‌اند. در آزمایشگاه برای هر فرد تنها یک ژنوتا‌پ به دست می‌آید که رشته‌ای به طول هاپلوتا‌پ‌هاست و اطلاعات آن بدین صورت است که اگر جایگاهی روی هر دو هاپلوتا‌پ‌های پدرانه و مادرانه دارای نوکلئوتید یکسان باشد، جایگاه متناظر بر روی ژنوتا‌پ نیز همان نوکلئوتید را دارد. چنین جایگاه‌هایی هموزیگوت نامیده می‌شود و بر اساس نوع غالب (بیش‌ترین فراوانی در آن جایگاه) یا نوع مغلوب (فراوانی کم‌تر در آن جایگاه) به ترتیب مقادیر ۰ و ۱ به آن جایگاه اختصاص می‌یابد. اگر جایگاهی بر روی یکی از هاپلوتا‌پ‌ها دارای یک نوکلئوتید و روی هاپلوتا‌پ دیگر دارای نوکلئوتید دیگری باشد، به جایگاه متناظر روی ژنوتا‌پ مقدار ۲

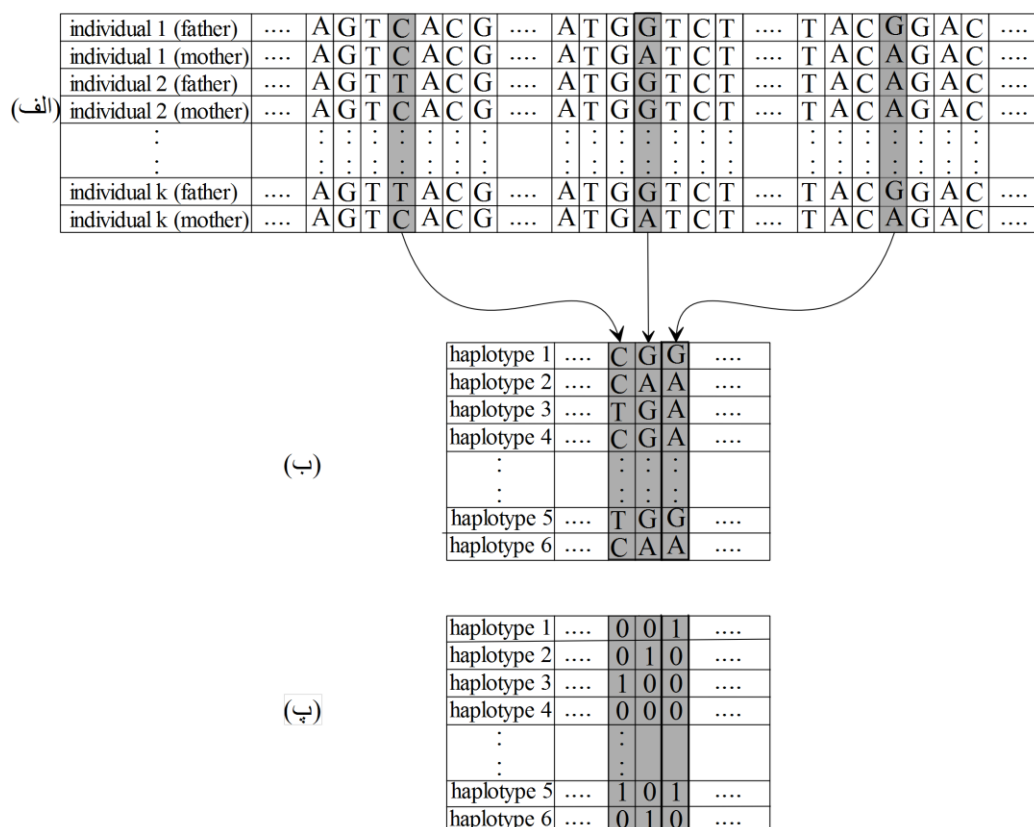
¹ Single Nucleotide Polymorphis (SNP)

² biallelic

³ major

⁴ minor

اختصاص می‌یابد. چنین جایگاهی هتروزیگوت نامیده می‌شود. در حالت اخیر این اطلاع که مقدار ۰ یا ۱ روی کدام یک از هاپلوتایپ‌های پدرانه یا مادرانه است، از دست می‌رود و تنها آگاهی ما از وجود اختلاف روی دو هاپلوتایپ در چنین جایگاهی است.



شکل ۱. الف. بخشی از کروموزوم‌های پدرانه و مادرانه در یک جمعیت نمونه. ب. هاپلوتایپ‌های متناظر کروموزوم‌ها. پ. هاپلوتایپ‌های کدشده.

به‌دست آوردن ژنوتایپ‌ها در آزمایشگاه آسان و کم‌هزینه است؛ اما آن چه در کاربرد ارزشمند است، هاپلوتایپ‌ها هستند. خوشبختانه محاسبه هاپلوتایپ‌ها از روی ژنوتایپ‌ها توسط روش‌های محاسباتی امکان‌پذیر است. به محاسبه هاپلوتایپ‌ها از روی ژنوتایپ‌ها، استنباط هاپلوتایپ‌ها^۱ گفته می‌شود [۱۷]. مشکل این محاسبه در تعداد بسیار زیاد زوج هاپلوتایپ‌هایی است که می‌توانند هاپلوتایپ‌های اولیه تعدادی ژنوتایپ باشند. این تعداد به طور دقیق $2^{\alpha-1}$ زوج برای ژنوتایپی با α جایگاه هتروزیگوت است؛ لذا برای انتخاب زوج هاپلوتایپ‌های صحیح از بین زوج‌های ممکن به یک معیار نیاز داریم. دو معیار مهم که انطباق زیادی با واقعیت دارند، پارسیمونی^۲ و بیش-ترین درستمایی^۳ هستند. ما در این مقاله از معیار پارسیمونی استفاده می‌کنیم.

1 Haplotype Inference
2 parsimony
3 Maximum likelihood

اگر یک مجموعه شامل n ژنوتایپ داده شده باشد براساس معیار پارسیمونی مجموعه هاپلوتایپ‌هایی که قابلیت تولید ژنوتایپ‌ها را داشته باشند، باید کم‌ترین تعداد عضو ممکن را داشته باشند. مساله تحت این معیار PPH نامیده شده است.

مساله استنباط هاپلوتایپ‌ها از روی ژنوتایپ‌ها با معیار پارسیمونی NP-hard است [۱۷، ۱۸]؛ بنابراین روش‌های تقریبی زیادی برای حل این مساله ارایه شده‌است که برخی از آن‌ها عبارت است از [۱۷، ۲۸-۱۹]. برخی از روش‌ها نیز در پی یافتن جواب دقیق این مساله هستند. این روش‌ها اغلب مساله را به صورت یک مدل برنامه‌ریزی عدد صحیح فرمول‌بندی می‌کنند. اولین مدل برای مساله PPH معروف به TIP توسط گاسفیلد در ۲۰۰۳ ارایه شد [۱۸] که تعداد متغیرها و قیده‌ای آن از مرتبه‌ی نمایی است. لانسیا و سارافینی در ۲۰۰۹ مدل نمایی دیگری ارایه کردند [۲۹]. اولین مدل‌های چندجمله‌ای در ۲۰۰۴ توسط لانسیا و همکارانش [۱۷] و همچنین توسط هالدورسون و همکارانش [۳۰] ارایه شدند. بعد از آن مدل‌های پیوندی براون و هاروور در ۲۰۰۶ [۳۱] و چندجمله‌ای کاتانزارو در ۲۰۰۷ [۳۲] و چندجمله‌ای برتولازی در ۲۰۰۸ [۳۳] ارایه شد. دو روش دقیق دیگر که به تازگی ارایه شده‌اند [۳۴] و [۳۵] هستند.

اخیرا در مقاله‌ای در ۲۰۱۶ یک مدل عدد صحیح آمیخته چندجمله‌ای به نام HI Base- 10 برای PPH ارایه شده که هیچ متغیر و قیدی متناظر جایگاه‌های هتروزیگوت ندارد [۳۶]. در این مقاله مدل‌بندی دیگری برای این مساله ارایه می‌کنیم که بر خلاف مدل قبلی هیچ متغیر و قیدی متناظر جایگاه‌های هموزیگوت ندارد. همان‌طور که نشان خواهیم داد، با توجه به اینکه معمولا تعداد جایگاه‌های هموزیگوت بیش‌تر از تعداد جایگاه‌های هتروزیگوت است، مدل جدید در بسیاری از نمونه‌ها سریع‌تر از مدل قبلی اجرا می‌شود.

ساختار مقاله در ادامه بدین صورت است که در بخش دوم مدل HI Base- 10 تشریح می‌شود. در بخش سوم مدل جدید HI Base- 10 اصلاح‌شده را می‌آوریم. بخش چهارم به نتایج محاسباتی بر روی نمونه‌های شبیه‌سازی شده و مقایسه HI Base- 10 و HI Base- 10 اصلاح‌شده اختصاص دارد. در انتها بخش پنجم، نتیجه‌گیری را ارایه می‌کند.

۲ مدل HI Base- 10

n ژنوتایپ داده شده است که هر کدام از m جایگاه شامل اعداد ۰، ۱ و ۲ تشکیل شده‌اند. جایگاه‌ها را از راست به چپ از ۱ تا m اندیس‌گذاری می‌کنیم و s امین جایگاه ژنوتایپ t ام را با $g_t(s)$ نمایش می‌دهیم. هاپلوتایپ‌ها نیز رشته‌هایی به طول m هستند که هر جایگاه‌شان یکی از اعداد ۰ و ۱ را شامل می‌شود. اندیس‌گذاری جایگاه‌های هاپلوتایپ‌ها که آن‌ها را با حرف h نمایش می‌دهیم با ژنوتایپ‌ها یکسان است. در صورتی که رابطه‌ی زیر بین هاپلوتایپ‌های h_i و h_j و ژنوتایپ g برقرار باشد h_i و h_j را هاپلوتایپ‌های مولد ژنوتایپ g گوئیم و این رابطه را با $g = h_i \oplus h_j$ نمایش می‌دهیم.

$$g(s) = \begin{cases} 0 & h_i(s) = h_j(s) = 0 \\ 1 & h_i(s) = h_j(s) = 1 \\ 2 & o.w. \end{cases}$$

برای مثال $h_i = 001$ و $h_j = 101$ هاپلوتایپ‌های مولد $g = 201$ هستند؛ یعنی $101 = 101 \oplus 001$ است. هاپلوتایپ‌ها و ژنوتایپ‌ها را با تعریف فوق هاپلوتایپ و ژنوتایپ معمولی می‌نامیم و با اعمال تبدیلاتی بر روی آن‌ها انواع دیگری را از هاپلوتایپ‌ها و ژنوتایپ‌ها به دست می‌آوریم که در زیر به تعریف آن‌ها و تشریح هر کدام با استفاده از هاپلوتایپ معمولی $h = 10101$ و ژنوتایپ معمولی $g = 201210$ می‌پردازیم.

ژنوتایپ حسابی: از جایگزین کردن مقادیر ۱ با ۲ و بالعکس در ژنوتایپ معمولی حاصل می‌شود. در ژنوتایپ معمولی نمونه، $g = 201210$ ، جایگاه‌های دوم و چهارم از سمت راست حاوی مقدار ۱ هستند که مقدار آن‌ها را به ۲ تغییر می‌دهیم و جایگاه‌های سوم و ششم دارای مقدار ۲ هستند، لذا مقدار این جایگاه‌ها به ۱ تغییر می‌یابد. حاصل ژنوتایپ حسابی $\hat{g} = 102120$ است.

ژنوتایپ دودویی: با جایگزین کردن هر مقدار ۲ با جمع دو مقدار ۱ در ژنوتایپ حسابی و به‌طور همزمان در نظر گرفتن ژنوتایپ به صورت عددی در مبنای ۲ حاصل می‌شود. به عبارتی چنانچه جایگاه s ام ژنوتایپ حسابی مقدار ۲ داشته باشد، مقدار آن را به ۰ تغییر داده و مقدار ۱ به جایگاه $s+1$ ام این ژنوتایپ اضافه می‌کنیم؛ بنابراین دنباله حاصل فقط شامل اعداد ۰ و ۱ خواهد بود. ژنوتایپ دودویی متناظر با ژنوتایپ حسابی $\hat{g} = 102120$ برابر $\tilde{g} = 111000$ می‌باشد و بدین صورت محاسبه شده است: با توجه به این که مقدار جایگاه اول ۰ است هیچ تغییری در این جایگاه نداریم. مقدار ۲ در جایگاه دوم $\hat{g}$ با مجموع دو مقدار ۱ جایگزین می‌شود که در نتیجه مقدار ۰ به این جایگاه اختصاص یافته و مقدار ۱ به جایگاه بعدی؛ یعنی سوم اضافه می‌شود. جایگاه سوم از قبل دارای مقدار ۱ بوده است و در نتیجه افزایش یک واحد به آن مقدار این جایگاه ۰ خواهد شد و یک واحد به مقدار جایگاه بعدی (چهارم) اضافه می‌شود. اکنون جایگاه چهارم باتوجه به مقدار قبلی‌اش حاوی مجموع سه مقدار ۱ است که یکی از آن‌ها در این جایگاه قرار گرفته و دو مقدار ۱ دیگر، یک واحد به جایگاه پنجم اضافه می‌کنند. در نتیجه مقدار جایگاه پنجم از ۰ به ۱ افزایش می‌یابد. مقدار جایگاه ششم تغییری نمی‌کند. در نتیجه تبدیل ژنوتایپ حسابی به دودویی، ممکن است طول ژنوتایپ یک واحد افزایش یابد؛ ولی این امر خللی در روند محاسبات در ادامه به وجود نمی‌آورد.

ژنوتایپ عددی: با در نظر گرفتن هر ژنوتایپ دودویی به صورت عددی در مبنای ۲ و انتقال آن به مبنای ۱۰ حاصل می‌شود؛ بنابراین برای محاسبه ژنوتایپ عددی از $\tilde{g}$ آن را به صورت عددی در مبنای ۲ در نظر می‌گیریم، سپس این عدد را به مبنای ۱۰ انتقال می‌دهیم. واضح است که برای این انتقال باید جایگاه j ام ژنوتایپ دودویی را در 2^{j-1} ضرب کرده و مقادیر حاصل را با هم جمع کنیم؛ لذا مقدار ژنوتایپ عددی برای نمونه تحت بررسی به صورت زیر به دست می‌آید:

$$Z = 0 \times 2^0 + 0 \times 2^1 + 0 \times 2^2 + 1 \times 2^3 + 1 \times 2^4 + 1 \times 2^5 = 56$$

هاپلوتا پ عددی: با در نظر گرفتن هر هاپلوتا پ معمولی به صورت عددی در مبنای ۲ و انتقال آن به مبنای ۱۰ حاصل می شود. مقدار هاپلوتا پ عددی متناظر با هاپلوتا پ نمونه، $h = 10101$ به صورت زیر به دست می آید:

$$z = 1 \times 2^4 + 0 \times 2^3 + 1 \times 2^2 + 0 \times 2^1 + 1 \times 2^0 = 21$$

جداول ۱ و ۲ انواع ژنوتا پها و هاپلوتا پها و نمونه ای از این تبدیلات را برای چند مثال دیگر نمایش می دهند.

قضیه زیر ارتباط بین ژنوتا پهای عددی و هاپلوتا پهای عددی را بیان می کند.
 قضیه ۱. [۳۶] ژنوتا پ عددی z متناظر با ژنوتا پ معمولی g مفروض است. اگر هاپلوتا پهای عددی h و h_r در شرایط (۱) - (۵) صدق کنند، آن گاه هاپلوتا پهای معمولی مولدشان ژنوتا پ g را تولید می کنند.

جدول ۱. چند مثال از ژنوتا پهای معمولی، حسابی، دودویی و عددی

ژنوتا پ معمولی	ژنوتا پ حسابی	ژنوتا پ دودویی	ژنوتا پ عددی	اندیس ژنوتا پ
۱ ۲ ۲ ۱	۲ ۱ ۱ ۲	۱ ۱ ۰ ۰	۲ ۴	۱
۲ ۰ ۲ ۲	۱ ۰ ۱ ۱	۱ ۰ ۱ ۱	۱ ۱	۲
۲ ۰ ۱ ۱	۱ ۰ ۲ ۲	۱ ۱ ۱ ۰	۱ ۴	۳
۱ ۰ ۲ ۲	۲ ۰ ۱ ۱	۱ ۰ ۰ ۱ ۱	۱ ۹	۴
۱ ۲ ۰ ۲	۲ ۱ ۰ ۱	۱ ۰ ۱ ۰ ۱	۲ ۱	۵

جدول ۲. چند مثال از هاپلوتا پهای معمولی و عددی

اندیس هاپلوتا پ	هاپلوتا پ معمولی	هاپلوتا پ عددی
h_1	۱ ۰ ۱ ۱	۱ ۱
h_r	۱ ۱ ۰ ۱	۱ ۳
h_r	۰ ۰ ۱ ۱	۳
h_f	۱ ۰ ۰ ۰	۸

$$h + h_r = z \quad (1)$$

$$h = 2^p (q_{i,p} + r_{i,p}) \quad \forall p: g(p) \neq 2 \quad (2)$$

$$h_r = 2^p (q_{r,p} + r_{r,p}) \quad \forall p: g(p) \neq 2 \quad (3)$$

$$0 \leq r_{i,p} < 0/5 \quad i=1,2, \quad \forall p: g(p)=0 \quad (4)$$

$$0/5 \leq r_{i,p} < 1 \quad i=1,2, \quad \forall p: g(p)=1 \quad (5)$$

همان طور که از روابط (۱) تا (۵) مشخص است برای تولید هاپلوتا پهای مولد یک ژنوتا پ، جایگاه های هتروزیگوت هیچ محدودیتی اعمال نمی کنند. تنها به اعمال محدودیت روی جایگاه های هموزیگوت (جایگاه هایی که $g \neq 2$) نیاز داریم و این محدودیت ها با تقسیم هاپلوتا پ عددی بر 2^p در (۲) و (۳) ساخته

می شود. با کنترل باقیمانده این تقسیم در (۴) و (۵) مقدار جایگاه هموزیگوت p ام برای هاپلوتایپ مشخص می شود. به طوری که اگر جایگاه p ام هموزیگوت از نوع غالب باشد باید باقیمانده کم تر از 0.5 باشد (قید ۴) و اگر هموزیگوت از نوع مغلوب باشد، باقیمانده بزرگ تر یا مساوی 0.5 باشد (قید ۵).
بنابراین مدل ارائه شده توسط روابط (۶) - (۱۴) هاپلوتایپ های عددی را محاسبه می کند که به راحتی می توان از آن ها هاپلوتایپ های معمولی را تولید کرد.

$$\text{Min} \quad \sum_{j=1}^{2n} x_j \quad (6)$$

$$\text{s.t.} \quad h_{t-1} + h_t = z_t \quad t = 1, \dots, n \quad (7)$$

$$h_{t-1} - 2^{m-s+1}(q_{t-1,s} + r_{t-1,s}) = 0 \quad t = 1, \dots, n \quad \forall s: g_t(s) \neq 2 \quad (8)$$

$$h_t - 2^{m-s+1}(q_{t,s} + r_{t,s}) = 0 \quad t = 1, \dots, n \quad \forall s: g_t(s) \neq 2 \quad (9)$$

$$r_{t-1,s}, r_{t,s} \leq 0.5 - \varepsilon \quad t = 1, \dots, n \quad \forall s: g_t(s) = 0 \quad (10)$$

$$0.5 \leq r_{t-1,s}, r_{t,s} \leq 1 - \varepsilon \quad t = 1, \dots, n \quad \forall s: g_t(s) = 1 \quad (11)$$

$$h_i - h_j \leq (2^m - 1)y_{ij} \quad i, j = 1, \dots, 2n; i \neq j \quad (12)$$

$$x_j \geq 2n - j + 1 - \sum_{i>j} (1 - y_{ij}) - \sum_{i>j} (1 - y_{ji}) \quad j = 1, \dots, 2n \quad (13)$$

$$h_j \leq 2^m - 1 \quad j = 1, \dots, 2n \quad (14)$$

$$x_j, h_j, q_{j,s}, r_{j,s} \geq 0 \quad j = 1, \dots, 2n \quad s = 1, \dots, m$$

$$h_j, q_{j,s} \in \mathbb{Z}, \quad r_{j,s} \in \mathbb{R} \quad j = 1, \dots, 2n \quad s = 1, \dots, m$$

$$x_j, y_{ij} \in \{0, 1\} \quad i, j = 1, \dots, 2n$$

که در آن فرض شده نمونه تحت بررسی حاوی n ژنوتایپ است و جایگاه s ام ژنوتایپ t م با $g_t(s)$ نمایش داده شده است. ژنوتایپ عددی z_t متناظر g_t فرض شده است. از آن جا که در بدترین حالت به $2n$ هاپلوتایپ برای تولید n ژنوتایپ نیازمندیم، $2n$ متغیر عدد صحیح متناظر هاپلوتایپ های عددی در نظر گرفته شده اند که مانند قبل از حرف h برای نمایش آن ها استفاده شده است و فرض شده h_{t-1} و h_t هاپلوتایپ های عددی مولد ژنوتایپ t م باشند. در مدل $2n$ متغیر دودویی x_j متناظر هاپلوتایپ ها وجود دارد که مقدار ۱ در آن ها بیانگر حضور h_j در جواب بهینه و مقدار ۰ برای آن نشان از عدم حضور h_j در مجموعه هاپلوتایپ های جواب دارد. متغیرهای $q_{j,s}$ و $r_{j,s}$ به ترتیب حاوی مقادیر صحیح و اعشاری حاصل از تقسیم هاپلوتایپ عددی h_j بر 2^{m-s+1} برای مشخص کردن مقدار جایگاه s ام در هاپلوتایپ معمولی h_j می باشند. قیود (۷) تا (۱۱) مشابه روابط (۱) تا (۵) تضمین می کنند که هاپلوتایپ های به دست آمده از حل مدل به درستی ژنوتایپ ها را تولید می کند. ε یک عدد بسیار کوچک است و تنها برای تبدیل قیود از نوع کوچک تری اکید به کوچک تر مساوی از مقدار سمت راست قیود (۱۰) و (۱۱) کم شده است. مقدار $1/2^m$ برای کوچکی ε کفایت می کند [۳۶].

تعریف متغیرهای $y_{i,j}$ به گونه ای است که اگر $h_i = h_j$ باشد بین $y_{i,j}$ و $y_{j,i}$ یکی مقدار ۱ و دیگری مقدار ۰ داشته باشد. این شرط توسط دسته قیود (۱۲) و ماهیت مینیم سازی تابع هدف برقرار است. M یک عدد بسیار بزرگ است و $2^m - 1$ برای بزرگی آن کفایت می کند [۳۶]. دلیل اضافه کردن M این است که $y_{i,j}$ ها در سمت راست دسته محدودیت های (۱۲) دودویی هستند در حالی که سمت چپ می تواند مقادیر بزرگ تر از ۱

داشته باشد. با توجه به مقادیر به دست آمده برای $y_{i,j}$ ها هر هاپلوتایپ h_j با هاپلوتایپ‌هایی که اندیس بالاتر از خودش دارند مقایسه می‌شود. چنانچه لااقل با یکی از آن‌ها برابر باشد x_j مقدار ۰ می‌گیرد و درغیراین صورت x_j مقدار ۱ خواهد داشت و بدین صورت مجموع $\sum_{j=1}^{2^n} x_j$ تعداد هاپلوتایپ‌های متمایز را شمارش می‌کند که با توجه به معیار پارسیمونی باید مینیمم باشد و این منجر به تعریف تابع هدف (۶) می‌شود. بزرگ‌ترین مقداری که یک هاپلوتایپ عددی می‌تواند اختیار کند، زمانی است که تمام جایگاه‌های هاپلوتایپ معمولی متناظرش هموزیگوت از نوع مغلوب باشد. دراین صورت مقدار هاپلوتایپ عددی $2^m - 1$ خواهد بود؛ لذا $2^m - 1$ یک کران بالا برای هاپلوتایپ‌های عددی است. این محدودیت بزرگی h_j که در دسته قیود (۱۴) آمده است، قابل حذف از مدل می‌باشد.

۳ مدل HI Base- 10 اصلاح شده

مدل HI Base- 10 هر هاپلوتایپ و ژنوتایپ را یک عدد در مبنای ۲ در نظر می‌گیرد. سپس این اعداد را به مبنای ۱۰ برده و مدل را بر اساس این اعداد بنا می‌کند. در نتیجه این تغییر، مدل نسبت به مدل‌های قبلی کاراتر می‌شود، چون هیچ متغیر و قیدی متناظر جایگاه‌های هتروزیگوت ندارد.

در این بخش برای بهبود مدل، با شیوه‌ای متفاوت به ژنوتایپ‌ها یک عدد متناظر می‌کنیم و مدل جدیدی روی این اعداد بنا می‌کنیم. برای درک بهتر، تناظر بین ژنوتایپ‌ها و اعداد را با یک مثال توضیح می‌دهیم. ژنوتایپ حسابی $g = 21201210$ و شکل ۲ را متناظر آن در نظر بگیرید. همان طور که در شکل ۲ مشاهده می‌شود، مانند قبل اندیس‌گذاری برای جایگاه‌ها از سمت راست به چپ صورت می‌گیرد.

ارزش هر جایگاه: $2^7 \quad 2^6 \quad 2^5 \quad 2^4 \quad 2^3 \quad 2^2 \quad 2^1 \quad 2^0$

ژنوتایپ g :

۲	۱	۲	۰	۱	۲	۱	۰
---	---	---	---	---	---	---	---

اندیس هر جایگاه: $8 \quad 7 \quad 6 \quad 5 \quad 4 \quad 3 \quad 2 \quad 1$

شکل ۲. ژنوتایپ تحت بررسی.

جایگاه‌ها برای هر ژنوتایپ حسابی از جمله ژنوتایپ g به سه دسته تقسیم می‌شوند:

۱- جایگاه‌های هموزیگوت از نوع غالب: این جایگاه‌ها مقدار ۰ دارند و اندیس این جایگاه‌ها را در

مجموعه $Homw = \{1, 5\}$ نگهداری می‌کنیم. برای ژنوتایپ تحت بررسی $Homw = \{1, 5\}$ است.

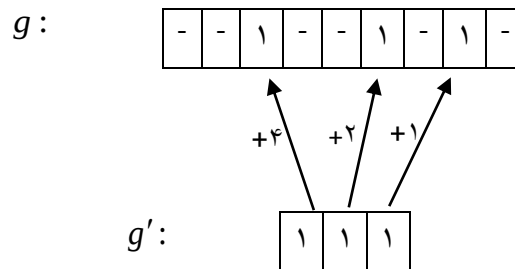
۲- جایگاه‌های هموزیگوت از نوع مغلوب: این جایگاه‌ها مقدار ۲ دارند و اندیس این جایگاه‌ها را در

مجموعه $Homm = \{3, 6, 8\}$ قرار می‌دهیم. برای ژنوتایپ تحت بررسی $Homm = \{3, 6, 8\}$ است.

۳- جایگاه‌های هتروزیگوت: این جایگاه‌ها مقدار ۱ دارند.

مقدار جایگاه‌های نوع اول و دوم در هاپلوتایپ‌های مولد g از قبل مشخص است. به‌طوری‌که اگر h_1 و h_2 هاپلوتایپ‌های مولد g باشند، باید در جایگاه‌های اول و پنجم مقدار ۰ و در جایگاه‌های سوم، ششم و هشتم

مقدار ۱ داشته باشند؛ لذا این جایگاه‌ها را می‌توانیم در بررسی در نظر نگیریم. با حذف جایگاه‌های هموزیگوت از g و پشت سر هم قراردادن جایگاه‌های هتروزیگوت ژنوتایپ $g' = 111$ به دست می‌آید که جایگاه‌های اول، دوم و سوم آن به ترتیب متناظر جایگاه‌های دوم، چهارم و هفتم g می‌باشند. این تناظر در شکل ۳ به تصویر کشیده شده است.



شکل ۳. بیان تصویری تناظر بین g و g' .

با اضافه کردن یک مقدار ثابت به اندیس هر جایگاه در g' ، اندیس جایگاه متناظر در g به دست می‌آید. این مقادیر را در آرایه c نگهداری می‌کنیم. که برای ژنوتایپ مود نظر $c = (1, 2, 4)$ است. ارزش عددی ژنوتایپ جدید g' (ژنوتایپ عددی متناظر g' که با در نظر گرفتن g' به صورت یک عدد در مبنای ۲ و تبدیل مبنای این عدد به ۱۰ حاصل می‌شود). برابر $2^p - 1 = 7$ است که p تعداد جایگاه‌های این ژنوتایپ و مساوی تعداد جایگاه‌های هتروزیگوت g است. بنابراین در بخش قبل بیان شد، هاپلوتایپ‌های عددی l_1 و l_p در صورتی می‌توانند مولد g' باشند که رابطه زیر برقرار باشد:

$$l_1 + l_p = 2^p - 1 \quad (15)$$

برای مثال هاپلوتایپ‌های عددی $l_1 = 4$ و $l_p = 3$ در رابطه (۱) صدق کرده و می‌توانند مولد g' باشند. هاپلوتایپ‌های معمولی متناظر آن‌ها به ترتیب برابر ۱۰۰ و ۰۱۱ می‌باشد. واضح است که این هاپلوتایپ‌ها، مولد g نمی‌باشند؛ زیرا تنها جایگاه‌های هتروزیگوت g را دارند. ولی می‌توان از روی آن‌ها و با توجه به بردار تناظر c هاپلوتایپ‌های h_1 و h_p مولد g را ساخت. به این منظور باید در هر کدام تعداد مناسبی ۰ و ۱ بین جایگاه‌هایشان اضافه شود. تعداد و نوع غالب یا مغلوب بودن جایگاه‌های اضافه شده توسط بردار تناظر c و مجموعه‌های $Homw$ و $Homm$ مشخص می‌شود. آن‌چه مد نظر ماست، محاسبه هاپلوتایپ‌های عددی h_1 و h_p متناظر با هاپلوتایپ‌های عددی l_1 و l_p است. به این منظور ارزش جایگاه‌های هر دسته از h_i ($i = 1, 2$) را به طور جداگانه محاسبه و سپس جمع می‌کنیم.

جایگاه‌های نوع اول، هموزیگوت غالب، که اندیس آن‌ها با $Homw$ مشخص شده است، هیچ سهمی در مقدار هاپلوتایپ‌های عددی h_i ($i = 1, 2$) ندارند و لذا هیچ نقشی در محاسبات ما ندارند.

هر جایگاه نوع دوم، هموزیگوت مغلوب، با اندیس j به مقدار 2^{j-1} در مقدار هاپلوتا پ عددی $h_i (i=1,2)$ نقش دارد؛ بنابراین این نوع جایگاهها در مجموع سهمی برابر $\sum_{j \in Homm} 2^{j-1}$ دارند. این مقدار برای مثال تحت بررسی ما برابر $2^2 + 2^5 + 2^7$ است.

برای به دست آوردن ارزش متناظر جایگاههای نوع سوم؛ یعنی هتروزیگوت، ابتدا باید هاپلوتا پهای معمولی $l_i (i=1,2)$ را با تبدیل مبنای مقدار آن از ۱۰ به ۲ به دست آورد. این کار را می توان توسط قید زیر انجام داد.

$$l_i = b_{i,1}2^0 + b_{i,2}2^1 + b_{i,3}2^2 + \dots + b_{i,p}2^{p-1} \quad i=1,2 \quad (16)$$

که $b_{i,j}$ ها متغیرهای دودویی بوده و مقدار جایگاه j ام را در هاپلوتا پ معمولی $l_i (i=1,2)$ نمایش می دهند. ارزش این جایگاه برای هاپلوتا پ $l_i (i=1,2)$ مولد g' برابر 2^{j-1} است؛ ولی ارزش این جایگاه در هاپلوتا پ $h_i (i=1,2)$ مولد g ، با توجه به بردار تناظر c برابر 2^{j+c_j-1} است. در نتیجه سهم کل جایگاههای از این نوع در $h_i (i=1,2)$ برابر $\sum_{j=1}^p b_{i,j} 2^{j+c_j-1}$ است.

لذا مقدار هاپلوتا پهای عددی $h_i (i=1,2)$ از رابطه زیر به دست می آید:

$$h_i = \sum_{j \in Homm} 2^{j-1} + \sum_{j=1}^p 2^{j+c_j-1} b_{i,j} \quad i=1,2 \quad (17)$$

بنابراین قضیه زیر اثبات شد.

قضیه ۲. اگر g' ژنوتا پ حاصل از حذف جایگاههای هموزیگوت g با بردار تناظر c باشد و p تعداد جایگاههای هتروزیگوت g باشد. و چنانچه $h_i, l_i, b_{i,j} (i=1,2 \quad j=1, \dots, p)$ ، در روابط (۱۵) - (۱۷) صدق کنند، آن گاه h_i و h_j هاپلوتا پهای عددی مولد g خواهند بود.

با توجه به قضیه فوق مدل طراحی شده براساس روابط (۱۸) - (۲۳) را برای مساله PPH ارایه می کنیم.

$$\text{Min} \quad \sum_{j=1}^{2n} x_j \quad (18)$$

$$\text{s.t.} \quad l_{2t-1} + l_{2t} = 2^{p_t} - 1 \quad t=1,2,\dots,n \quad (19)$$

$$l_i = \sum_{j=1}^{p_t} b_{i,j} 2^{j-1} \quad t=1,2,\dots,n \quad i=2t-1, 2t \quad (20)$$

$$h_i = \sum_{j \in Homm_i} 2^{j-1} + \sum_{j=1}^{p_t} 2^{j+c_{t,j}-1} b_{i,j} \quad t=1,2,\dots,n \quad i=2t-1, 2t \quad (21)$$

$$h_i - h_j \leq My_{ij} \quad i, j=1,2,\dots,2n \quad (22)$$

$$x_j \geq 2n - j + 1 - \sum_{i>j} (1 - y_{ij}) + \sum_{i>j} (1 - y_{ji}) \quad j=1,2,\dots,2n \quad (23)$$

$$l_i, h_i \in \mathbb{Z} \quad i=1,2,\dots,2n$$

$$y_{ij}, x_i \in \{0,1\} \quad i, j=1,2,\dots,2n$$

$$b_{i,j} \in \{0,1\} \quad i=1,2,\dots,2n \quad j=1,2,\dots,p_t \quad t=1,2,\dots,n$$

که در آن n تعداد ژنوتایپ‌ها و p_t تعداد جایگاه‌های هتروزیگوت ژنوتایپ t ام می‌باشد. تعداد $2n$ هاپلوتایپ در نظر گرفته شده است و فرض شده است که هاپلوتایپ‌های l_{t-1} و l_t مولد ژنوتایپ g'_t از حذف جایگاه‌های هموزیگوت g_t و پشت سرهم قراردادن جایگاه‌های هتروزیگوت آن به دست آید و متناظر آن‌ها، h_{t-1} و h_t هاپلوتایپ‌های مولد ژنوتایپ g_t باشند. متغیر دودویی $b_{i,j}$ مقدار j امین جایگاه هاپلوتایپ l_i تعریف شده است. C ماتریس تناظر بین مجموعه ژنوتایپ‌های g و g' است. قیود (۱۹) - (۲۱) چنانچه در بالا نشان داده شد، تضمین می‌کنند که تمام ژنوتایپ‌ها توسط هاپلوتایپ‌ها تولید شوند.

M کران هاپلوتایپ‌های عددی h_i است و همان‌طور که در [۳۶] نشان داده شده است، مقدار $1 - 3^m$ برای بزرگی آن کفایت می‌کند. متغیرهای باینری y_{ij} به گونه‌ای هستند که اگر h_i با h_j مساوی باشد آن گاه y_{ji} و y_{ij} هر دو مقدار ۰ و در صورت عدم تساوی h_i و h_j یکی از y_{ji} و y_{ij} مقدار ۰ و دیگری مقدار ۱ داشته باشد. این محدودیت توسط مجموعه قیود (۲۲) و ماهیت مینیم‌سازی مساله تضمین می‌شود. با استفاده از $y_{i,j}$ ها هر h_j با هاپلوتایپ‌های با اندیس بالاتر از خودش در مجموعه قیود (۲۳) مقایسه می‌شود. چنانچه لاقبل با یکی از آن‌ها برابر باشد x_j مقدار ۰ و در غیر این صورت مقدار ۱ را اختیار می‌کند. در نهایت تعداد هاپلوتایپ‌های متمایز توسط تابع هدف شمارش شده و بر اساس معیار پارسیمونی مینیم مقدار ممکن آن‌ها بازگردانده می‌شود.

l_j ها هاپلوتایپ‌های عددی مولد g باید مقادیر عدد صحیح اختیار کنند؛ اما عدد صحیح بودن آن‌ها با توجه به دسته قیود (۲۰) برقرار است و نیازی به اعمال محدودیت در تعریف نوع این متغیرهای تصمیم وجود ندارد. همین مطلب در مورد h_j ها به دلیل وجود دسته قیود (۲۱) و x_j ها به دلیل دسته قیود (۲۳) و نوع مینیم‌سازی تابع هدف برقرار است؛ بنابراین می‌توانیم این متغیرها را پیوسته تعریف کنیم.

تاکید می‌شود که در مدل جدید جایگاه‌های هاپلوتایپ‌ها و ژنوتایپ‌ها از راست به چپ اندیس‌گذاری شده‌اند. در صورت اندیس‌گذاری از چپ به راست توآن‌های متفاوتی از ۲ در مدل ظاهر خواهند شد.

با فرض اینکه تعداد ژنوتایپ‌ها n است، مدل جدید دو متغیر دودویی $b_{i,j}$ متناظر هر جایگاه هتروزیگوت و تعداد $2n$ متغیر دودویی $y_{i,j}$ دارد. متغیرهای پیوسته متناظر هر ژنوتایپ عبارت از دو l_j ، دو h_j و دو x_j است که در کل تعداد $6n$ متغیر پیوسته مدل را تشکیل می‌دهند. مهم‌تر اینکه مدل جدید هیچ متغیر عدد صحیحی ندارد، که موجب شده مدل جدید در مقایسه با HI Base-10 سریع‌تر اجرا شود. جدول ۳ به مقایسه تعداد متغیرها و محدودیت‌ها بین HI Base-10 و مدل جدید می‌پردازد که در آن f تعداد جایگاه‌های هموزیگوت است.

HI Base-10 متناظر هر جایگاه هموزیگوت تعدادی متغیر عدد صحیح و پیوسته دارد. در حالی که مدل جدید هیچ متغیری متناظر جایگاه‌های هموزیگوت ندارد و به جای آن فقط دو متغیر دودویی متناظر هر جایگاه هتروزیگوت دارد؛ بنابراین در نمونه‌هایی که تعداد جایگاه‌های هتروزیگوت آن‌ها در مقابل جایگاه‌های هموزیگوت زیاد است، مناسب می‌باشد. این وضعیت تقریباً در تمام نمونه‌های واقعی رخ می‌دهد.

جدول ۳. مقایسه تعداد متغیرها و محدودیت ها بین HI Base-10 و HI Base-10 اصلاح شده

HI Base-10	HI Base-10 اصلاح شده
متغیر باینری	$4n^2 - 2n$
متغیر عدد صحیح	$2n + 2f$
متغیر پیوسته	$2n + 2f$
محدودیت	$4n^2 + 7n \leq 4n^2 + 6f + 3n$

۴ نتایج محاسباتی

در این بخش عملکرد مدل جدید ارزیابی می شود. بدین منظور زمان اجرای HI Base-10 و HI Base-10 اصلاح شده را بر روی تعداد زیادی نمونه شبیه سازی شده مقایسه می کنیم.

برای پیاده سازی مدل های HI Base-10 و اصلاح شده آن از نرم افزار GAMS ورژن 24.1.2 و برای تولید نمونه های شبیه سازی شده از متلب ورژن 7.14.0.739 استفاده کردیم. هر دو مدل بر روی سیستمی با پردازنده Core i5-2430M، 2.40 GHz و با حافظه RAM 2.69 GByte اجرا شدند.

برای تولید نمونه ها ابتدا تعدادی بردار تصادفی دودویی تولید کردیم که هر کدام m مولفه دارد و متناظر هاپلوتا پها با m اسنپ است. سپس یکی از هاپلوتا پها را به طور تصادفی انتخاب کرده در k جایگاه تصادفی آن جهش می دهیم. از تلفیق دو هاپلوتا پها یک ژنوتا پها می سازیم. این عمل را n بار تکرار می کنیم.

ما سه گروه هر کدام شامل ۴۰ نمونه تولید کردیم. در هر نمونه گروه اول، ۱۴ ژنوتا پها از تلفیق ۸ هاپلوتا پها تولید شده است که هر کدام ۱۵ اسنپ دارند. برای گروه دوم تعداد ژنوتا پها، هاپلوتا پها و اسنپ ها به ترتیب برابر ۱۶، ۱۰ و ۱۸ می باشند و این مقادیر برای گروه سوم به ترتیب برابر ۱۹، ۱۲ و ۲۰ است.

از آنجا که نسبت جایگاه های هتروزیگوت به هموزیگوت و بیشترین تعداد جایگاه هموزیگوتی که یک ژنوتا پها در یک نمونه دارد بر روی تعداد متغیرها و کران آن ها در مدل ها تاثیر می گذارند، احتمالاً بر روی زمان اجرا نیز اثرگذار هستند؛ لذا ما هر گروه را بر حسب بیشترین تعداد جایگاه هتروزیگوت مشاهده شده در ژنوتا پها های یک نمونه به ۴ دسته ۱۰ تایی تقسیم کردیم.

جداول ۴، ۵ و ۶ نتایج حاصل از اجرای دو مدل به ترتیب روی گروه های اول، دوم و سوم را نمایش می دهند. در ستون اول بیشترین تعداد جایگاه هتروزیگوت مشاهده شده در نمونه درج شده است. ستون دوم اندیس نمونه تحت بررسی و ستون پنجم درصد جایگاه های هتروزیگوت تمام ژنوتا پها های یک نمونه به کل جایگاه های آن نمونه را دربردارند. ستون های سوم و چهارم به ترتیب زمان دستیابی به مقدار بهینه توسط دو مدل HI Base-10 و HI Base-10 اصلاح شده در نرم افزار GAMS را بر حسب ثانیه نشان می دهند. همان طور که انتظار می -

رود با افزایش جایگاه‌های هتروزیگوت فضای جواب بزرگ‌تر شده و لذا زمان دستیابی به جواب طولانی‌تر می‌شود؛ اما از آن جا که متغیرهای مدل HI Base-10 متناظر جایگاه‌های هموزیگوت و متغیرهای مدل HI Base-10 اصلاح‌شده متناظر جایگاه‌های هتروزیگوت هستند، در نمونه‌های ابتدای جدول با درصد هتروزیگوت کم‌تر مدل HI Base-10 اصلاح‌شده سریع‌تر از مدل HI Base-10 اجرا شده است؛ اما با افزایش درصد جایگاه‌های هتروزیگوت در انتهای جدول این برتری تغییر کرده است. به طوری که در دسته اول جدول ۴ (حاوی نمونه‌هایی با حداکثر ۵ جایگاه هتروزیگوت در ژنوتایپ‌ها) HI Base-10 اصلاح‌شده در ۸۰ درصد نمونه‌ها سریع‌تر از HI Base-10 به جواب بهینه رسیده است در حالی که با افزایش درصد جایگاه‌های هتروزیگوت در دسته‌های دیگر این روند به تدریج تغییر می‌کند تا جایی که در دسته آخر جدول ۴ (حاوی نمونه‌هایی با حداکثر ۸ جایگاه هتروزیگوت در ژنوتایپ‌ها) HI Base-10 در نیمی از نمونه‌ها سریع‌تر به جواب بهینه دست یافته است. روند نسبتاً مشابهی در جداول ۵ و ۶ دیده می‌شود.

جدول ۴. مقایسه عملکرد بین HI Base-10 و HI Base-10 اصلاح‌شده روی نمونه‌هایی با ۱۴ ژنوتایپ، ۸ هاپلوتایپ و ۱۵ استیپ.

Max Hetero	Ins	HI Base 10 Time	Revised HI Base 10 Time	Hetero percent	Max Hetero	Ins	HI Base10 Time	Revised HI Base10 Time	Hetero percent
۵	۱	۴/۰۹	۰/۶۱	۲۳	۷	۱	۸/۴۴	۱۴/۴۱	۳۶
	۲	۴/۸۱	۰/۸۶	۲۳		۲	۲۳/۴۵	۷/۷۴	۳۵
	۳	۳۴/۳۴	۲/۷۷	۲۵		۳	۳/۰۵	۴۷/۶۶	۳۸
	۴	۳/۶۴	۶/۰۰	۲۵		۴	۸۸/۶۴	۲۷/۵۲	۳۸
	۵	۴/۵۳	۵/۷۵	۲۵		۵	۳/۸۶	۱۲/۸۹	۳۷
	۶	۶/۰۲	۲/۴۲	۲۵		۶	۳/۸۴	۷/۵۶	۳۷
	۷	۳۰/۳۳	۰/۳۶	۲۵		۷	۸۶/۵۸	۱۶/۷۰	۳۶
	۸	۱۱/۱۱	۲/۳۶	۲۲		۸	۴۵/۸۴	۱۱/۶۶	۳۶
	۹	۹/۱۷	۰/۸۴	۲۳		۹	۴۸۶/۷۰	۲۱/۸۹	۳۶
	۱۰	۲/۴۵	۲/۴۲	۲۴		۱۰	۵/۰۹	۶/۲۰	۳۶
۶	۱	۲۸/۱۱	۵/۴۱	۳۵	۸	۱	۵/۰۳	۸/۵۲	۴۱
	۲	۷/۰۵	۱۸/۱۹	۳۶		۲	۴۴/۰۵	۵۱/۸۳	۴۰
	۳	۱/۶۶	۳/۷۸	۳۴		۳	۴/۲۵	۴۰/۶۴	۴۱
	۴	۵/۷۷	۴/۴۷	۳۴		۴	۵۹/۴۵	۰/۷۵	۴۱
	۵	۱۸/۸۸	۲۴/۵۸	۳۵		۵	۴/۳۹	۳/۶۹	۴۱
	۶	۲۳/۳۴	۰/۴۱	۳۱		۶	۳۱/۰۶	۱۹/۷۲	۴۳
	۷	۱۰۶/۱۱	۲۷/۸۹	۳۲		۷	۹۰/۶۹	۱۴/۷۸	۴۰
	۸	۱۱۸/۶۶	۵/۷۲	۳۳		۸	۲/۵۹	۳۶/۴۴	۴۳
	۹	۳/۳۱	۱۲/۶۱	۳۶		۹	۳/۰۵	۳۸/۹۵	۴۵
	۱۰	۴۰/۱۶	۵/۱۹	۳۳		۱۰	۸۰/۴۷	۶۵/۲۸	۴۳

جدول ۵. مقایسه عملکرد بین HI Base-10 و HI Base-10 اصلاح شده روی نمونه‌هایی با ۱۶ ژنوتا پ، ۱۰ هاپلوتا پ و ۱۸ استیپ

Hetero	Ins	HI Base 10 Time	Revised HI Base 10 Time	Hetero percent	Max Hetero	Ins	HI Base 10 Time	Revised HI Base 10 Time	Hetero percent
۵	۱	۳۵۰/۳۰	۵۱/۳۴	۲۰	۷	۱	۱۴/۳۳	۱۶۸/۳۸	۳۲
	۲	۶/۶۱	۲۲/۷۸	۲۰		۲	۱۰۷/۲۸	۳/۹۸	۳۱
	۳	۸/۲۳	۲/۵۶	۲۰		۳	۹۸/۹۲	۱/۳۴	۳۱
	۴	۱۰/۰۵	۷/۰۸	۱۹		۴	۱۱۳۳/۷۵	۱۵/۳۳	۲۸
	۵	۷/۳۳	۶/۸۶	۲۰		۵	۸۵/۰۵	۱۲۷/۷۲	۲۸
	۶	۳۳۶/۲۰	۲۹/۳۳	۲۱		۶	۳/۵۶	۹/۵۰	۳۱
	۷	۹/۶۶	۳/۸۹	۲۰		۷	۵۶/۶۱	۳۵/۲۳	۲۹
	۸	۱۲۴/۸۱	۴۶/۶۱	۱۹		۸	۷۱۹/۶۴	۵۲/۰۹	۳۲
	۹	۸۸/۲۷	۲/۳۱	۱۹		۹	۸/۱۴	۴/۰۶	۳۰
	۱۰	۷/۵۵	۱۴/۹۲	۱۹		۱۰	—	۱۳۶/۳۱	۳۱
۶	۱	۵۴/۲۷	۸۶/۰۸	۲۶	۸	۱	۱۰۷/۸۳	۳۹/۹۵	۳۵
	۲	۳/۷۷	۴/۵۶	۲۶		۲	۱۱۰/۰۰	۱۴۶/۱۷	۳۶
	۳	۴۷/۰۰	۳۶/۰۵	۲۶		۳	۲/۲۵	۱۶/۳۱	۳۵
	۴	۱۰۹۸/۲۰	۴۴/۴۲	۲۶		۴	۴۸۲/۷۳	۷۱۹/۵۸	۳۷
	۵	۵۶/۱۷	۷/۱۳	۲۶		۵	۶/۵۱	۱۴/۹۲	۳۶
	۶	۱۰/۰۸	۵۰/۰۳	۲۶		۶	۸/۹۴	۵۳/۹۲	۳۳
	۷	۱۱۹۸/۱۹	۹۹/۰۳	۲۷		۷	۳/۶۳	۲۲۸/۶۱	۳۷
	۸	۴/۹۸	۱۸/۱۹	۲۵		۸	۵۰/۷۰	۱۰۰/۱۶	۳۸
	۹	—	۶۳/۱۷	۲۶		۹	۱۰۹/۰۰	۹۴/۴۲	۳۶
	۱۰	۵/۰۲	۲/۶۱	۲۶		۱۰	۸/۳۸	۱۱۱/۱۷	۳۷

جدول ۶. مقایسه عملکرد بین HI Base-10 و HI Base-10 اصلاح شده روی نمونه‌هایی با ۱۹ ژنوتایپ، ۱۲ هاپلوتایپ و ۲۰ استیپ.

Max Hetero	Ins	HI Base 10 Time	Revised HI Base 10 Time	Hetero percent	Max Hetero	Ins	HI Base 10 Time	Revised HI Base 10 Time	Hetero percent
۶	۱	۱۱۱۸/۲۳	۸۶۷/۳۰	۲۴	۸	۱	۱۱۵۵/۹۸	۱۰۹۵/۴۴	۳۳
	۲	۱۹۵/۵۸	۸۵/۸۹	۲۳		۲	۱۱۴۵/۸۱	۲۲۶/۱۶	۳۲
	۳	۳۴۱/۷۳	۱۱۴۸/۵۸	۲۴		۳	۱۱۸۹/۶۱	۲۹/۴۱	۳۴
	۴	۸۲۰/۸۳	۴۵/۰۵	۲۳		۴	۳۷۲/۳۸	۴۹۶/۶۷	۳۳
	۵	۷/۷۴	۸۷/۸۳	۲۲		۵	۲۵۵/۰۸	۲۹۹/۷۲	۳۲
	۶	۵۳۹/۸۸	۸۰/۲۲	۲۲		۶	۱۱۵/۸۶	۱۱۷/۵۳	۳۴
	۷	۴۰۵/۵۹	۱۲۱/۲۷	۲۳		۷	۶۹۸/۲۷	۱۳۵/۲۳	۳۲
	۸	۲۱۵/۴۷	۲۰۲/۰۸	۲۴		۸	-	۸۷/۸۶	۳۴
	۹	-	۱۸۰/۹۵	۲۳		۹	۱۶۵/۳۳	۱۴/۱۱	۳۴
	۱۰	۲۰/۳۸	۸/۴۲	۲۴		۱۰	۳۷۷/۵۲	۲۰۲/۶۳	۳۴
۷	۱	۳/۲۳	۱۲۴/۱۱	۲۸	۹	۱	۱۰۰۸/۷۰	۷۱۹/۴۴	۳۸
	۲	۲۴۲/۳۸	۱۷۴/۷۷	۲۸		۲	-	۱۱۹۸/۳۳	۳۸
	۳	۲۵۷/۸۴	۱۰۸۶/۷۰	۲۷		۳	۴۴۵/۱۳	۴۹۴/۲۵	۳۷
	۴	۱۱۷۷/۳۸	۱۱۹۱/۴۷	۲۸		۴	۱۰۶۵/۸۱	۴۷۹/۸۳	۳۷
	۵	۱۰۸۹/۸۶	۲۶۱/۴۲	۲۷		۵	-	۱۱۰۷/۵۶	۳۴
	۶	۳۹۰/۷۵	۱۴/۶۴	۲۷		۶	-	۲۸۸/۱۴	۳۶
	۷	۱۶۲/۲۷	۴۴/۸۶	۲۸		۷	۸۰/۱۱	۲۴۷/۷۶	۳۷
	۸	۶۴۳/۳۱	۱۱۱۵/۲۳	۲۸		۸	۵۷/۴۵	۸۶۸/۶۶	۳۷
	۹	۶۰۴/۴۵	۵۹/۶۷	۲۷		۹	۳۰۳/۹۱	۱۰۸/۷۰	۳۶
	۱۰	-	۸۸/۸۶	۲۸		۱۰	۱۱۵۶/۹۵	-	۳۷

از بین ۱۲۰ نمونه ارزیابی شده HI Base-10 در ۴۵ نمونه و HI Base-10 اصلاح شده در ۷۵ نمونه سریع تر از دیگری به جواب بهینه رسیده‌اند.

۵ نتیجه گیری

مساله *PPH* به دلیل کاربرد فراوانش در تشخیص و درمان بسیاری از بیماری‌ها از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. روش‌های دقیقی که به حل این مساله می‌پردازند، اغلب مساله را به صورت یک مدل برنامه‌ریزی عدد صحیح فرمول‌بندی می‌کنند که حل آن‌ها برای نمونه‌های بزرگ با دشواری‌هایی مواجه است. ما اخیراً در مقاله-ای با تخصیص مقادیر عددی به هاپلوتایپ‌ها و ژنوتایپ‌ها یک مدل عدد صحیح آمیخته به نام HI Base-10 برای *PPH* ارائه کردیم که هیچ متغیر و قیدی متناظر جایگاه‌های هتروزیگوت ندارد. در این مقاله با تخصیص مقادیر عددی به ژنوتایپ‌ها با شیوه‌ای متفاوت مدل دودویی آمیخته جدیدی ارائه کردیم که برخلاف مدل قبلی هیچ متغیر و قیدی متناظر جایگاه‌های هموزیگوت ندارد. به طور کلی در نمونه‌هایی که درصد جایگاه‌های هتروزیگوت پایین است، مدل HI Base-10 اصلاح شده و در سایر نمونه‌ها مدل HI Base-10 سریع تر به

مقدار بهینه می‌رسد؛ بنابراین می‌توان قبل از حل *PPH* روی یک نمونه، ابتدا درصد جایگاه‌های هتروزیگوت آن‌را مورد ارزیابی قرار داده و براساس آن مدل مناسب را به کار برد.

منابع

- [1] Cargill, M., et al. (1999). "Characterization of single-nucleotide polymorphisms in coding regions of human genes." *Nature genetics* **22**(3): 231-238.
- [2] Li, W.-H. and L. A. Sadler (1991). "Low nucleotide diversity in man." *Genetics* **129**(2): 513-523.
- [3] Wang, D. G., et al. (1998). "Large-scale identification, mapping, and genotyping of single-nucleotide polymorphisms in the human genome." *Science* **280**(5366): 1077-1082.
- [4] Halushka, M. K., et al. (1999). "Patterns of single-nucleotide polymorphisms in candidate genes for blood-pressure homeostasis." *Nature genetics* **22**(3): 239-247.
- [5] Zhang, X.-S., et al. (2006). "Models and algorithms for haplotyping problem." *Current Bioinformatics* **1**(1): 105-114.
- [6] Catanzaro, D. and M. Labbé (2009). "The pure parsimony haplotyping problem: Overview and computational advances." *International Transactions in Operational Research* **16**(5): 561-584.
- [7] Bell, G. I., et al. (1984). "A polymorphic locus near the human insulin gene is associated with insulin-dependent diabetes mellitus." *Diabetes* **33**(2): 176-183.
- [8] Dorman, J. S., et al. (1990). "Worldwide differences in the incidence of type I diabetes are associated with amino acid variation at position 57 of the HLA-DQ beta chain." *Proceedings of the National Academy of Sciences* **87**(19): 7370-7374.
- [9] Nisticò, L., et al. (1996). "The CTLA-4 gene region of chromosome 2q33 is linked to, and associated with, type 1 diabetes." *Human molecular genetics* **5**(7): 1075-1080.
- [10] Deeb, S. S., et al. (1998). "A Pro12Ala substitution in PPAR γ 2 associated with decreased receptor activity, lower body mass index and improved insulin sensitivity." *Nature genetics* **20**(3): 284-287.
- [11] Altshuler, D., et al. (2000). "The common PPAR γ Pro12Ala polymorphism is associated with decreased risk of type 2 diabetes." *Nature genetics* **26**(1): 76-80.
- [12] Strittmatter, W. J. and A. D. Roses (1996). "Apolipoprotein E and Alzheimer's disease." *Annual review of neuroscience* **19**(1): 53-77.
- [13] Chapuis, J., et al. (2009). "Transcriptomic and genetic studies identify IL-33 as a candidate gene for Alzheimer's disease." *Molecular psychiatry* **14**(11): 1004-1016.
- [14] Gretarsdottir, S., et al. (2003). "The gene encoding phosphodiesterase 4D confers risk of ischemic stroke." *Nature genetics* **35**(2): 131-138.
- [15] Van Eerdekewegh, P., et al. (2002). "Association of the ADAM33 gene with asthma and bronchial hyperresponsiveness." *Nature* **418**(6896): 426-430.
- [16] Trégouët, D.-A., et al. (2009). "Genome-wide haplotype association study identifies the SLC22A3-LPAL2-LPA gene cluster as a risk locus for coronary artery disease." *Nature genetics* **41**(3): 283-285.
- [17] Lancia, G., et al. (2004). "Haplotyping populations by pure parsimony: Complexity of exact and approximation algorithms." *INFORMS Journal on computing* **16**(4): 348-359.
- [18] Gusfield, D. (2003). *Haplotype inference by pure parsimony*. Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching, Springer.
- [19] Wang, L. and Y. Xu (2003). "Haplotype inference by maximum parsimony." *Bioinformatics* **19**(14): 1773-1780.
- [20] Godi, A., et al. (2004). *Haplotype inference by parsimony for large datasets*, Technical Report 616, IASI, Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica-CNR, Rome.
- [21] Huang, Y.-T., et al. (2005). "An approximation algorithm for haplotype inference by maximum parsimony." *Journal of computational biology* **12**(10): 1261-1274.
- [22] Kalpakis, K. and P. Namjoshi (2005). *Haplotype phasing using semidefinite programming*. Bioinformatics and Bioengineering, 2005. BIBO 2005. Fifth IEEE Symposium on, IEEE.
- [23] Li, Z., et al. (2005). "A parsimonious tree-grow method for haplotype inference." *Bioinformatics* **21**(17): 3475-3481.
- [24] Wang, R.-S., et al. (2005). *Haplotype inference by pure parsimony via genetic algorithm*. Operations Research and Its Applications: the Fifth International Symposium (ISORA'05), Tibet, China, August.

- [25] Lancia, G. and R. Rizzi (2006). "A polynomial case of the parsimony haplotyping problem." *Operations Research Letters* **34**(3): 289-295.
- [26] Di Gaspero, L. and A. Roli (2008). "Stochastic local search for large-scale instances of the haplotype inference problem by pure parsimony." *Journal of Algorithms* **63**(1-3): 55-69.
- [27] Do, D. D., et al. (2013). "ACOHAP: an efficient ant colony optimization for the haplotype inference by pure parsimony problem." *Swarm Intelligence* **7**(1): 63-77.
- [28] Wei, B. and J. Zhao (2014). "Haplotype inference using a novel binary particle swarm optimization algorithm." *Applied Soft Computing* **21**: 415-422.
- [29] Lancia, G. and P. Serafini (2009). "A set-covering approach with column generation for parsimony haplotyping." *INFORMS Journal on computing* **21**(1): 151-166.
- [30] Halldórsson, B. V., et al. (2003). *Combinatorial problems arising in SNP and haplotype analysis. Discrete Mathematics and Theoretical Computer Science*, Springer: 26-47.
- [31] Brown, D. G. and I. M. Harrower (2006). "Integer programming approaches to haplotype inference by pure parsimony." *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics (TCBB)* **3**(2): 141-154.
- [32] Catanzaro, D., Godi, A., Labbe', M., 2007. A class representative model for pure parsimony haplotyping. *Technical Report, G.O.M. – Computer Science Department – Université Libre de Bruxelles (U.L.B.)*.
- [33] Bertolazzi, P., et al. (2008). "Solving haplotyping inference parsimony problem using a new basic polynomial formulation." *Computers & Mathematics with Applications* **55**(5): 900-911.
- [34] Dal Sasso, V., et al. (2016). A Column Generation Approach for Pure Parsimony Haplotyping. *OASICS-OpenAccess Series in Informatics, Schloss Dagstuhl-Leibniz-Zentrum fuer Informatik*.
- [35] Jäger, G., et al. (2016). "The complete parsimony haplotype inference problem and algorithms based on integer programming, branch-and-bound and Boolean satisfiability." *Journal of Discrete Algorithms* **37**: 68-83.
- [36] Feizabadi, R., et al. (2016). "A new mathematical modeling for pure parsimony haplotyping problem." *Mathematical Biosciences* **281**: 92-97.