Elementi di Bioinformatica

Gianluca Della Vedova

Univ. Milano–Bicocca
http://gianluca.dellavedova.org

22 ottobre 2017, revisione 030ec07

Gianluca Della Vedova

- Elementi di Bioinformatica

Gianluca Della Vedova

- Elementi di Bioinformatica
- Ufficio U14-2041

Gianluca Della Vedova

- Elementi di Bioinformatica
- Ufficio U14-2041
- https://gianluca.dellavedova.org

Gianluca Della Vedova

- Elementi di Bioinformatica
- Ufficio U14-2041
- https://gianluca.dellavedova.org
- https://elearning.unimib.it/course/view.php?id=15423

Gianluca Della Vedova

- Elementi di Bioinformatica
- Ufficio U14-2041
- https://gianluca.dellavedova.org
- https://elearning.unimib.it/course/view.php?id=15423
- gianluca.dellavedova@unimib.it

Gianluca Della Vedova

- Elementi di Bioinformatica
- Ufficio U14-2041
- https://gianluca.dellavedova.org
- https://elearning.unimib.it/course/view.php?id=15423
- gianluca.dellavedova@unimib.it
- https://github.com/bioinformatica-corso/programmi-elementi-bioinformatica

Gianluca Della Vedova

- Elementi di Bioinformatica
- Ufficio U14-2041
- https://gianluca.dellavedova.org
- https://elearning.unimib.it/course/view.php?id=15423
- gianluca.dellavedova@unimib.it
- https://github.com/bioinformatica-corso/programmi-elementi-bioinformatica
- https://github.com/bioinformatica-corso/lezioni

Notazione

- simbolo: $T[i]$

Notazione

- simbolo: $T[i]$
- stringa: $T[1]T[2]\cdots T[l]$

Notazione

- simbolo: $T[i]$
- stringa: $T[1]T[2]\cdots T[l]$
- sottostringa: $T[i:j]$

Notazione

- simbolo: $T[i]$
- stringa: $T[1]T[2]\cdots T[l]$
- sottostringa: $T[i:j]$
- prefisso: $T[:j] = T[1:j]$

Notazione

- simbolo: $T[i]$
- stringa: $T[1]T[2]\cdots T[l]$
- sottostringa: $T[i:j]$
- prefisso: $T[:j] = T[1:j]$
- suffisso: $T[i:] = T[i:|T|]$

Notazione

- simbolo: $T[i]$
- stringa: $T[1]T[2]\cdots T[l]$
- sottostringa: $T[i:j]$
- prefisso: $T[:j] = T[1:j]$
- suffisso: $T[i:] = T[i:|T|]$
- concatenazione: $T_1 \cdot T_2 = T_1 T_2$

Pattern Matching

Problema

Input: testo $T = T[1] \cdots T[n]$, pattern $P = P[1] \cdots P[m]$, alfabeto Σ

Goal: trovare *tutte* le occorrenze di P in T

Goal: trovare tutti gli i tale che $T[i] \cdots T[i+m-1] = P$

Pattern Matching

Problema

Input: testo $T = T[1] \cdots T[n]$, pattern $P = P[1] \cdots P[m]$, alfabeto Σ

Goal: trovare *tutte* le occorrenze di P in T

Goal: trovare tutti gli i tale che $T[i] \cdots T[i+m-1] = P$

Algoritmo banale

Tempo: $O(nm)$

Pattern Matching

Problema

Input: testo $T = T[1] \cdots T[n]$, pattern $P = P[1] \cdots P[m]$, alfabeto Σ

Goal: trovare *tutte* le occorrenze di P in T

Goal: trovare tutti gli i tale che $T[i] \cdots T[i+m-1] = P$

Algoritmo banale

Tempo: $O(nm)$

Lower bound

Tempo: $O(n+m)$

Bit-parallel

Algoritmi seminumerici

Bit-parallel

Algoritmi seminumerici

- 25

Bit-parallel

Algoritmi seminumerici

- 25
- $25 = 00011001$

Bit-parallel

Algoritmi seminumerici

- 25
- $25 = 00011001$
- $25 = 00011001$ =FFFTTFFT

Bit-parallel

Algoritmi seminumerici

- 25
- $25 = 00011001$
- $25 = 00011001$ =FFFTTFFT

Operazioni bit-level

Or: $x \vee y$, And: $x \wedge y$, Xor: $x \oplus y$
Left Shift: $x << k$, Right Shift: $x >> k$,

Bit-parallel

Algoritmi seminumerici

- 25
- $25 = 00011001$
- $25 = 00011001$ =FFFTTFFT

Operazioni bit-level

Or: $x \vee y$, And: $x \wedge y$, Xor: $x \oplus y$
Left Shift: $x << k$, Right Shift: $x >> k$,

- Tutte bitwise

Bit-parallel

Algoritmi seminumerici

- 25
- $25 = 00011001$
- $25 = 00011001$ =FFFTTFFT

Operazioni bit-level

Or: $x \vee y$, And: $x \wedge y$, Xor: $x \oplus y$
Left Shift: $x << k$, Right Shift: $x >> k$,

- Tutte bitwise
- Tutte in hardware

Dömölki / Baeza-Yates, Gonnet

Matrice M

$M(i,j) = 1$ sse $P[:i] = T[j-i+1:j]$
$0 \leq i \leq m$, $0 \leq j \leq n$

Dömölki / Baeza-Yates, Gonnet

Matrice M

$M(i,j) = 1$ sse $P[:i] = T[j-i+1:j]$
$0 \leq i \leq m$, $0 \leq j \leq n$

Occorrenza di P in T

$M(m,\cdot) = 1$

Dömölki / Baeza-Yates, Gonnet

Matrice M

$M(i,j) = 1$ sse $P[:i] = T[j-i+1:j]$
$0 \leq i \leq m$, $0 \leq j \leq n$

Occorrenza di P in T

$M(m,\cdot) = 1$

- $M(0,\cdot) = 1$, $M(\cdot,0) = 0$

Dömölki / Baeza-Yates, Gonnet

Matrice M

$M(i,j) = 1$ sse $P[:i] = T[j-i+1:j]$
$0 \leq i \leq m$, $0 \leq j \leq n$

Occorrenza di P in T

$M(m,\cdot) = 1$

- $M(0,\cdot) = 1$, $M(\cdot,0) = 0$
- $M(i,j) = 1$ sse $M(i-1,j-1) = 1$ AND $P[i] = T[j]$

Esempio

Esempio

T=abracadabra
P=abr

10010101001
01000000100
00100000010 ← occorrenze

Esempio

Esempio

T=abracadabra

P=abr

10010101001
01000000100
00100000010 ← occorrenze

Matrice M

1 colonna = 1 numero

Colonne

$U[\sigma]$ = array di bit dove $U[\sigma, i] = 1$ sse $P[i] = \sigma$

$C[j]$ da $C[j-1]$

Colonne

$U[\sigma]$ = array di bit dove $U[\sigma, i] = 1$ sse $P[i] = \sigma$

$C[j]$ da $C[j-1]$

- Right shift di $C[j-1]$

Colonne

$U[\sigma]$ = array di bit dove $U[\sigma, i] = 1$ sse $P[i] = \sigma$

$C[j]$ da $C[j-1]$

- Right shift di $C[j-1]$
- 1 in prima posizione

Colonne

$U[\sigma]$ = array di bit dove $U[\sigma, i] = 1$ sse $P[i] = \sigma$

$C[j]$ da $C[j-1]$

- Right shift di $C[j-1]$
- 1 in prima posizione
- AND con $U[T[j]]$

Colonne

$U[\sigma]$ = array di bit dove $U[\sigma, i] = 1$ sse $P[i] = \sigma$

$C[j]$ da $C[j-1]$

- Right shift di $C[j-1]$
- 1 in prima posizione
- AND con $U[T[j]]$
- ω: word size

Colonne

$U[\sigma]$ = array di bit dove $U[\sigma, i] = 1$ sse $P[i] = \sigma$

$C[j]$ da $C[j-1]$

- Right shift di $C[j-1]$
- 1 in prima posizione
- AND con $U[T[j]]$
- ω: word size
- $C[j] = ((C[j-1] >> 1) \mid (1 << (\omega - 1))) \ \& \ U[T[j]]$;

Note

- Tempo $O(n)$ se $m \leq \omega$

Note

- Tempo $O(n)$ se $m \leq \omega$
- Tempo $O(nm)$

Note

- Tempo $O(n)$ se $m \leq \omega$
- Tempo $O(nm)$
- No condizioni

Note

- Tempo $O(n)$ se $m \leq \omega$
- Tempo $O(nm)$
- No condizioni
- $\omega < m \leq 2\omega$?

Karp-Rabin

Alfabeto binario

Karp-Rabin

Alfabeto binario

- $H(S) = \sum_{i=1}^{|S|} 2^{|S|-i} H(S[i])$

Karp-Rabin

Alfabeto binario

- $H(S) = \sum_{i=1}^{|S|} 2^{|S|-i} H(S[i])$
- sliding window di ampiezza m su T

Karp-Rabin

Alfabeto binario

- $H(S) = \sum_{i=1}^{|S|} 2^{|S|-i} H(S[i])$
- sliding window di ampiezza m su T
- $H(T[i+1:i+m]) =$
  $= (H(T[i:i+m-1]) - T[i])/2 + 2^{m-1} T[i+m]$

Karp-Rabin

Alfabeto binario

- $H(S) = \sum_{i=1}^{|S|} 2^{|S|-i} H(S[i])$
- sliding window di ampiezza m su T
- $H(T[i+1:i+m]) =$
  $= (H(T[i:i+m-1]) - T[i])/2 + 2^{m-1} T[i+m]$
- operazioni su bit

Karp-Rabin

Alfabeto binario

- $H(S) = \sum_{i=1}^{|S|} 2^{|S|-i} H(S[i])$
- sliding window di ampiezza m su T
- $H(T[i+1:i+m]) =$
  $= (H(T[i:i+m-1]) - T[i])/2 + 2^{m-1} T[i+m]$
- operazioni su bit
- $T[i:i+m-1] = P \Leftrightarrow H(T[i:i+m-1]) = H(P)$

Karp-Rabin: problema

Numeri troppo grandi

Karp-Rabin: problema

Numeri troppo grandi

- Modello RAM: numeri $O(n+m)$

Karp-Rabin: problema

Numeri troppo grandi

- Modello RAM: numeri $O(n+m)$
- mod p

Karp-Rabin: problema

Numeri troppo grandi

- Modello RAM: numeri $O(n+m)$
- mod p
- $H(T[i+1:i+m]) =$
  $\left((H(T[i:i+m-1]) - T[i])/2 + 2^{m-1}T[i+m]\right) \mod p$

Karp-Rabin: problema

Numeri troppo grandi

- Modello RAM: numeri $O(n+m)$
- mod p
- $H(T[i+1:i+m]) = \left((H(T[i:i+m-1]) - T[i])/2 + 2^{m-1}T[i+m]\right) \mod p$
- **NO**

Karp-Rabin: problema

Numeri troppo grandi

- Modello RAM: numeri $O(n+m)$
- mod p
- $H(T[i+1:i+m]) = \left((H(T[i:i+m-1]) - T[i])/2 + 2^{m-1}T[i+m]\right) \mod p$
- **NO**
- $2^{m-1}T[i+m] \mod p$ calcolato iterativamente, $\mod p$ ad ogni passo

Karp-Rabin: falsi positivi

Possibili errori

Karp-Rabin: falsi positivi

Possibili errori

- Falso positivo (FP): occorrenza non vera

Karp-Rabin: falsi positivi

Possibili errori

- Falso positivo (FP): occorrenza non vera
- Falso negativo (FN): occorrenza non trovata

Karp-Rabin: falsi positivi

Possibili errori

- Falso positivo (FP): occorrenza non vera
- Falso negativo (FN): occorrenza non trovata
- $H(T[i : i+m-1]) = H(P) \Leftrightarrow T[i : i+m-1] = P$

Karp-Rabin: falsi positivi

Possibili errori

- Falso positivo (FP): occorrenza non vera
- Falso negativo (FN): occorrenza non trovata
- $H(T[i:i+m-1]) = H(P) \Leftrightarrow T[i:i+m-1] = P$
- $H(T[i:i+m-1]) \mod p = H(P) \mod p$
  $\Leftarrow T[i:i+m-1] = P$

Karp-Rabin: falsi positivi

Probabilità di errore

$P[\#FP \geq 1] \leq O(nm/I)$ se il numero primo p è scelto fra tutti i primi $\leq I$

Karp-Rabin: falsi positivi

Probabilità di errore

$P[\#FP \geq 1] \leq O(nm/I)$ se il numero primo p è scelto fra tutti i primi $\leq I$

Valori di I

Karp-Rabin: falsi positivi

Probabilità di errore

$P[\#FP \geq 1] \leq O(nm/I)$ se il numero primo p è scelto fra tutti i primi $\leq I$

Valori di I

- $I = n^2 m \Rightarrow P[\#FP \geq 1] \leq 2.54/n$

Karp-Rabin: falsi positivi

Probabilità di errore

$P[\#FP \geq 1] \leq O(nm/I)$ se il numero primo p è scelto fra tutti i primi $\leq I$

Valori di I

- $I = n^2 m \Rightarrow P[\#FP \geq 1] \leq 2.54/n$
- $I = nm^2 \Rightarrow P[\#FP \geq 1] \in O(1/m)$

Karp-Rabin: falsi positivi

Probabilità di errore

$P[\#FP \geq 1] \leq O(nm/I)$ se il numero primo p è scelto fra tutti i primi $\leq I$

Valori di I

- $I = n^2 m \Rightarrow P[\#FP \geq 1] \leq 2.54/n$
- $I = nm^2 \Rightarrow P[\#FP \geq 1] \in O(1/m)$

Abbassare probabilità di errore

Scegliere k primi casuali (indipendenti senza ripetizioni), cambiare primo dopo ogni FP

Las Vegas vs. Monte Carlo

Classificazione algoritmi probabilistici

Las Vegas vs. Monte Carlo

Classificazione algoritmi probabilistici

- Las Vegas:

Las Vegas vs. Monte Carlo

Classificazione algoritmi probabilistici

- Las Vegas:
  - Sempre corretto

Las Vegas vs. Monte Carlo

Classificazione algoritmi probabilistici

- Las Vegas:
  - Sempre corretto
  - Forse non veloce

Las Vegas vs. Monte Carlo

Classificazione algoritmi probabilistici

- Las Vegas:
  - Sempre corretto
  - Forse non veloce
  - Quicksort con pivot random

Las Vegas vs. Monte Carlo

Classificazione algoritmi probabilistici

- Las Vegas:
  - Sempre corretto
  - Forse non veloce
  - Quicksort con pivot random
- Monte Carlo:

Las Vegas vs. Monte Carlo

Classificazione algoritmi probabilistici

- Las Vegas:
  - Sempre corretto
  - Forse non veloce
  - Quicksort con pivot random
- Monte Carlo:
  - Sempre veloce

Las Vegas vs. Monte Carlo

Classificazione algoritmi probabilistici

- Las Vegas:
  - Sempre corretto
  - Forse non veloce
  - Quicksort con pivot random
- Monte Carlo:
  - Sempre veloce
  - Forse non corretto

Las Vegas vs. Monte Carlo

Classificazione algoritmi probabilistici

- Las Vegas:
  - Sempre corretto
  - Forse non veloce
  - Quicksort con pivot random
- Monte Carlo:
  - Sempre veloce
  - Forse non corretto
  - Karp-Rabin

Controllo falsi positivi

L: posizioni iniziali in T delle occorrenze

Run

sequenza $\langle l_1, \ldots, l_k \rangle$ di posizioni in L distanti al massimo $m/2$

Controllo falsi positivi

L: posizioni iniziali in T delle occorrenze

Run

sequenza $\langle l_1, \ldots, l_k \rangle$ di posizioni in L distanti al massimo $m/2$

- $d = l_2 - l_1$

Controllo falsi positivi

L: posizioni iniziali in T delle occorrenze

Run

sequenza $\langle l_1, \ldots, l_k \rangle$ di posizioni in L distanti al massimo $m/2$

- $d = l_2 - l_1$
- P semiperiodico con periodo d

Controllo falsi positivi

L: posizioni iniziali in T delle occorrenze

Run

sequenza $\langle l_1, \ldots, l_k \rangle$ di posizioni in L distanti al massimo $m/2$

- $d = l_2 - l_1$
- P semiperiodico con periodo d
- $P = \alpha\beta^{k-1}$, α suffisso di β

Controllo falsi positivi

L: posizioni iniziali in T delle occorrenze

Run

sequenza $\langle l_1, \ldots, l_k \rangle$ di posizioni in L distanti al massimo $m/2$

- $d = l_2 - l_1$
- P semiperiodico con periodo d
- $P = \alpha\beta^{k-1}$, α suffisso di β
- ogni run occupa $\geq n$ caratteri di T

Controllo falsi positivi

L: posizioni iniziali in T delle occorrenze

Run

sequenza $\langle l_1, \ldots, l_k \rangle$ di posizioni in L distanti al massimo $m/2$

- $d = l_2 - l_1$
- P semiperiodico con periodo d
- $P = \alpha\beta^{k-1}$, α suffisso di β
- ogni run occupa $\geq n$ caratteri di T
- ogni carattere di T è in max 2 run

Trie

Trie

Trie

Trie

Trie

Trie

- Albero

Trie

Trie

- Albero
- Query: parola $\in$ dizionario

Trie

Trie

- Albero
- Query: parola $\in$ dizionario
- archi etichettati

Trie

Trie

- Albero
- Query: parola $\in$ dizionario
- archi etichettati
- Percorso radice-foglia $=$ parola

Trie

Trie

- Albero
- Query: parola $\in$ dizionario
- archi etichettati
- Percorso radice-foglia $=$ parola

Dizionario

ABRACADABRA
ARRAY
ABRA

Trie

Trie

- Albero
- Query: parola $\in$ dizionario
- archi etichettati
- Percorso radice-foglia $=$ parola

Dizionario

ABRACADABRA
ARRAY
ABRA

Trie

Trie

Trie

Terminatore

$ non appartiene all'alfabeto

Trie

Terminatore

$ non appartiene all'alfabeto

Dizionario

ABRACADABRA$
ARRAY$
ABRA$

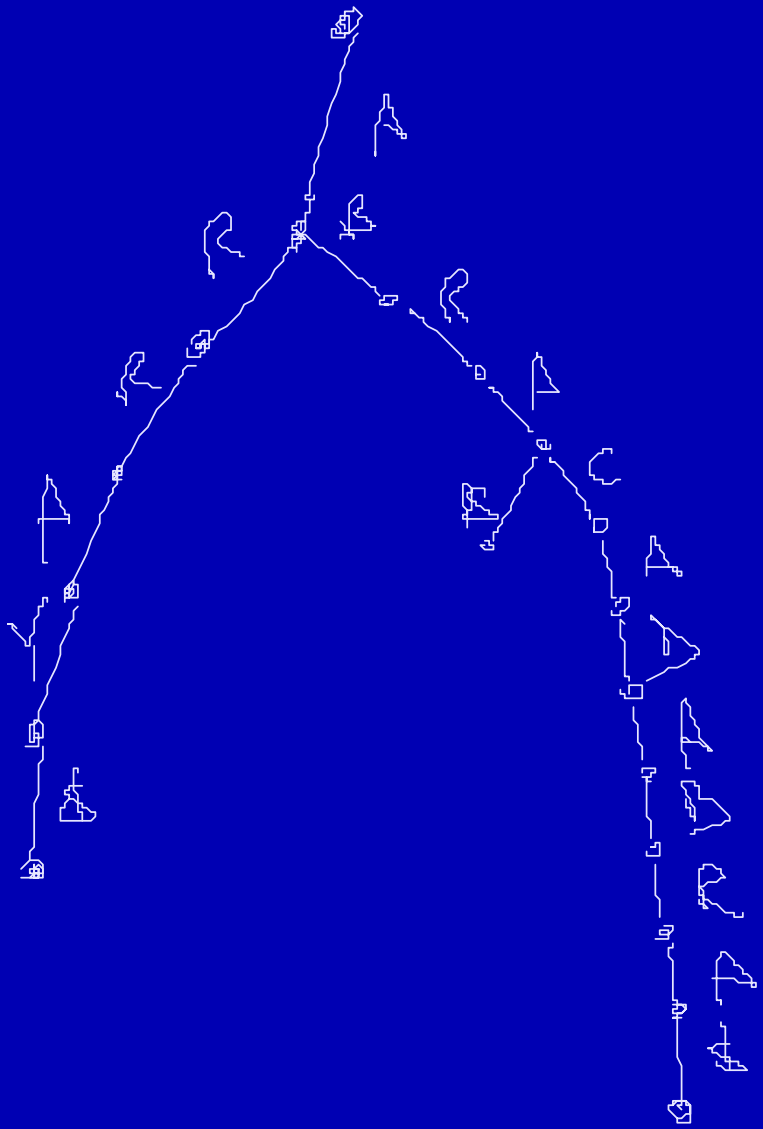
Trie

Terminatore

$ non appartiene all'alfabeto

Dizionario

ABRACADABRA$
ARRAY$
ABRA$



Suffix tree

Suffix tree

Suffix tree

Definizione

Suffix tree

Definizione

- Trie compatto di tutti i suffissi di $T\$$

Suffix tree

Definizione

- Trie compatto di tutti i suffissi di $T\$$
- Le etichette degli archi uscenti da x iniziano con simboli diversi

Suffix tree

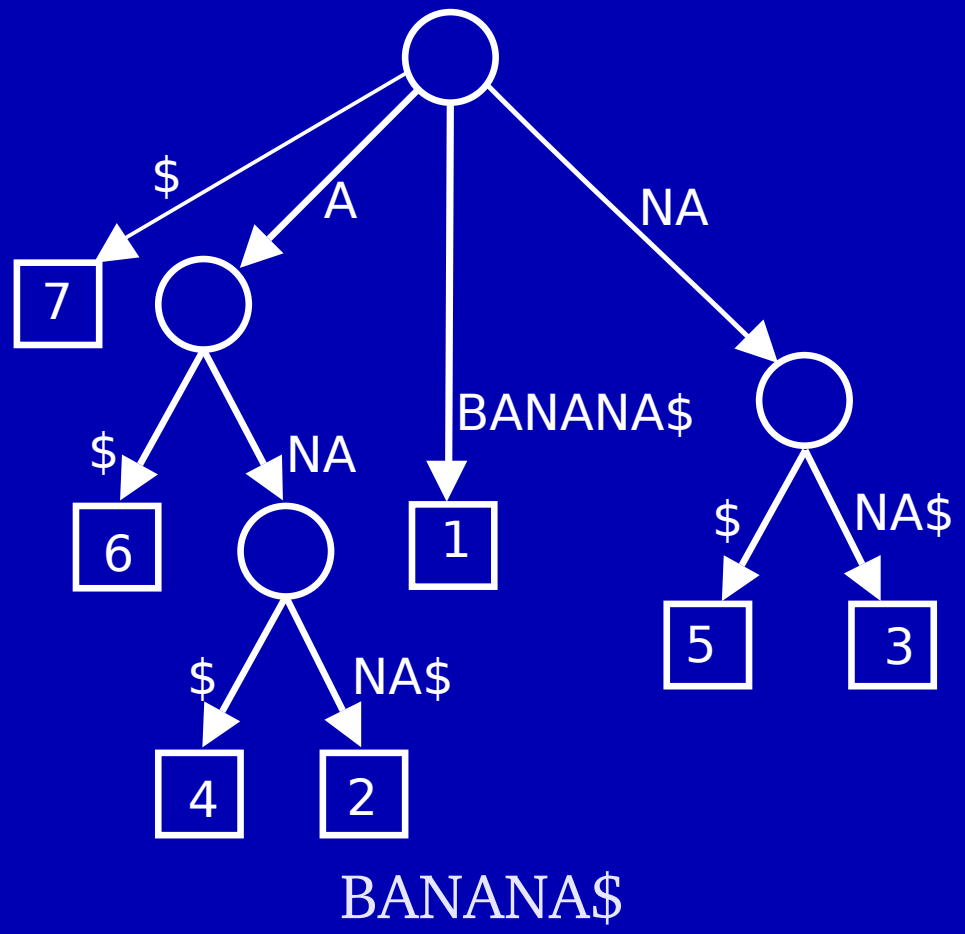
Definizione

- Trie compatto di tutti i suffissi di $T\$$
- Le etichette degli archi uscenti da x iniziano con simboli diversi
- suffissi $\Longleftrightarrow$ percorso radice-foglia

Suffix tree

Definizione

- Trie compatto di tutti i suffissi di $T\$$
- Le etichette degli archi uscenti da x iniziano con simboli diversi
- suffissi $\Longleftrightarrow$ percorso radice-foglia



Suffix tree 2: Definizione

- foglie etichettata con posizione inizio suffisso

Suffix tree 2: Definizione

- foglie etichettata con posizione inizio suffisso
- path-label(x): concatenazione etichette

Suffix tree 2: Definizione

- foglie etichettata con posizione inizio suffisso
- path-label(x): concatenazione etichette
- string-depth(x): lunghezza path-label(x)

Suffix tree 2: Definizione

- foglie etichettata con posizione inizio suffisso
- path-label(x): concatenazione etichette
- string-depth(x): lunghezza path-label(x)
- Pattern matching = visita

Suffix tree 2: Definizione

- foglie etichettata con posizione inizio suffisso
- path-label(x): concatenazione etichette
- string-depth(x): lunghezza path-label(x)
- Pattern matching = visita

Problemi

Suffix tree 2: Definizione

- foglie etichettata con posizione inizio suffisso
- path-label(x): concatenazione etichette
- string-depth(x): lunghezza path-label(x)
- Pattern matching = visita

Problemi

- Spazio $O(n^2)$

Suffix tree 2: Definizione

- foglie etichettata con posizione inizio suffisso
- path-label(x): concatenazione etichette
- string-depth(x): lunghezza path-label(x)
- Pattern matching = visita

Problemi

- Spazio $O(n^2)$
- Puntatori al testo (posizioni)

Suffix tree 2: Definizione

- foglie etichettata con posizione inizio suffisso
- path-label(x): concatenazione etichette
- string-depth(x): lunghezza path-label(x)
- Pattern matching = visita

Problemi

- Spazio $O(n^2)$
- Puntatori al testo (posizioni)
- Spazio $20n$ bytes

Suffix array

Definizione

Suffix array

Definizione

- Array dei suffissi in ordine lessicografico

Suffix array

Definizione

- Array dei suffissi in ordine lessicografico
- Posizioni iniziali del suffisso nell'array

Suffix array

Definizione

- Array dei suffissi in ordine lessicografico
- Posizioni iniziali del suffisso nell'array
- Spazio $4n$ bytes

Suffix array

Definizione

- Array dei suffissi in ordine lessicografico
- Posizioni iniziali del suffisso nell'array
- Spazio $4n$ bytes
- $Lcp[i]$: lunghezza prefisso comune $SA[i]$, $SA[i+1]$

Suffix array

Definizione

- Array dei suffissi in ordine lessicografico
- Posizioni iniziali del suffisso nell'array
- Spazio $4n$ bytes
- $Lcp[i]$: lunghezza prefisso comune $SA[i]$, $SA[i+1]$

BANANA$

i	0	1	2	3	4	5	6
SA	7	6	4	2	1	5	3
Lcp	0	1	3	0	0	2	-

Da Suffix tree a Suffix array

Da Suffix tree a Suffix array

Da Suffix tree a Suffix array

- Visita depth-first di ST

Da Suffix tree a Suffix array

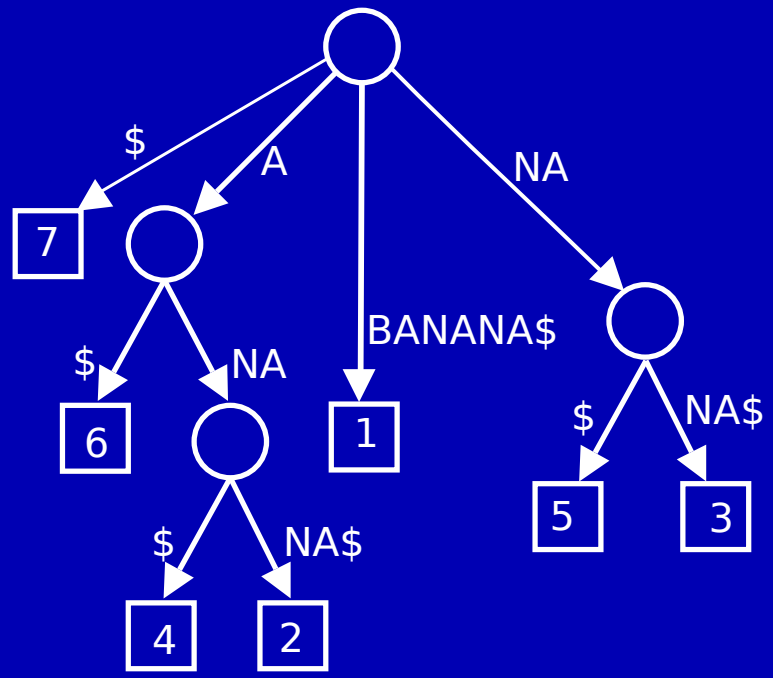
- Visita depth-first di ST
- archi uscenti di ogni nodo in ordine lessicografico

Da Suffix tree a Suffix array

- Visita depth-first di ST
- archi uscenti di ogni nodo in ordine lessicografico
- $Lcp[i] =$ string-depth di $lca(i, i+1)$

Da Suffix tree a Suffix array

- Visita depth-first di ST
- archi uscenti di ogni nodo in ordine lessicografico
- $Lcp[i] =$ string-depth di $lca(i, i+1)$



Da Suffix array a Suffix tree

Da Suffix array a Suffix tree

Da Suffix array a Suffix tree

- $Lcp = 0$: partizione SA

Da Suffix array a Suffix tree

- $Lcp = 0$: partizione SA
- corrispondono ai figli della radice

Da Suffix array a Suffix tree

- $Lcp = 0$: partizione SA
- corrispondono ai figli della radice
- ricorsione prendendo i numeri minimi

Da Suffix array a Suffix tree

- $Lcp = 0$: partizione SA
- corrispondono ai figli della radice
- ricorsione prendendo i numeri minimi

BANANA$

i	0	1	2	3	4	5	6
SA	7	6	4	2	1	5	3
Lcp	0	1	3	0	0	2	-

Da Suffix array a Suffix tree

- $Lcp = 0$: partizione SA
- corrispondono ai figli della radice
- ricorsione prendendo i numeri minimi

BANANA$

i	0	1	2	3	4	5	6
SA	7	6	4	2	1	5	3
Lcp	0	1	3	0	0	2	-

Sottostringa comune più lunga di due stringhe

Due stringhe s_1 e s_2

Sottostringa comune più lunga di due stringhe

Due stringhe s_1 e s_2

- Suffix tree generalizzato = insieme di stringhe

Sottostringa comune più lunga di due stringhe

Due stringhe s_1 e s_2

- Suffix tree generalizzato = insieme di stringhe
- $ST(s_1\$_1 s_2\$_2)$

Sottostringa comune più lunga di due stringhe

Due stringhe s_1 e s_2

- Suffix tree generalizzato = insieme di stringhe
- $ST(s_1\$_1 s_2\$_2)$
- Nodo x con foglie di s_1 e s_2

Sottostringa comune più lunga di due stringhe

Due stringhe s_1 e s_2

- Suffix tree generalizzato = insieme di stringhe
- $ST(s_1\$_1 s_2\$_2)$
- Nodo x con foglie di s_1 e s_2
- Sottostringa di s_1 e s_2

Sottostringa comune più lunga di due stringhe

Due stringhe s_1 e s_2

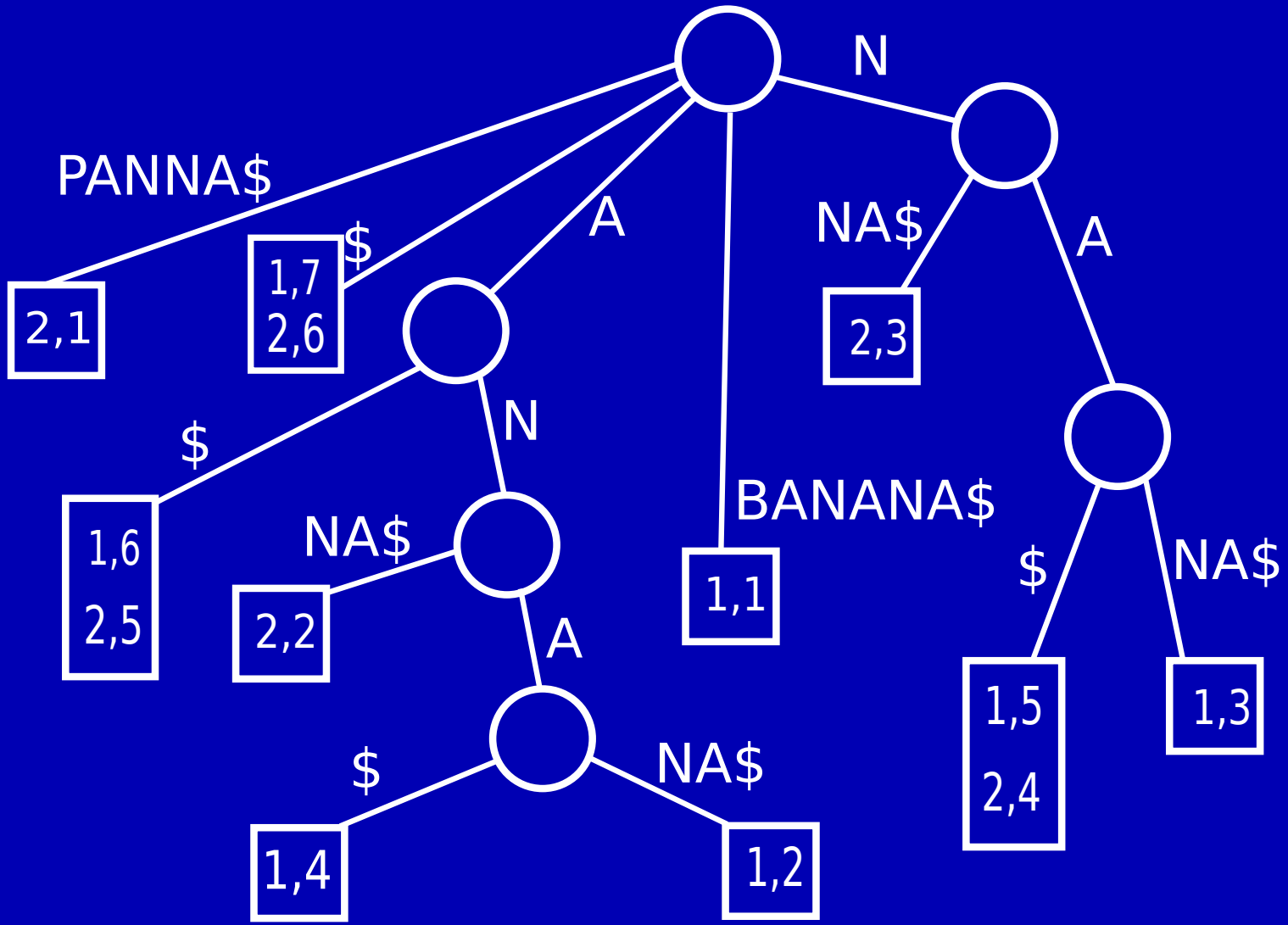
- Suffix tree generalizzato = insieme di stringhe
- $ST(s_1\$_1 s_2\$_2)$
- Nodo x con foglie di s_1 e s_2
- Sottostringa di s_1 e s_2
- $ST(s_1\$ s_2\$)$

Sottostringa comune più lunga di due stringhe

Due stringhe s_1 e s_2

- Suffix tree generalizzato = insieme di stringhe
- $ST(s_1\$_1 s_2\$_2)$
- Nodo x con foglie di s_1 e s_2
- Sottostringa di s_1 e s_2
- $ST(s_1\$ s_2\$)$
- Max string-depth

Suffix tree generalizzato



s_1: BANANA\$, s_2: PANNA\$

Pattern matching su suffix array

Occorrenza P in T

Suffissi di T che iniziano con P

Pattern matching su suffix array

Occorrenza P in T

Suffissi di T che iniziano con P

Ricerca in SA

Pattern matching su suffix array

Occorrenza P in T

Suffissi di T che iniziano con P

Ricerca in SA

- Ricerca dicotomica

Pattern matching su suffix array

Occorrenza P in T

Suffissi di T che iniziano con P

Ricerca in SA

- Ricerca dicotomica
- Tempo $O(m \log n)$ – caso pessimo

Pattern matching su suffix array

Occorrenza P in T

Suffissi di T che iniziano con P

Ricerca in SA

- Ricerca dicotomica
- Tempo $O(m \log n)$ – caso pessimo
- Controllare tutto P ad ogni iterazione

Pattern matching su suffix array

Occorrenza P in T

Suffissi di T che iniziano con P

Ricerca in SA

- Ricerca dicotomica
- Tempo $O(m \log n)$ – caso pessimo
- Controllare tutto P ad ogni iterazione
- $log_2 n$ iterazioni

Acceleranti 1

Acceleranti 1

Acceleranti 1

- Intervallo $SA(L,R)$ di SA

Acceleranti 1

- Intervallo $SA(L,R)$ di SA
- Elemento mediano M

Acceleranti 1

- Intervallo $SA(L,R)$ di SA
- Elemento mediano M
- Tutti i suffissi in $SA(L,R)$ iniziano con uno stesso prefisso lungo $Lcp(SA[L],SA[R])$

Acceleranti 1

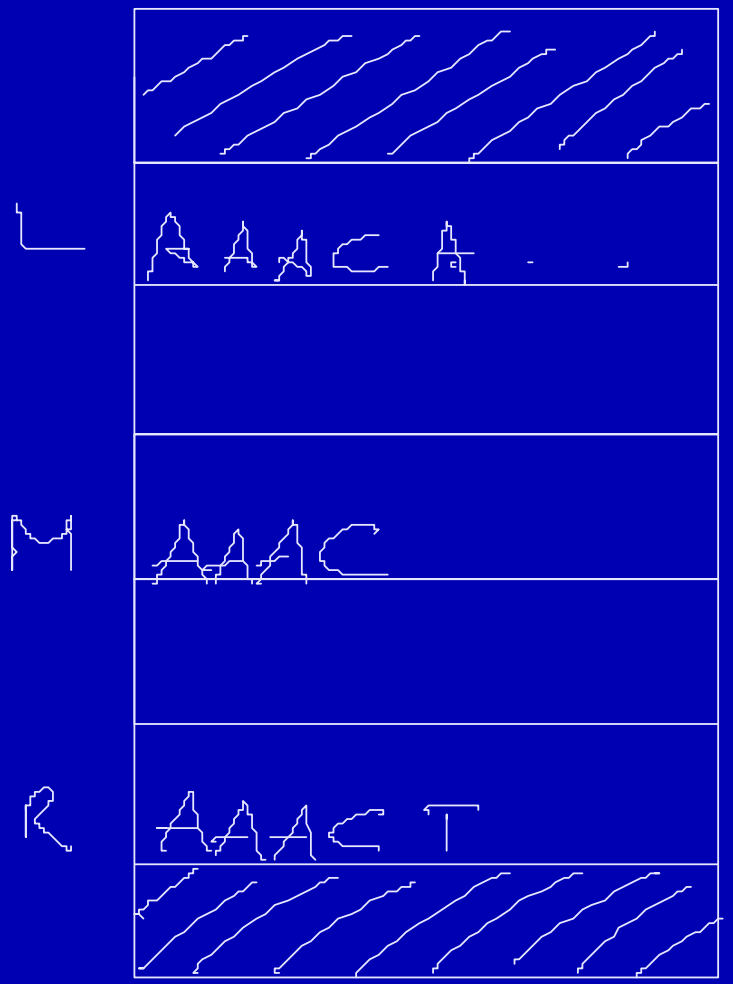
- Intervallo $SA(L,R)$ di SA
- Elemento mediano M
- Tutti i suffissi in $SA(L,R)$ iniziano con uno stesso prefisso lungo $Lcp(SA[L],SA[R])$
- Non confrontare con i primi $Lcp(SA[L],SA[R])$ caratteri

Acceleranti 1

- Intervallo $SA(L,R)$ di SA
- Elemento mediano M
- Tutti i suffissi in $SA(L,R)$ iniziano con uno stesso prefisso lungo $Lcp(SA[L],SA[R])$
- Non confrontare con i primi $Lcp(SA[L],SA[R])$ caratteri

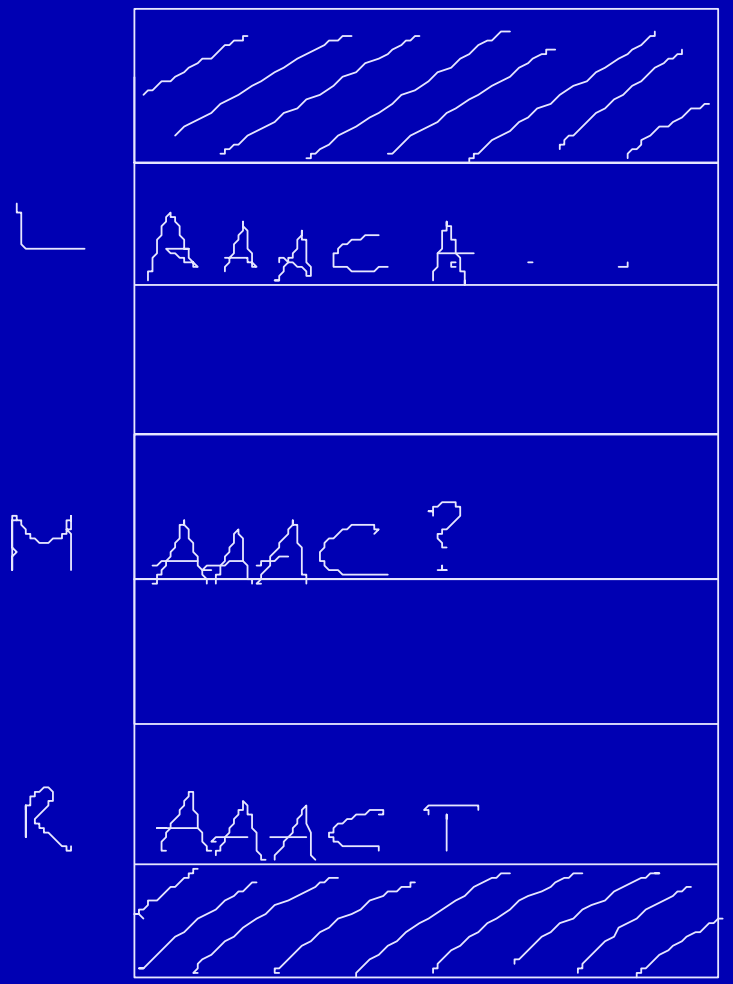
Acceleranti 1

- Intervallo $SA(L,R)$ di SA
- Elemento mediano M
- Tutti i suffissi in $SA(L,R)$ iniziano con uno stesso prefisso lungo $Lcp(SA[L],SA[R])$
- Non confrontare con i primi $Lcp(SA[L],SA[R])$ caratteri



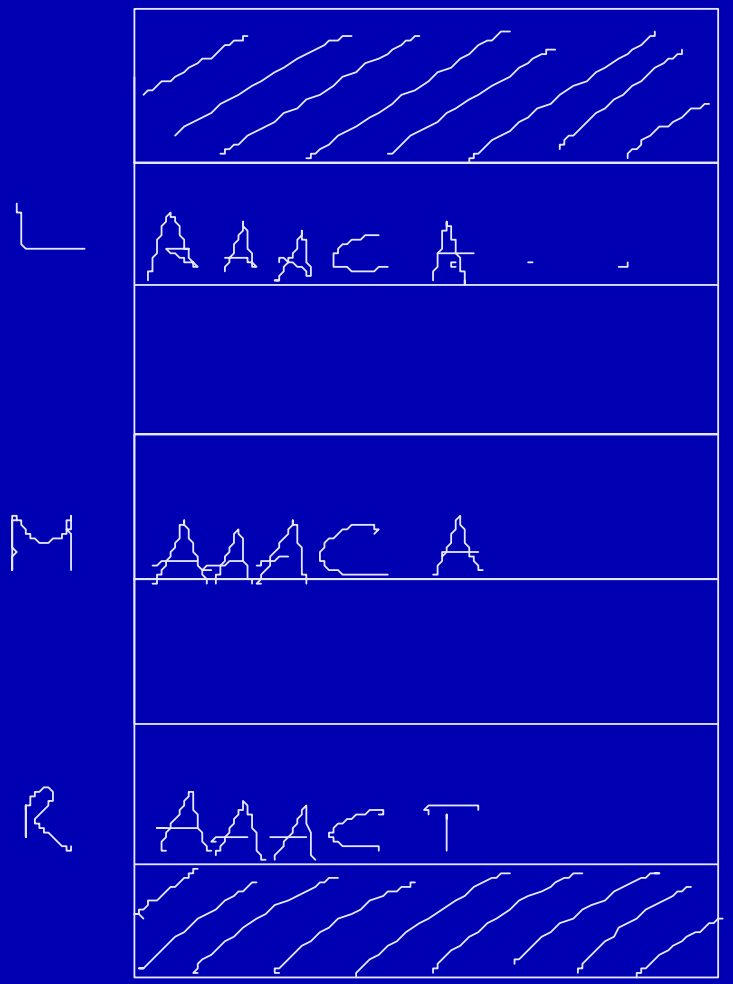
Acceleranti 1

- Intervallo $SA(L,R)$ di SA
- Elemento mediano M
- Tutti i suffissi in $SA(L,R)$ iniziano con uno stesso prefisso lungo $Lcp(SA[L],SA[R])$
- Non confrontare con i primi $Lcp(SA[L],SA[R])$ caratteri



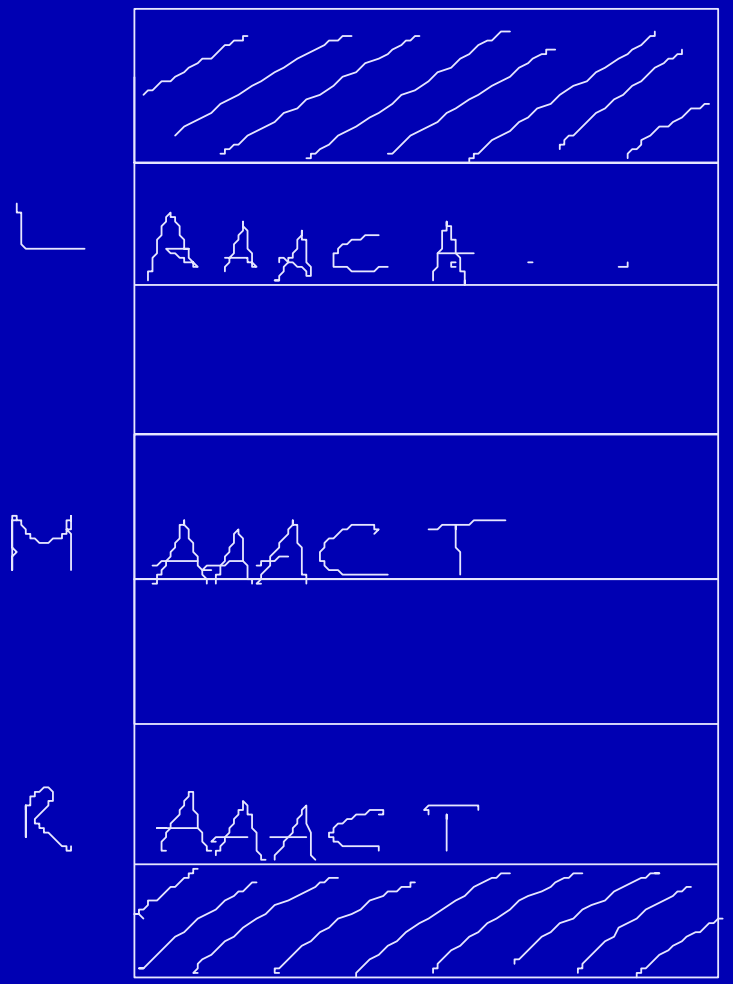
Acceleranti 1

- Intervallo $SA(L,R)$ di SA
- Elemento mediano M
- Tutti i suffissi in $SA(L,R)$ iniziano con uno stesso prefisso lungo $Lcp(SA[L],SA[R])$
- Non confrontare con i primi $Lcp(SA[L],SA[R])$ caratteri



Acceleranti 1

- Intervallo $SA(L,R)$ di SA
- Elemento mediano M
- Tutti i suffissi in $SA(L,R)$ iniziano con uno stesso prefisso lungo $Lcp(SA[L],SA[R])$
- Non confrontare con i primi $Lcp(SA[L],SA[R])$ caratteri



Acceleranti 1

- Intervallo $SA(L,R)$ di SA
- Elemento mediano M
- Tutti i suffissi in $SA(L,R)$ iniziano con uno stesso prefisso lungo $Lcp(SA[L],SA[R])$
- Non confrontare con i primi $Lcp(SA[L],SA[R])$ caratteri

Acceleranti 2

Acceleranti 2

Acceleranti 2

l: $lcp(L, P)$; r: $Lcp(R, P)$

Acceleranti 2

l: $lcp(L, P)$; r: $Lcp(R, P)$

1. Caso 1: $l > r$

Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$

Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$

Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l$

Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$

Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$

Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$

Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$

Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$

Acceleranti 2

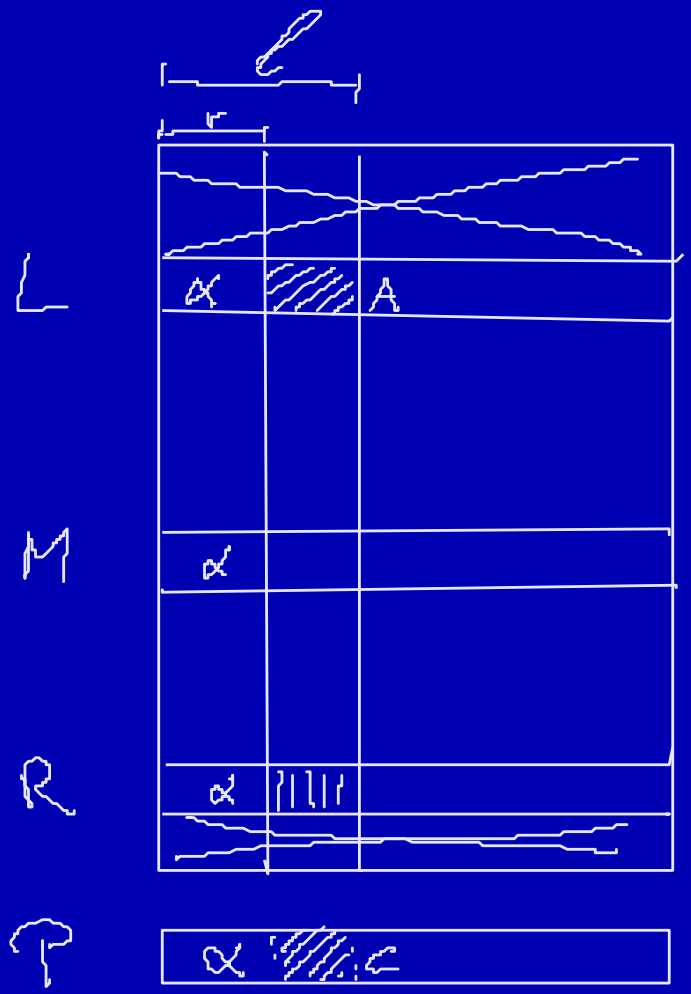
l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$

Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

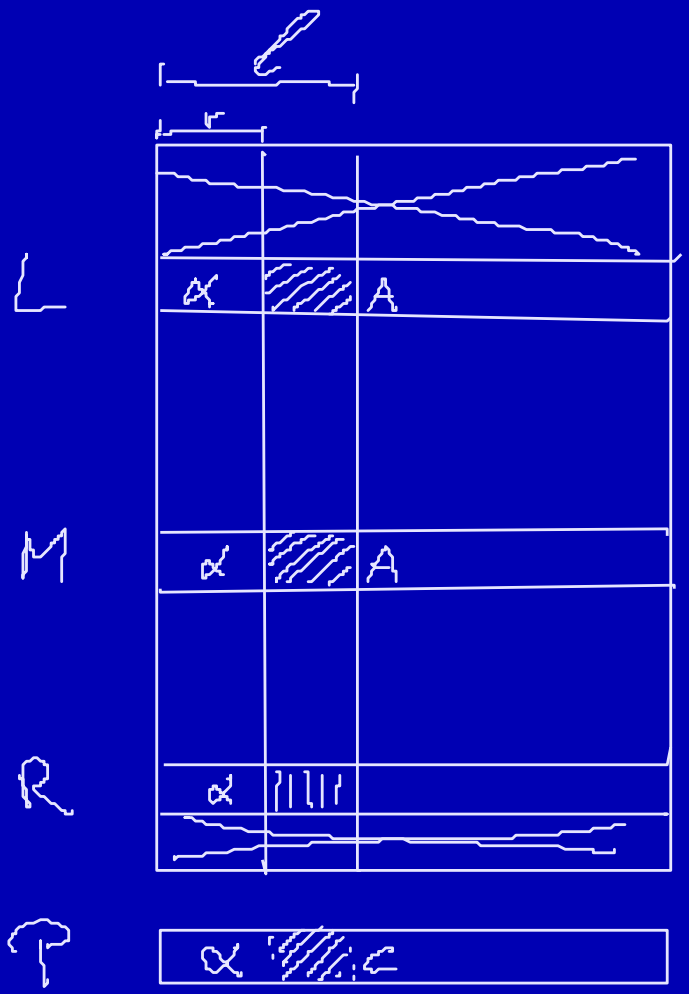
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

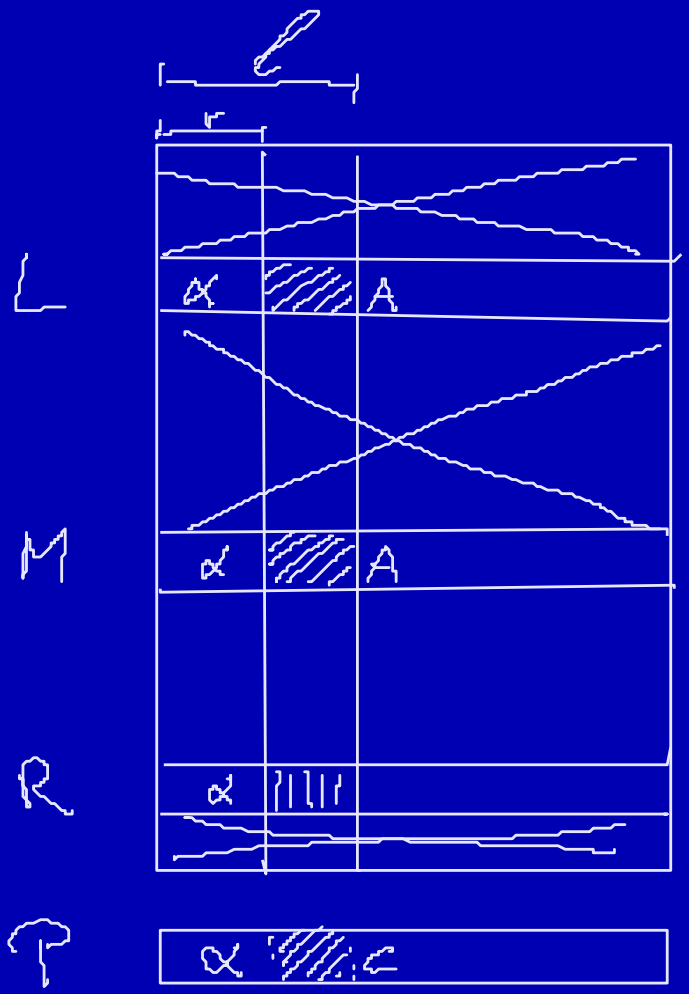
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

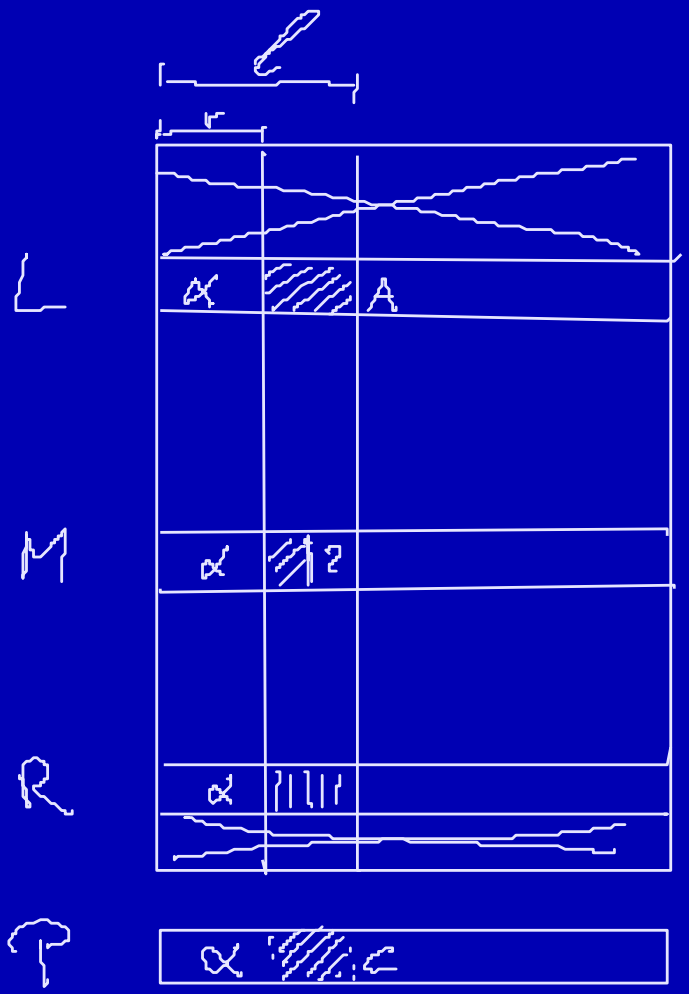
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

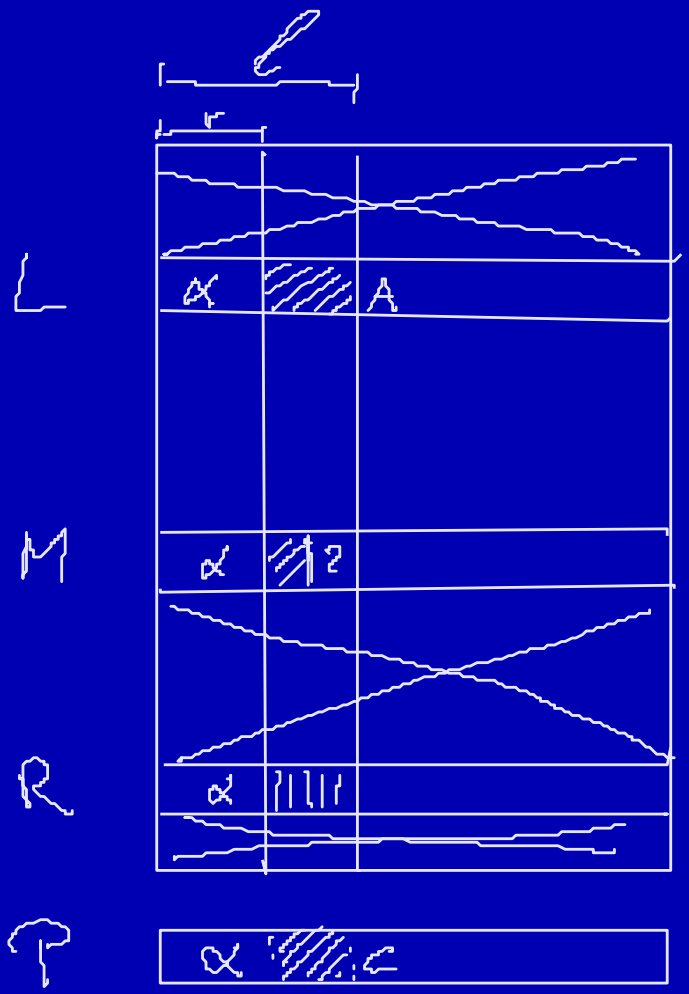
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

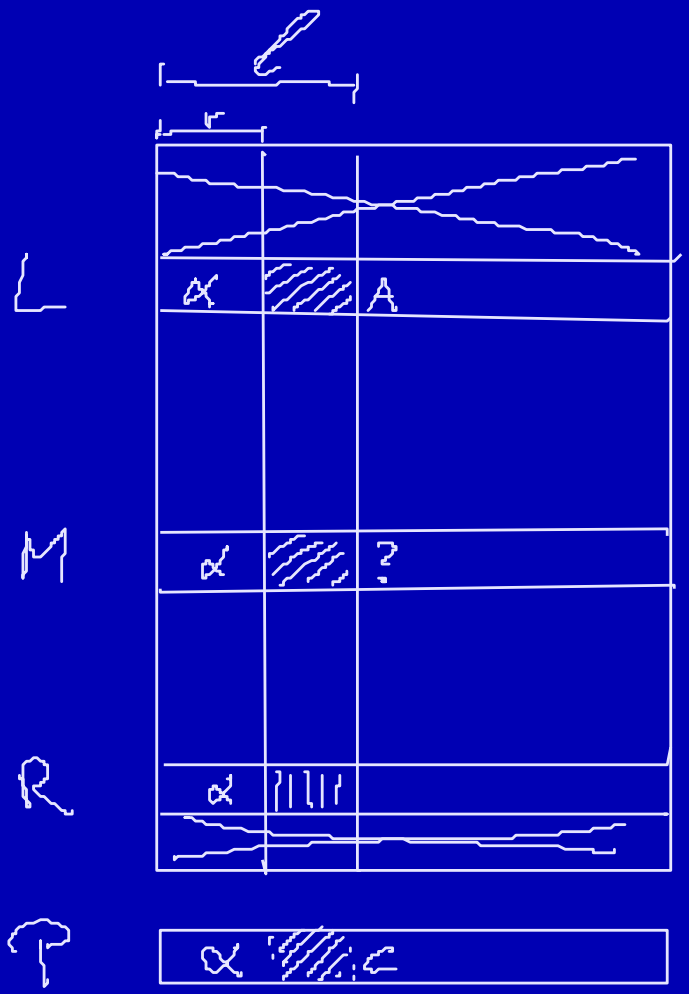
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

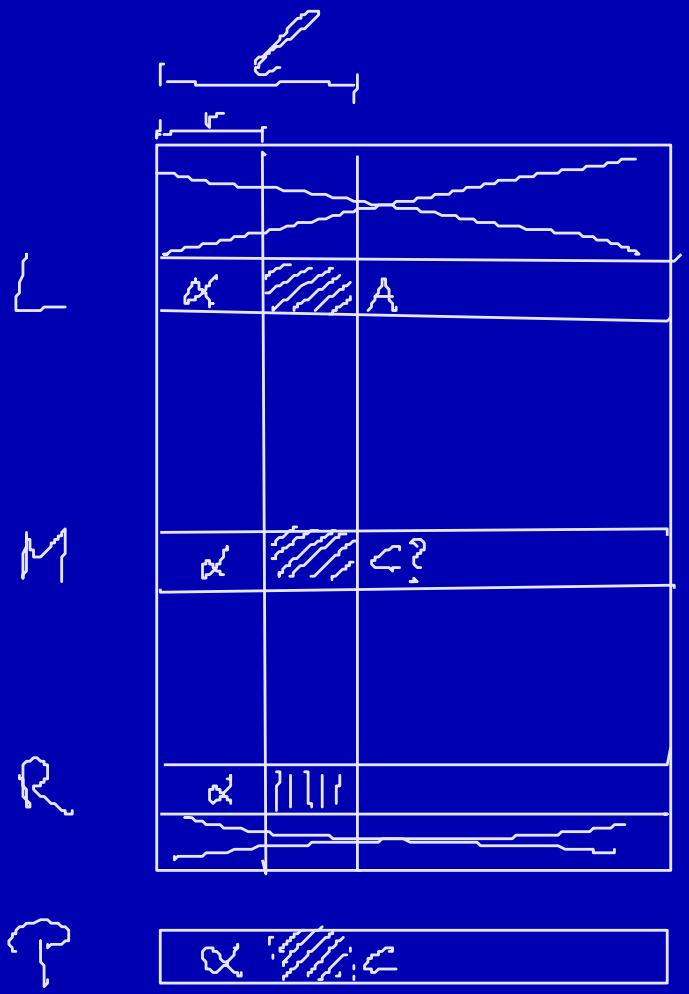
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

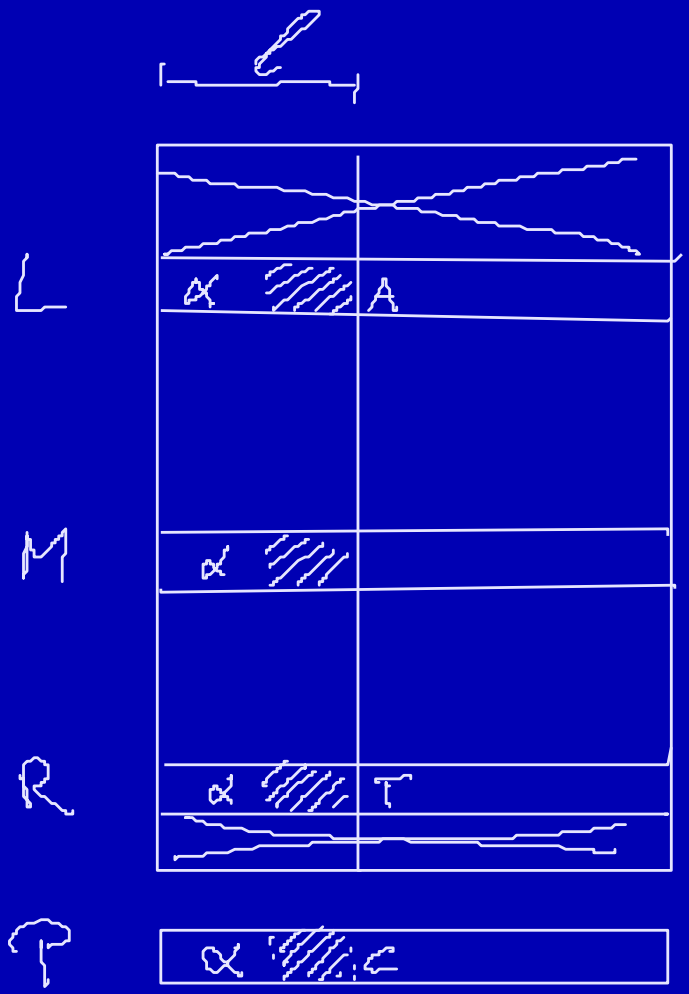
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

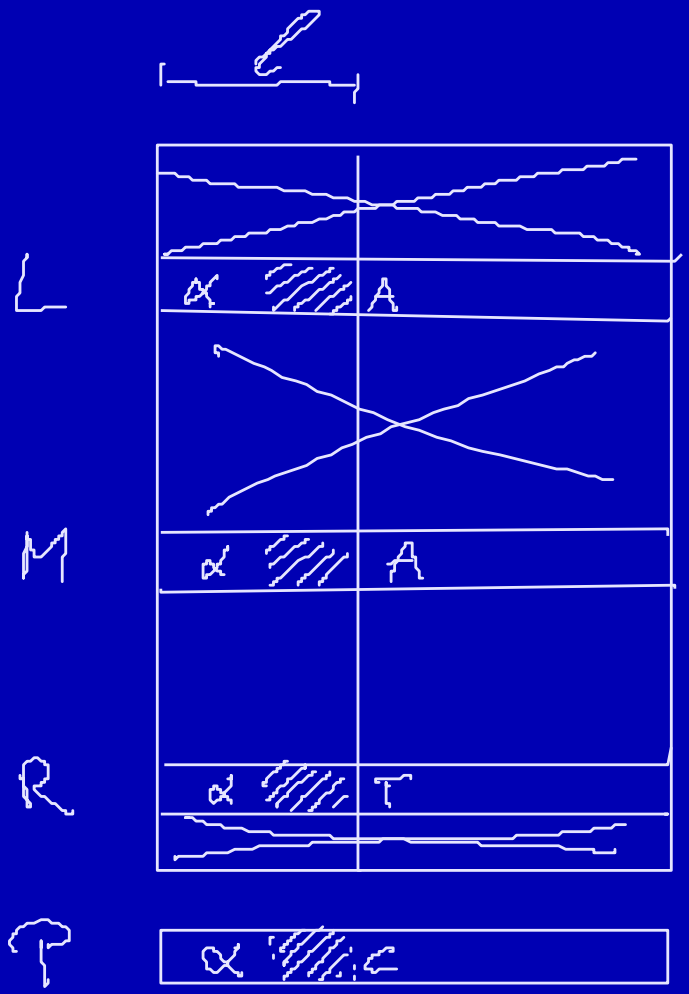
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

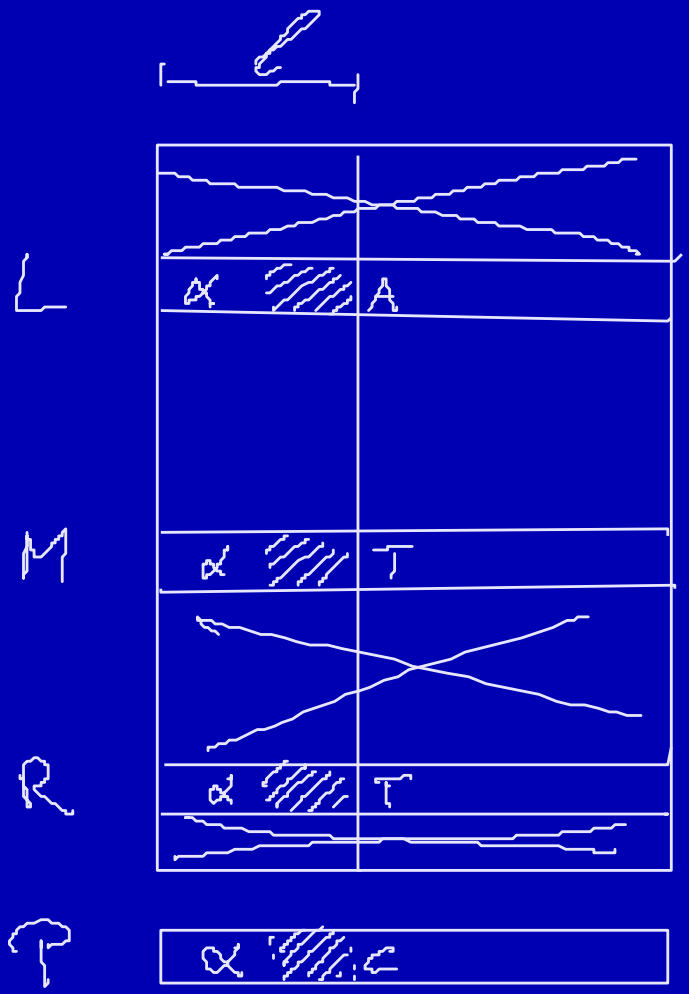
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

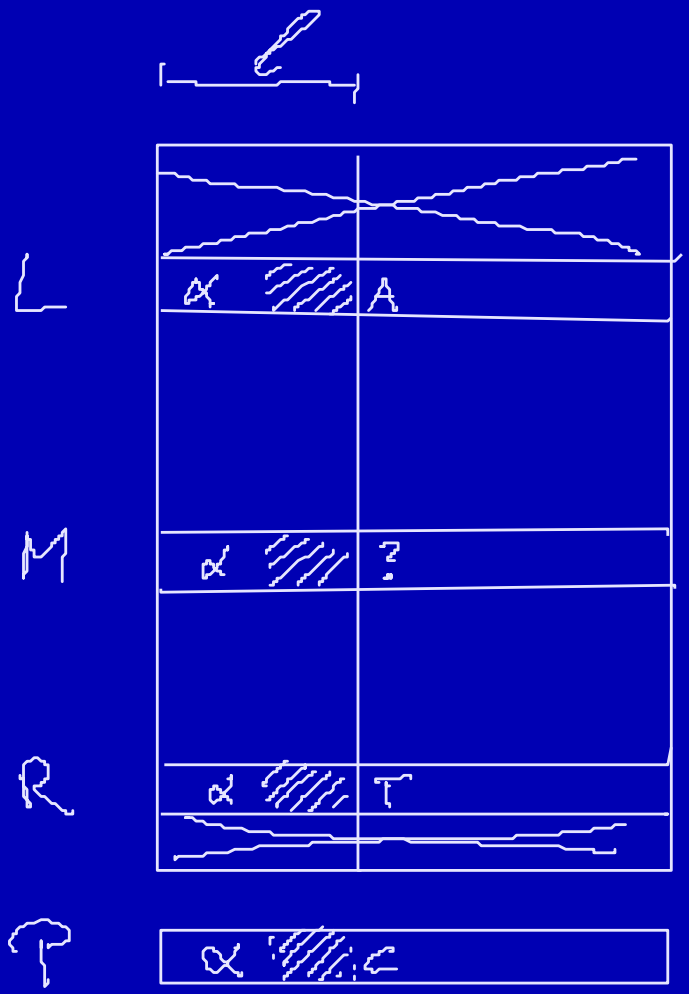
1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2

l: $lcp(L,P)$; r: $Lcp(R,P)$

1. Caso 1: $l > r$
   - $Lcp(L,M) > l \Rightarrow L \leftarrow M$
   - $Lcp(L,M) < l \Rightarrow$
     $R \leftarrow M, r \leftarrow Lcp(M,L)$
   - $Lcp(L,M) = l \Rightarrow$ confronto
     $P[l+1:], M[l+1:]$
2. Caso 2: $l = r$
   - $Lcp(L,M) > l$
   - $Lcp(M,R) > l$
   - $Lcp(L,M) = Lcp(M,R) = l$



Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$

- Iterazione 1: $(L, R) = (1, m)$

Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$

- Iterazione 1: $(L, R) = (1, m)$
- Iterazione 2: $(L, R) = (1, m/2)$ oppure $(m/2, m)$

Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$

- Iterazione 1: $(L, R) = (1, m)$
- Iterazione 2: $(L, R) = (1, m/2)$ oppure $(m/2, m)$
- Iterazione k: $L = h\frac{m}{2^{k-1}}$, $R = (h+1)\frac{m}{2^{k-1}}$

Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$

- Iterazione 1: $(L, R) = (1, m)$
- Iterazione 2: $(L, R) = (1, m/2)$ oppure $(m/2, m)$
- Iterazione k: $L = h\frac{m}{2^{k-1}}$, $R = (h+1)\frac{m}{2^{k-1}}$
- Iterazione $\lceil \log_2 m \rceil$: $R = L + 1$, $Lcp(h, h+1)$

Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$

- Iterazione 1: $(L, R) = (1, m)$
- Iterazione 2: $(L, R) = (1, m/2)$ oppure $(m/2, m)$
- Iterazione k: $L = h\frac{m}{2^{k-1}}$, $R = (h+1)\frac{m}{2^{k-1}}$
- Iterazione $\lceil \log_2 m \rceil$: $R = L + 1$, $Lcp(h, h+1)$
- Iterazione $\lceil \log_2 m \rceil - 1$: aggrego i risultati dell'iterazione $\lceil \log_2 m \rceil$

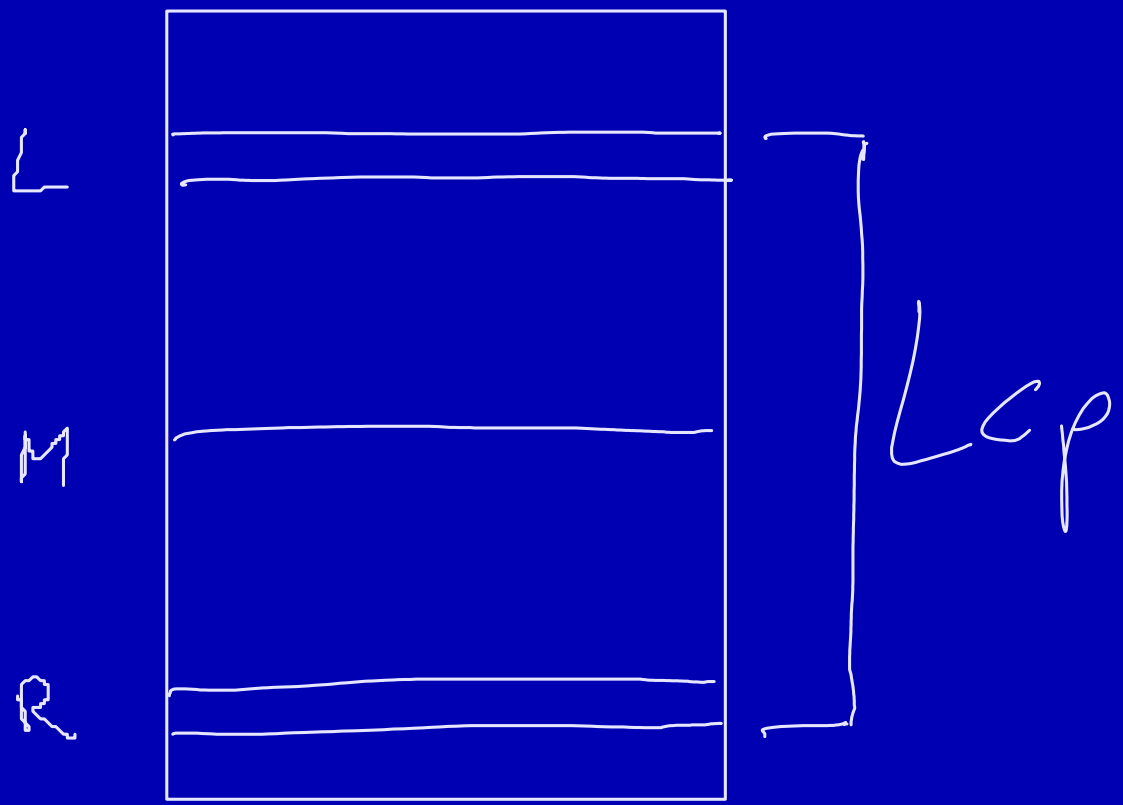
Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$

- Iterazione 1: $(L, R) = (1, m)$
- Iterazione 2: $(L, R) = (1, m/2)$ oppure $(m/2, m)$
- Iterazione k: $L = h\frac{m}{2^{k-1}}$, $R = (h+1)\frac{m}{2^{k-1}}$
- Iterazione $\lceil \log_2 m \rceil$: $R = L + 1$, $Lcp(h, h+1)$
- Iterazione $\lceil \log_2 m \rceil - 1$: aggrego i risultati dell'iterazione $\lceil \log_2 m \rceil$
- Iterazione k: $Lcp(h\frac{m}{2^{k-1}}, (h+1)\frac{m}{2^{k-1}})$

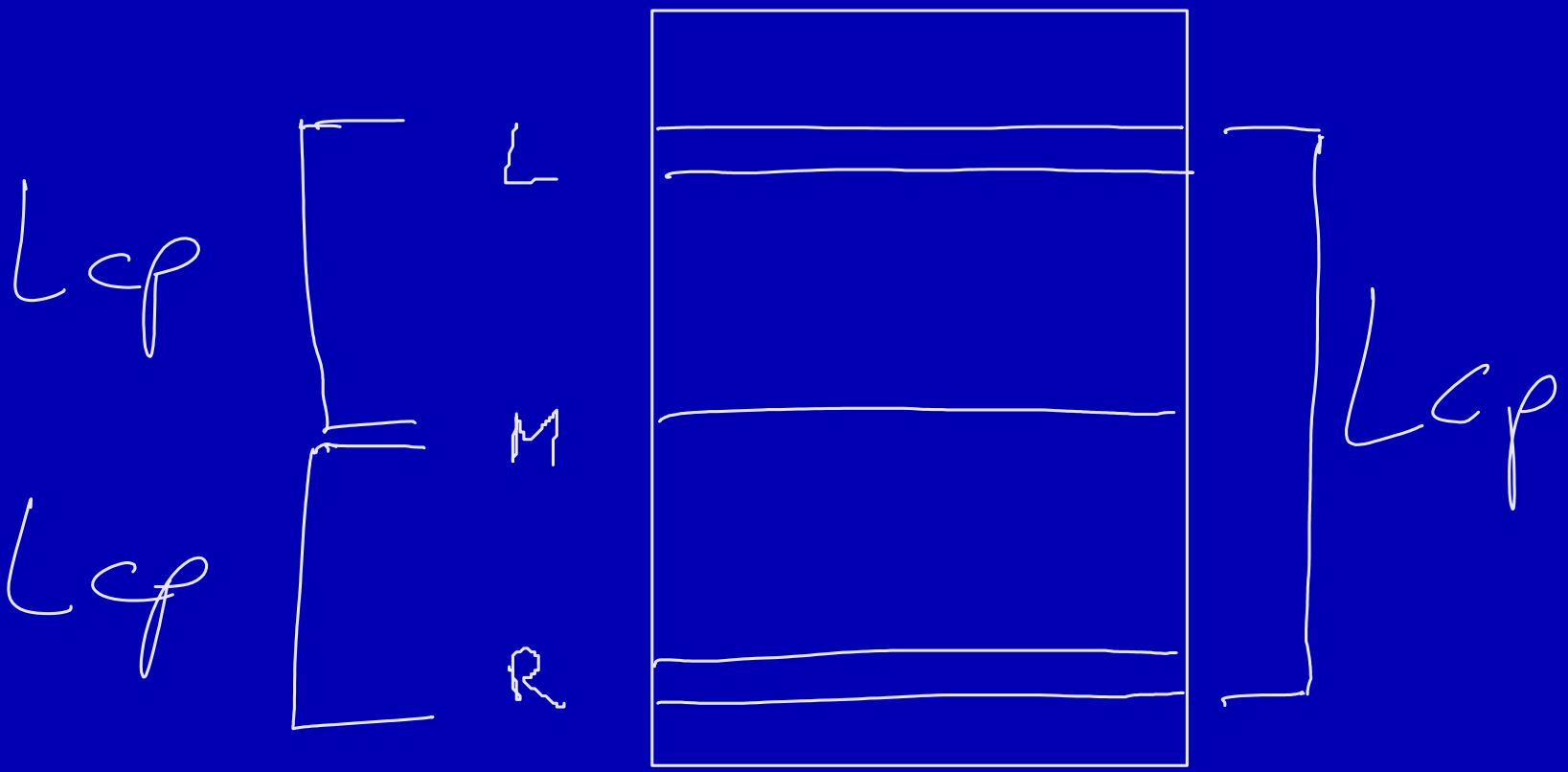
Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$

- Iterazione 1: $(L, R) = (1, m)$
- Iterazione 2: $(L, R) = (1, m/2)$ oppure $(m/2, m)$
- Iterazione k: $L = h\frac{m}{2^{k-1}}$, $R = (h+1)\frac{m}{2^{k-1}}$
- Iterazione $\lceil \log_2 m \rceil$: $R = L + 1$, $Lcp(h, h+1)$
- Iterazione $\lceil \log_2 m \rceil - 1$: aggrego i risultati dell'iterazione $\lceil \log_2 m \rceil$
- Iterazione k: $Lcp(h\frac{m}{2^{k-1}}, (h+1)\frac{m}{2^{k-1}})$
- $= \min\{Lcp(2h\frac{m}{2^k}, (2h+1)\frac{m}{2^k}),\ Lcp((2h+1)\frac{m}{2^k} + 1, (2h+2)\frac{m}{2^k}),$ $Lcp((2h+1)\frac{m}{2^k}), Lcp((2h+1)\frac{m}{2^k} + 1)\}$

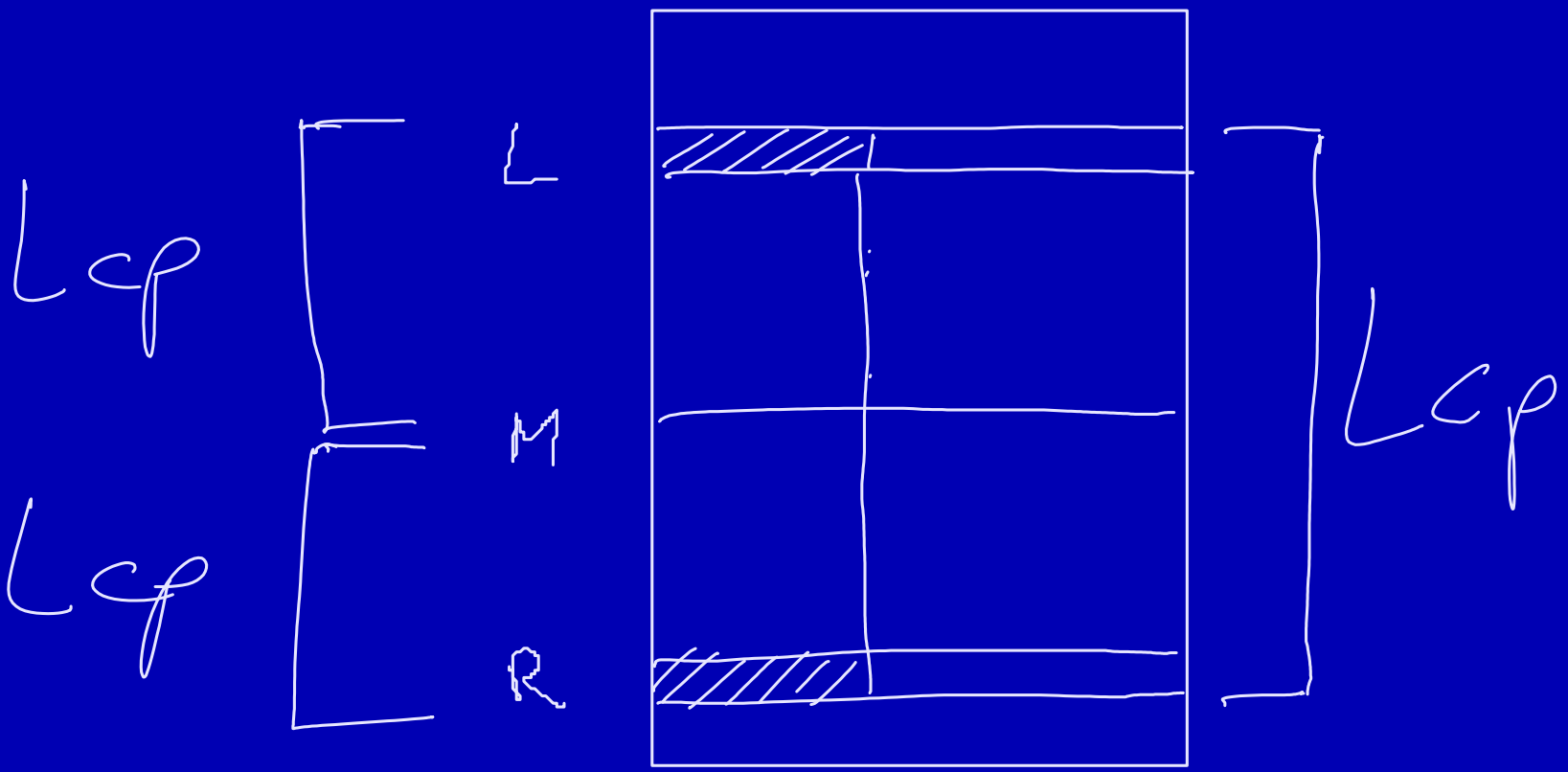
Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$



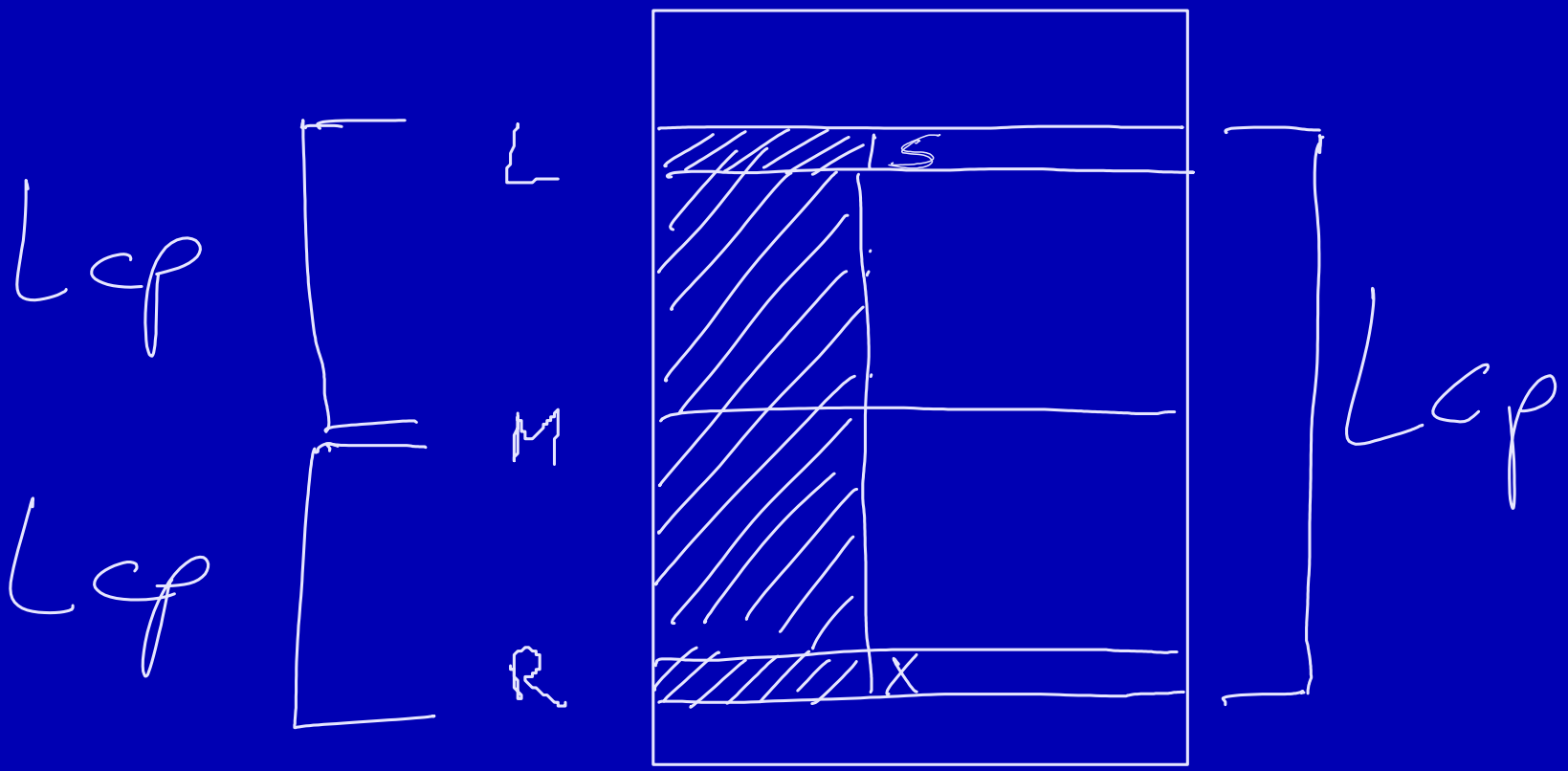
Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$



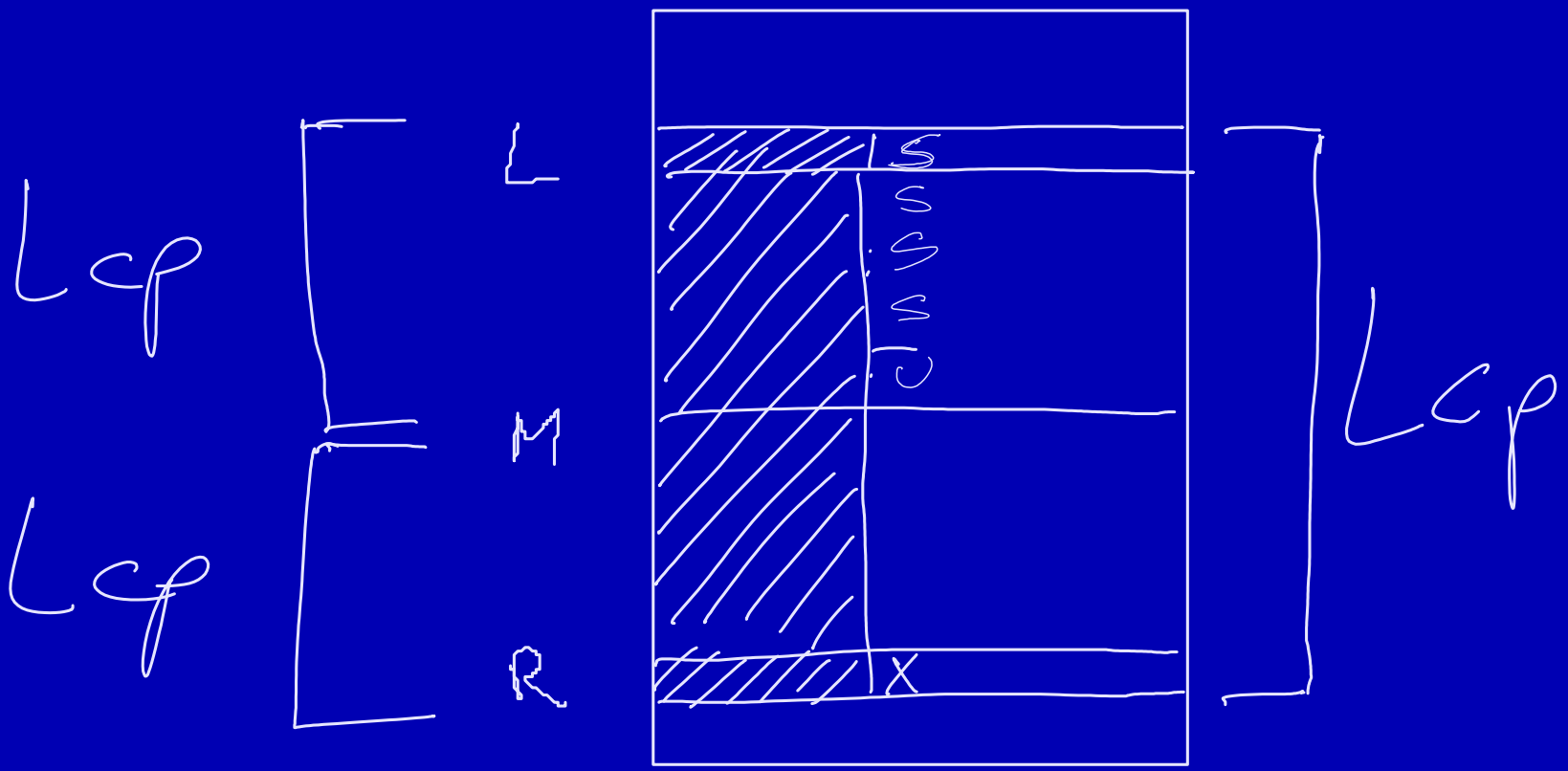
Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$



Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$



Acceleranti 2: calcolo Lcp in tempo $O(n)$



Passaggio da y a z deve esistere

Acceleranti 2: Osservazione

- Tempo per trovare un'occorrenza

Acceleranti 2: Osservazione

- Tempo per trovare un'occorrenza
- Tempo per trovare tutte le occorrenze?

Acceleranti 2: Osservazione

- Tempo per trovare un'occorrenza
- Tempo per trovare tutte le occorrenze?
- $O(n + m + k)$, per k occorrenze

Costruzione suffix array: nuovo alfabeto

- Alfabeto Σ con σ simboli, testo T lungo n

Costruzione suffix array: nuovo alfabeto

- Alfabeto Σ con σ simboli, testo T lungo n
- Aggrego triple di caratteri

Costruzione suffix array: nuovo alfabeto

- Alfabeto Σ con σ simboli, testo T lungo n
- Aggrego triple di caratteri
- Alfabeto Σ^3 con σ^3 simboli, testo lungo $n/3$

Costruzione suffix array: nuovo alfabeto

- Alfabeto Σ con σ simboli, testo T lungo n
- Aggrego triple di caratteri
- Alfabeto Σ^3 con σ^3 simboli, testo lungo $n/3$
- $T_1 = (T[1], T[2], T[3]) \cdots (T[3i+1], T[3i+2], T[3i+3]) \cdots$
  $T_2 = (T[2], T[3], T[4]) \cdots (T[3i+2], T[3i+3], T[3i+4]) \cdots$
  $T_0 = (T[3], T[4], T[5]) \cdots (T[3i], T[3i+1], T[3i+2]) \cdots$

Costruzione suffix array: nuovo alfabeto

- Alfabeto Σ con σ simboli, testo T lungo n
- Aggrego triple di caratteri
- Alfabeto Σ^3 con σ^3 simboli, testo lungo $n/3$
- $T_1 = (T[1], T[2], T[3]) \cdots (T[3i+1], T[3i+2], T[3i+3]) \cdots$
  $T_2 = (T[2], T[3], T[4]) \cdots (T[3i+2], T[3i+3], T[3i+4]) \cdots$
  $T_0 = (T[3], T[4], T[5]) \cdots (T[3i], T[3i+1], T[3i+2]) \cdots$
- suffissi$(T) \Leftrightarrow \bigcup_{i=0,1,2}$ suffissi(T_i)

Costruzione suffix array: ricorsione

1. Ricorsione su $T_0 T_1$

Costruzione suffix array: ricorsione

1. Ricorsione su $T_0 T_1$
2. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_0), suffissi(T_1)

Costruzione suffix array: ricorsione

1. Ricorsione su $T_0 T_1$
2. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_0), suffissi(T_1)
3. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_2)

Costruzione suffix array: ricorsione

1. Ricorsione su $T_0 T_1$
2. suffissi$(T_0 T_1) \Leftrightarrow$ suffissi(T_0), suffissi(T_1)
3. suffissi$(T_0 T_1) \Leftrightarrow$ suffissi(T_2)
4. $T_2[i:] \approx T[3i+2:]$

Costruzione suffix array: ricorsione

1. Ricorsione su $T_0 T_1$
2. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_0), suffissi(T_1)
3. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_2)
4. $T_2[i:] \approx T[3i+2:]$
5. $T[3i+2:] = T[3i+2]T[3i+3:] = T[3i+2]T_0[i+1:]$

Costruzione suffix array: ricorsione

1. Ricorsione su $T_0 T_1$
2. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_0), suffissi(T_1)
3. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_2)
4. $T_2[i:] \approx T[3i+2:]$
5. $T[3i+2:] = T[3i+2]T[3i+3:] = T[3i+2]T_0[i+1:]$
6. suffissi(T_0) ordinati

Costruzione suffix array: ricorsione

1. Ricorsione su $T_0 T_1$
2. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_0), suffissi(T_1)
3. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_2)
4. $T_2[i:] \approx T[3i+2:]$
5. $T[3i+2:] = T[3i+2]T[3i+3:] = T[3i+2]T_0[i+1:]$
6. suffissi(T_0) ordinati
7. Radix sort

Costruzione suffix array: ricorsione

1. Ricorsione su $T_0 T_1$
2. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_0), suffissi(T_1)
3. suffissi($T_0 T_1$) $\Leftrightarrow$ suffissi(T_2)
4. $T_2[i:] \approx T[3i+2:]$
5. $T[3i+2:] = T[3i+2]T[3i+3:] = T[3i+2]T_0[i+1:]$
6. suffissi(T_0) ordinati
7. Radix sort
8. Fusione suffissi($T_0 T_1$), suffissi(T_2)

Costruzione suffix array: fusione

Confronto suffisso di T_0 e T_2

1. $T_0[i:] <=> T_2[j:]$

Costruzione suffix array: fusione

Confronto suffisso di T_0 e T_2

1. $T_0[i:] <=> T_2[j:]$
2. $T[3i:] <=> T[3j+2:]$

Costruzione suffix array: fusione

Confronto suffisso di T_0 e T_2

1. $T_0[i:] <=> T_2[j:]$
2. $T[3i:] <=> T[3j+2:]$
3. $T[3i]T[3i+1:] <=> T[3j+2]T[3j+3:]$

Costruzione suffix array: fusione

Confronto suffisso di T_0 e T_2

1. $T_0[i:] <=> T_2[j:]$
2. $T[3i:] <=> T[3j+2:]$
3. $T[3i]T[3i+1:] <=> T[3j+2]T[3j+3:]$
4. $T[3i]T_1[i:] <=> T[3j+2]T_0[j+1:]$

Costruzione suffix array: fusione

Confronto suffisso di T_1 e T_2

1. $T_1[i:] <=> T_2[j:]$

Costruzione suffix array: fusione

Confronto suffisso di T_1 e T_2

1. $T_1[i:] <=> T_2[j:]$
2. $T[3i+1:] <=> T[3j+2:]$

Costruzione suffix array: fusione

Confronto suffisso di T_1 e T_2

1. $T_1[i:] <=> T_2[j:]$
2. $T[3i+1:] <=> T[3j+2:]$
3. $T[3i+1]T[3i+2:] <=> T[3j+2]T[3j+3:]$

Costruzione suffix array: fusione

Confronto suffisso di T_1 e T_2

1. $T_1[i:] <=> T_2[j:]$
2. $T[3i+1:] <=> T[3j+2:]$
3. $T[3i+1]T[3i+2:] <=> T[3j+2]T[3j+3:]$
4. $T[3i+1]T[3i+2]T[3i+3:] <=> T[3j+2]T[3j+3]T[3j+4:]$

Costruzione suffix array: fusione

Confronto suffisso di T_1 e T_2

1. $T_1[i:] <=> T_2[j:]$
2. $T[3i+1:] <=> T[3j+2:]$
3. $T[3i+1]T[3i+2:] <=> T[3j+2]T[3j+3:]$
4. $T[3i+1]T[3i+2]T[3i+3:] <=> T[3j+2]T[3j+3]T[3j+4:]$
5. $T[3i+1]T[3i+2]T_0[i+1:] <=> T[3j+2]T[3j+3]T_1[j+1:]$

KS

1 Juha Kärkkäinen, Peter Sanders and Stefan Burkhardt. Linear work suffix array construction. J. ACM, 53 (6), 2006, pp. 918-936.

KS

1. Juha Kärkkäinen, Peter Sanders and Stefan Burkhardt. Linear work suffix array construction. J. ACM, 53 (6), 2006, pp. 918-936.
2. Difference cover (DC) 3

KS

1. Juha Kärkkäinen, Peter Sanders and Stefan Burkhardt. Linear work suffix array construction. J. ACM, 53 (6), 2006, pp. 918-936.
2. Difference cover (DC) 3
3. Stefan Burkhardt and Juha Kärkkäinen. Fast lightweight suffix array construction and checking In Proc. 14th Symposium on Combinatorial Pattern Matching (CPM '03), LNCS 2676, Springer, 2003, pp. 55-69.
   `http://www.stefan-burkhardt.net/CODE/cpm_03.tar.gz`

KS

1. Juha Kärkkäinen, Peter Sanders and Stefan Burkhardt. Linear work suffix array construction. J. ACM, 53 (6), 2006, pp. 918-936.
2. Difference cover (DC) 3
3. Stefan Burkhardt and Juha Kärkkäinen. Fast lightweight suffix array construction and checking In Proc. 14th Symposium on Combinatorial Pattern Matching (CPM '03), LNCS 2676, Springer, 2003, pp. 55-69. `http://www.stefan-burkhardt.net/CODE/cpm_03.tar.gz`
4. Yuta Mori. SAIS `https://sites.google.com/site/yuta256/`

Sottostringa comune più lunga

k stringhe $\{s_1, \ldots, s_k\}$

Sottostringa comune più lunga

k stringhe $\{s_1, \ldots, s_k\}$

1. Suffix tree generalizzato

Sottostringa comune più lunga

k stringhe $\{s_1, \ldots, s_k\}$

1. Suffix tree generalizzato
2. Vettore $C_x[1:k]$ per ogni nodo x

Sottostringa comune più lunga

k stringhe $\{s_1, \ldots, s_k\}$

1. Suffix tree generalizzato
2. Vettore $C_x[1:k]$ per ogni nodo x
3. $C_x[i]$: sottoalbero con radice x ha una foglia di s_i

Sottostringa comune più lunga

k stringhe $\{s_1, \ldots, s_k\}$

1. Suffix tree generalizzato
2. Vettore $C_x[1:k]$ per ogni nodo x
3. $C_x[i]$: sottoalbero con radice x ha una foglia di s_i
4. $C_x = \bigvee C$ sui figli di C

Sottostringa comune più lunga

k stringhe $\{s_1, \ldots, s_k\}$

1. Suffix tree generalizzato
2. Vettore $C_x[1:k]$ per ogni nodo x
3. $C_x[i]$: sottoalbero con radice x ha una foglia di s_i
4. $C_x = \bigvee C$ sui figli di C
5. Nodo z, $C_z =$ tutti 1

Sottostringa comune più lunga

k stringhe $\{s_1, \ldots, s_k\}$

1. Suffix tree generalizzato
2. Vettore $C_x[1:k]$ per ogni nodo x
3. $C_x[i]$: sottoalbero con radice x ha una foglia di s_i
4. $C_x = \bigvee C$ sui figli di C
5. Nodo z, $C_z =$ tutti 1
6. Tempo $O(kn)$

Sottostringa comune più lunga

k stringhe $\{s_1, \ldots, s_k\}$

1. Suffix tree generalizzato
2. Vettore $C_x[1:k]$ per ogni nodo x
3. $C_x[i]$: sottoalbero con radice x ha una foglia di s_i
4. $C_x = \bigvee C$ sui figli di C
5. Nodo z, $C_z =$ tutti 1
6. Tempo $O(kn)$
7. n: summa lunghezze $|s_1| + \cdots + |s_k|$

Lowest common ancestor (lca)

Dati albero T e 2 foglie x, y

Lowest common ancestor (lca)

Dati albero T e 2 foglie x, y

- z è antenato comune di x, y se z è antenato di entrambi x e y

Lowest common ancestor (lca)

Dati albero T e 2 foglie x, y

- z è antenato comune di x, y se z è antenato di entrambi x e y
- z è lca di x, y se:

Lowest common ancestor (lca)

Dati albero T e 2 foglie x, y

- z è antenato comune di x, y se z è antenato di entrambi x e y
- z è lca di x, y se:
  1. z è antenato comune di x e y

Lowest common ancestor (lca)

Dati albero T e 2 foglie x, y

- z è antenato comune di x, y se z è antenato di entrambi x e y
- z è lca di x, y se:
  1. z è antenato comune di x e y
  2. nessun discendente di z è antenato comune di x e y

Lowest common ancestor (lca)

Dati albero T e 2 foglie x, y

- z è antenato comune di x, y se z è antenato di entrambi x e y
- z è lca di x, y se:
  1. z è antenato comune di x e y
  2. nessun discendente di z è antenato comune di x e y

Proprietà

Lowest common ancestor (lca)

Dati albero T e 2 foglie x, y

- z è antenato comune di x, y se z è antenato di entrambi x e y
- z è lca di x, y se:
  1. z è antenato comune di x e y
  2. nessun discendente di z è antenato comune di x e y

Proprietà

- Preprocessing di T in tempo $O(n)$

Lowest common ancestor (lca)

Dati albero T e 2 foglie x, y

- z è antenato comune di x, y se z è antenato di entrambi x e y
- z è lca di x, y se:
  1. z è antenato comune di x e y
  2. nessun discendente di z è antenato comune di x e y

Proprietà

- Preprocessing di T in tempo $O(n)$
- Calcolo $\text{lca}(x, y)$ in tempo $O(1)$

Lowest common ancestor (lca)

Dati albero T e 2 foglie x, y

- z è antenato comune di x, y se z è antenato di entrambi x e y
- z è lca di x, y se:
  1. z è antenato comune di x e y
  2. nessun discendente di z è antenato comune di x e y

Proprietà

- Preprocessing di T in tempo $O(n)$
- Calcolo $\text{lca}(x, y)$ in tempo $O(1)$
- Algoritmo complesso, ma pratico

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Arricchimento ST

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Arricchimento ST

1. $N_x[i]$: numero foglie di s_i discendenti di x

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Arricchimento ST

1. $N_x[i]$: numero foglie di s_i discendenti di x
2. $N_x[i] = 0$ o 1 per ogni foglia

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Arricchimento ST

1. $N_x[i]$: numero foglie di s_i discendenti di x
2. $N_x[i] = 0$ o 1 per ogni foglia
3. $N_x[i] =$ somma dei figli

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Arricchimento ST

1. $N_x[i]$: numero foglie di s_i discendenti di x
2. $N_x[i] = 0$ o 1 per ogni foglia
3. $N_x[i] =$ somma dei figli
4. $D_x[i]$: numero di consecutive di foglie di s_i, ordinate secondo visita depth-first, discendenti di x

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Arricchimento ST

1. $N_x[i]$: numero foglie di s_i discendenti di x
2. $N_x[i] = 0$ o 1 per ogni foglia
3. $N_x[i] =$ somma dei figli
4. $D_x[i]$: numero di consecutive di foglie di s_i, ordinate secondo visita depth-first, discendenti di x
5. $N_x[i] = 0 \Rightarrow D_x[i] = 0$

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Arricchimento ST

1. $N_x[i]$: numero foglie di s_i discendenti di x
2. $N_x[i] = 0$ o 1 per ogni foglia
3. $N_x[i] =$ somma dei figli
4. $D_x[i]$: numero di consecutive di foglie di s_i, ordinate secondo visita depth-first, discendenti di x
5. $N_x[i] = 0 \Rightarrow D_x[i] = 0$
6. $N_x[i] = 1 \Rightarrow D_x[i] = 0$

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Arricchimento ST

1. $N_x[i]$: numero foglie di s_i discendenti di x
2. $N_x[i] = 0$ o 1 per ogni foglia
3. $N_x[i] =$ somma dei figli
4. $D_x[i]$: numero di consecutive di foglie di s_i, ordinate secondo visita depth-first, discendenti di x
5. $N_x[i] = 0 \Rightarrow D_x[i] = 0$
6. $N_x[i] = 1 \Rightarrow D_x[i] = 0$
7. $N_x[i] \geq 1 \Rightarrow D_x[i] = N_x[i] - 1$

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Arricchimento ST

1. $N_x[i]$: numero foglie di s_i discendenti di x
2. $N_x[i] = 0$ o 1 per ogni foglia
3. $N_x[i] =$ somma dei figli
4. $D_x[i]$: numero di consecutive di foglie di s_i, ordinate secondo visita depth-first, discendenti di x
5. $N_x[i] = 0 \Rightarrow D_x[i] = 0$
6. $N_x[i] = 1 \Rightarrow D_x[i] = 0$
7. $N_x[i] \geq 1 \Rightarrow D_x[i] = N_x[i] - 1$
8. $N_x[i] - D_x[i] = C_x[i]$

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Gestione ST

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Gestione ST

- Visita depth-first di ST

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Gestione ST

- Visita depth-first di ST
- L_i: lista ordinata delle foglie di s_i

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Gestione ST

- Visita depth-first di ST
- L_i: lista ordinata delle foglie di s_i
- Per ogni coppia x, y consecutiva in L_i

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Gestione ST

- Visita depth-first di ST
- L_i: lista ordinata delle foglie di s_i
- Per ogni coppia x, y consecutiva in L_i
  1. $z \leftarrow lca(x, y)$

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Gestione ST

- Visita depth-first di ST
- L_i: lista ordinata delle foglie di s_i
- Per ogni coppia x, y consecutiva in L_i
  1. $z \leftarrow lca(x, y)$
  2. $D_z[i] =$

Sottostringa comune più lunga di k stringhe

Gestione ST

- Visita depth-first di ST
- L_i: lista ordinata delle foglie di s_i
- Per ogni coppia x, y consecutiva in L_i
  1. $z \leftarrow lca(x, y)$
  2. $D_z[i] =$
  3. Aggiorna C_z

Allineamento di 2 sequenze

Allineamento

Allineamento di 2 sequenze

Allineamento

- Input: 2 sequenze s_1 e s_2

Allineamento di 2 sequenze

Allineamento

- Input: 2 sequenze s_1 e s_2
- Aggiunta di indel in s_1 e s_2

Allineamento di 2 sequenze

Allineamento

- Input: 2 sequenze s_1 e s_2
- Aggiunta di indel in s_1 e s_2
- sequenze estese = stessa lunghezza

Allineamento di 2 sequenze

Allineamento

- Input: 2 sequenze s_1 e s_2
- Aggiunta di indel in s_1 e s_2
- sequenze estese = stessa lunghezza
- NO colonne di indel

Allineamento: esempio

Input

ABRACADABRA

BANANA

Allineamento: esempio

Input

ABRACADABRA

BANANA

sequenze allineate 1

ABRACADABRA

-B-ANA---NA

Allineamento: esempio

Input

```
ABRACADABRA
BANANA
```

sequenze allineate 1

```
ABRACADABRA
-B-ANA---NA
```

sequenze allineate 2

```
ABR-AC-ADABRA
---B-ANA---NA
```

Allineamento: esempio

Input

```
ABRACADABRA
BANANA
```

sequenze allineate 1

```
ABRACADABRA
-B-ANA---NA
```

sequenze allineate 2

```
ABR-AC-ADABRA
---B-ANA---NA
```

sequenze allineate 3

```
ABRACADABRA
-BANA----NA
```

Allineamento: costo o valore?

Problema di ottimizzazione

Allineamento: costo o valore?

Problema di ottimizzazione

- Istanza: insieme infinito di casi

Allineamento: costo o valore?

Problema di ottimizzazione

- Istanza: insieme infinito di casi
- Soluzioni ammissibili: ammissibilità verificabile in tempo polinomiale

Allineamento: costo o valore?

Problema di ottimizzazione

- Istanza: insieme infinito di casi
- Soluzioni ammissibili: ammissibilità verificabile in tempo polinomiale
- Funzione obiettivo: Istanza $\mapsto \mathbb{R}^+$

Allineamento: costo o valore?

Problema di ottimizzazione

- Istanza: insieme infinito di casi
- Soluzioni ammissibili: ammissibilità verificabile in tempo polinomiale
- Funzione obiettivo: Istanza $\mapsto \mathbb{R}^+$
- Massimizzazione o minimizzazione

Allineamento: costo o valore?

Problema di ottimizzazione

- Istanza: insieme infinito di casi
- Soluzioni ammissibili: ammissibilità verificabile in tempo polinomiale
- Funzione obiettivo: Istanza $\mapsto \mathbb{R}^+$
- Massimizzazione o minimizzazione

costo o valore?

Allineamento: costo o valore?

Problema di ottimizzazione

- Istanza: insieme infinito di casi
- Soluzioni ammissibili: ammissibilità verificabile in tempo polinomiale
- Funzione obiettivo: Istanza $\mapsto \mathbb{R}^+$
- Massimizzazione o minimizzazione

costo o valore?

- Costo da minimizzare

Allineamento: costo o valore?

Problema di ottimizzazione

- Istanza: insieme infinito di casi
- Soluzioni ammissibili: ammissibilità verificabile in tempo polinomiale
- Funzione obiettivo: Istanza $\mapsto \mathbb{R}^+$
- Massimizzazione o minimizzazione

costo o valore?

- Costo da minimizzare
- Valore da massimizzare

Valore

Valore di un allineamento

Valore

Valore di un allineamento

- Somma dei valori delle singole colonne

Valore

Valore di un allineamento

- Somma dei valori delle singole colonne
- Valore di una colonna =

Valore

Valore di un allineamento

- Somma dei valori delle singole colonne
- Valore di una colonna =
- valore in ingresso

Valore

Valore di un allineamento

- Somma dei valori delle singole colonne
- Valore di una colonna =
- valore in ingresso

Istanza

Valore

Valore di un allineamento

- Somma dei valori delle singole colonne
- Valore di una colonna =
- valore in ingresso

Istanza

- due sequenze s_1 e s_2

Valore

Valore di un allineamento

- Somma dei valori delle singole colonne
- Valore di una colonna $=$
- valore in ingresso

Istanza

- due sequenze s_1 e s_2
- matrice di score $d : (\Sigma \cup \{-\}) \times (\Sigma \cup \{-\}) \mapsto \mathbb{R}^+$

Valore

Valore di un allineamento

- Somma dei valori delle singole colonne
- Valore di una colonna =
- valore in ingresso

Istanza

- due sequenze s_1 e s_2
- matrice di score $d : (\Sigma \cup \{-\}) \times (\Sigma \cup \{-\}) \mapsto \mathbb{R}^+$
- problema di massimizzazione = massima omologia

Needleman-Wunsch: Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \end{cases}$$

Needleman-Wunsch: Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \end{cases}$$

Condizione al contorno

Needleman-Wunsch: Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = 0$

Needleman-Wunsch: Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = 0$
- $M[i,0] = M[i-1,0] + d(s_1[i], -)$

Needleman-Wunsch: Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = 0$
- $M[i,0] = M[i-1,0] + d(s_1[i], -)$
- $M[0,j] = M[0,j-1 + d(-, s_2[j])$

Allineamento locale

Allineamento globale

Si allineano le sequenze intere

Allineamento locale

Allineamento globale

Si allineano le sequenze intere

Allineamento locale

Allineamento locale

Allineamento globale

Si allineano le sequenze intere

Allineamento locale

1. Input: s_1, s_2, matrice di score d

Allineamento locale

Allineamento globale

Si allineano le sequenze intere

Allineamento locale

1. Input: s_1, s_2, matrice di score d
2. Individuare sottostringhe t_1 di s_1 e t_2 di s_2 tale che

Allineamento locale

Allineamento globale

Si allineano le sequenze intere

Allineamento locale

1. Input: s_1, s_2, matrice di score d
2. Individuare sottostringhe t_1 di s_1 e t_2 di s_2 tale che
3. $All[t_1, t_2] \geq All[u_1, u_2]$ per ogni coppia di sottostringhe u_1, u_2 di s_1, s_2.

Allineamento locale

Allineamento globale

Si allineano le sequenze intere

Allineamento locale

1. Input: s_1, s_2, matrice di score d
2. Individuare sottostringhe t_1 di s_1 e t_2 di s_2 tale che
3. $All[t_1, t_2] \geq All[u_1, u_2]$ per ogni coppia di sottostringhe u_1, u_2 di s_1, s_2.
4. Algoritmo banale: calcolo tutte le sottostringhe di s_1, s_2 e ne calcolo allineamento globale

Allineamento locale

Allineamento globale

Si allineano le sequenze intere

Allineamento locale

1. Input: s_1, s_2, matrice di score d
2. Individuare sottostringhe t_1 di s_1 e t_2 di s_2 tale che
3. $All[t_1, t_2] \geq All[u_1, u_2]$ per ogni coppia di sottostringhe u_1, u_2 di s_1, s_2.
4. Algoritmo banale: calcolo tutte le sottostringhe di s_1, s_2 e ne calcolo allineamento globale
5. Tempo $O(n^3 m^3)$

Smith-Waterman

Osservazione 1

Smith-Waterman

Osservazione 1

1. Matrice $M[i, j]$ memorizza allineamento di tutte le coppie di prefissi di s_1, s_2

Smith-Waterman

Osservazione 1

1. Matrice $M[i, j]$ memorizza allineamento di tutte le coppie di prefissi di s_1, s_2
2. Allineamento massimo fra coppie di prefissi = valore massimo in M

Smith-Waterman

Osservazione 1

1. Matrice $M[i, j]$ memorizza allineamento di tutte le coppie di prefissi di s_1, s_2
2. Allineamento massimo fra coppie di prefissi = valore massimo in M

Osservazione 2

Smith-Waterman

Osservazione 1

1. Matrice $M[i, j]$ memorizza allineamento di tutte le coppie di prefissi di s_1, s_2
2. Allineamento massimo fra coppie di prefissi = valore massimo in M

Osservazione 2

1. $M[0, 0] = 0$

Smith-Waterman

Osservazione 1

1. Matrice $M[i, j]$ memorizza allineamento di tutte le coppie di prefissi di s_1, s_2
2. Allineamento massimo fra coppie di prefissi = valore massimo in M

Osservazione 2

1. $M[0, 0] = 0$
2. quindi non si prendono sottostringhe con allineamento negativo

Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j]$ = ottimo fra tutte le stringhe $s_1[k:i]$, $s_2[h:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \\ 0 \end{cases}$$

Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j]$ = ottimo fra tutte le stringhe $s_1[k:i]$, $s_2[h:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \\ 0 \end{cases}$$

Condizione al contorno

Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j]$ = ottimo fra tutte le stringhe $s_1[k:i]$, $s_2[h:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \\ 0 \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = M[i,0] = M[0,j] = 0$

Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j]$ = ottimo fra tutte le stringhe $s_1[k:i]$, $s_2[h:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \\ 0 \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = M[i,0] = M[0,j] = 0$
- punto finale = valore massimo

Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j]$ = ottimo fra tutte le stringhe $s_1[k:i]$, $s_2[h:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \\ 0 \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = M[i,0] = M[0,j] = 0$
- punto finale = valore massimo
- si risale nell'allineamento fino a uno 0.

Equazione di ricorrenza

Definizione

$M[i,j]$ = ottimo fra tutte le stringhe $s_1[k:i]$, $s_2[h:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ M[i,j-1] + d(-, s_2[j]) \\ M[i-1,j] + d(s_1[i], -) \\ 0 \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = M[i,0] = M[0,j] = 0$
- punto finale = valore massimo
- si risale nell'allineamento fino a uno 0.
- Tempo (nm)

Gap

Definizione

Gap

Definizione

1. Sequenza contigua di indel in un allineamento

Gap

Definizione

1. Sequenza contigua di indel in un allineamento

Esempio

`ABR-AC-ADABRA`: 2 gap
`---B-ANA---NA`: 3 gap

Gap

Definizione

1. Sequenza contigua di indel in un allineamento

Esempio

`ABR-AC-ADABRA`: 2 gap
`---B-ANA---NA`: 3 gap

Osservazione

Gap

Definizione

1. Sequenza contigua di indel in un allineamento

Esempio

`ABR-AC-ADABRA`: 2 gap
`---B-ANA---NA`: 3 gap

Osservazione

1. Un gap sposta il frame di lettura

Gap

Definizione

1. Sequenza contigua di indel in un allineamento

Esempio

`ABR-AC-ADABRA`: 2 gap
`---B-ANA---NA`: 3 gap

Osservazione

1. Un gap sposta il frame di lettura
2. 1 indel $\approx$ 2 indel

Allineamento con gap generici

- costo gap lungo l: $P(l)$

Allineamento con gap generici

- costo gap lungo l: $P(l)$
- Come descrivo l'allineamento ottimo?

Allineamento con gap generici

- costo gap lungo l: $P(l)$
- Come descrivo l'allineamento ottimo?
- Come è fatta l'ultima colonna?

Allineamento con gap generici

- costo gap lungo l: $P(l)$
- Come descrivo l'allineamento ottimo?
- Come è fatta l'ultima colonna?
- Come è fatto l'ultimo gap?

Gap generico

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ \max_{l>0} M[i, j-l] + P(l) \\ \max_{l>0} M[i-l, j] + P(l) \end{cases}$$

Gap generico

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) & \text{no gap} \\ \max_{l>0} M[i,j-l] + P(l) & \text{gap in } s_1 \\ \max_{l>0} M[i-l,j] + P(l) & \text{gap in } s_2 \end{cases}$$

Condizione al contorno

Gap generico

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ \max_{l>0} M[i, j-l] + P(l) \\ \max_{l>0} M[i-l, j] + P(l) \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = 0$

Gap generico

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ \max_{l>0} M[i,j-l] + P(l) \\ \max_{l>0} M[i-l,j] + P(l) \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = 0$
- $M[i,0] = P(i)$, $M[0,j] = P(j)$

Gap generico

Definizione

$M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i], s_2[:j]$

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ \max_{l>0} M[i, j-l] + P(l) \\ \max_{l>0} M[i-l, j] + P(l) \end{cases}$$

Condizione al contorno

- $M[0,0] = 0$
- $M[i,0] = P(i)$, $M[0,j] = P(j)$
- Tempo $O(nm(n+m))$

Allineamento con gap affine

- costo gap lungo l: $P_o + lP_e$

Allineamento con gap affine

- costo gap lungo l: $P_o + lP_e$
- P_o: costo apertura gap

Allineamento con gap affine

- costo gap lungo l: $P_o + lP_e$
- P_o: costo apertura gap
- P_e: costo estensione gap

Allineamento con gap affine

- costo gap lungo l: $P_o + lP_e$
- P_o: costo apertura gap
- P_e: costo estensione gap
- $P_e, P_o > 0$

Allineamento con gap affine

- costo gap lungo l: $P_o + lP_e$
- P_o: costo apertura gap
- P_e: costo estensione gap
- $P_e, P_o > 0$
- Come descrivo l'allineamento ottimo?

Allineamento con gap affine

- costo gap lungo l: $P_o + lP_e$
- P_o: costo apertura gap
- P_e: costo estensione gap
- $P_e, P_o > 0$
- Come descrivo l'allineamento ottimo?
- Come è fatta l'ultima colonna?

Allineamento con gap affine

- costo gap lungo l: $P_o + lP_e$
- P_o: costo apertura gap
- P_e: costo estensione gap
- $P_e, P_o > 0$
- Come descrivo l'allineamento ottimo?
- Come è fatta l'ultima colonna?
- Come è fatto l'ultimo gap?

Gap affine

Definizione

Gap affine

Definizione

- $M[i, j] =$ ottimo su $s_1[: i], s_2[: j]$

Gap affine

Definizione

- $M[i, j] =$ ottimo su $s_1[: i]$, $s_2[: j]$
- $E_1[i, j] =$ ottimo su $s_1[: i]$, $s_2[: j]$, con estensione di gap finale in s_1

Gap affine

Definizione

- $M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$
- $E_1[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$, con estensione di gap finale in s_1
- $E_2[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$, con estensione di gap finale in s_2

Gap affine

Definizione

- $M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$
- $E_1[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$, con estensione di gap finale in s_1
- $E_2[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$, con estensione di gap finale in s_2
- $N_1[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$, con apertura di gap alla fine di s_1

Gap affine

Definizione

- $M[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$
- $E_1[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$, con estensione di gap finale in s_1
- $E_2[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$, con estensione di gap finale in s_2
- $N_1[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$, con apertura di gap alla fine di s_1
- $N_2[i,j] =$ ottimo su $s_1[:i]$, $s_2[:j]$, con apertura di gap alla fine di s_1

Gap affine

$$M[i,j] = \max \begin{cases} M[i-1,j-1] + d(s_1[i], s_2[j]) \\ E_1[i,j], E_2[i,j] \\ N_1[i,j], N_2[i,j] \end{cases}$$

$$E_1[i,j] = \max \begin{cases} E_1[i,j-1] + P_e \\ N_1[i,j-1] + P_e \end{cases}$$

$$E_2[i,j] = \max \begin{cases} E_2[i-1,j] + P_e \\ N_2[i-1,j] + P_e \end{cases}$$

$$N_1[i,j] = M[i,j-1] + P_o + P_e, \quad N_2[i,j] = M[i-1,j] + P_o + P_e$$

Allineamento multiplo

k sequenze

Allineamento multiplo

k sequenze

- Input: insieme di sequenze $\{s_1, \ldots, s_k\}$

Allineamento multiplo

k sequenze

- Input: insieme di sequenze $\{s_1, \ldots, s_k\}$
- Aggiunta di indel nelle sequenze

Allineamento multiplo

k sequenze

- Input: insieme di sequenze $\{s_1, \ldots, s_k\}$
- Aggiunta di indel nelle sequenze
- sequenze estese = tutte stessa lunghezza

Allineamento multiplo

k sequenze

- Input: insieme di sequenze $\{s_1, \ldots, s_k\}$
- Aggiunta di indel nelle sequenze
- sequenze estese = tutte stessa lunghezza
- NO colonne di indel

Valore di una colonna

SP: sum of pairs

Valore di una colonna

SP: sum of pairs

- $\{s_1, \ldots, s_k\} \mapsto \{s_1^*, \ldots, s_k^*\}$ allineate

Valore di una colonna

SP: sum of pairs

- $\{s_1, \ldots, s_k\} \mapsto \{s_1^*, \ldots, s_k^*\}$ allineate
- Valore $\{s_1^*[h], \ldots, s_k^*[h]\}$

Valore di una colonna

SP: sum of pairs

- $\{s_1, \ldots, s_k\} \mapsto \{s_1^*, \ldots, s_k^*\}$ allineate
- Valore $\{s_1^*[h], \ldots, s_k^*[h]\}$
- $\sum_{i<j} d(s_1^*[i], s_k^*[j])$

Valore di una colonna

SP: sum of pairs

- $\{s_1, \ldots, s_k\} \mapsto \{s_1^*, \ldots, s_k^*\}$ allineate
- Valore $\{s_1^*[h], \ldots, s_k^*[h]\}$
- $\sum_{i<j} d(s_1^*[i], s_k^*[j])$

Complessità

Valore di una colonna

SP: sum of pairs

- $\{s_1, \ldots, s_k\} \mapsto \{s_1^*, \ldots, s_k^*\}$ allineate
- Valore $\{s_1^*[h], \ldots, s_k^*[h]\}$
- $\sum_{i<j} d(s_1^*[i], s_k^*[j])$

Complessità

- se k è arbitrario $\Rightarrow$ NP-completo

Valore di una colonna

SP: sum of pairs

- $\{s_1, \ldots, s_k\} \mapsto \{s_1^*, \ldots, s_k^*\}$ allineate
- Valore $\{s_1^*[h], \ldots, s_k^*[h]\}$
- $\sum_{i<j} d(s_1^*[i], s_k^*[j])$

Complessità

- se k è arbitrario $\Rightarrow$ NP-completo
- se k è fissato $\Rightarrow$ tempo $O(n^k)$

Matrici di sostituzione

1. Utilizzate per valutare un allineamento

Matrici di sostituzione

1. Utilizzate per valutare un allineamento
2. Implicitamente probabilità di transizione

Matrici di sostituzione

1. Utilizzate per valutare un allineamento
2. Implicitamente probabilità di transizione
3. Mutazioni ricorrenti

Matrici di sostituzione

1. Utilizzate per valutare un allineamento
2. Implicitamente probabilità di transizione
3. Mutazioni ricorrenti
4. Allineamenti di proteine

PAM: unità di misura

1. PAM: point/percent accepted mutation

PAM: unità di misura

1. PAM: point/percent accepted mutation
2. due sequenze s_1 e s_2: quanto sono distanti?

PAM: unità di misura

1. PAM: point/percent accepted mutation
2. due sequenze s_1 e s_2: quanto sono distanti?
3. distanza 1PAM $\Rightarrow$ numero mutazioni $= \frac{1}{100}|s_1|$

PAM: unità di misura

1. PAM: point/percent accepted mutation
2. due sequenze s_1 e s_2: quanto sono distanti?
3. distanza 1PAM $\Rightarrow$ numero mutazioni $= \frac{1}{100}|s_1|$
4. semplice in assenza di indel

PAM: unità di misura

1. PAM: point/percent accepted mutation
2. due sequenze s_1 e s_2: quanto sono distanti?
3. distanza 1PAM $\Rightarrow$ numero mutazioni $= \frac{1}{100}|s_1|$
4. semplice in assenza di indel
5. Mutazioni ricorrenti $\Rightarrow$ misura affidabile solo per piccoli valori

PAM: unità di misura

1. PAM: point/percent accepted mutation
2. due sequenze s_1 e s_2: quanto sono distanti?
3. distanza 1PAM $\Rightarrow$ numero mutazioni $= \frac{1}{100}|s_1|$
4. semplice in assenza di indel
5. Mutazioni ricorrenti $\Rightarrow$ misura affidabile solo per piccoli valori
6. s_1 e s_2 distanti 100 PAM $\Rightarrow$ una singola base ha 36% di probabilità di non essere mutata

Matrici PAM

1. dipende dalla distanza attesa

Matrici PAM

1. dipende dalla distanza attesa
2. PAM250, PAM200, PAM1

Matrici PAM

1. dipende dalla distanza attesa
2. PAM250, PAM200, PAM1

Calcolo PAMk

Matrici PAM

1. dipende dalla distanza attesa
2. PAM250, PAM200, PAM1

Calcolo PAMk

1. Costruzione PAMk

Matrici PAM

1. dipende dalla distanza attesa
2. PAM250, PAM200, PAM1

Calcolo PAMk

1. Costruzione PAMk
2. Si prendono varie sequenze distanti kPAM

Matrici PAM

1. dipende dalla distanza attesa
2. PAM250, PAM200, PAM1

Calcolo PAMk

1. Costruzione PAMk
2. Si prendono varie sequenze distanti kPAM
3. si allineano le sequenze

Matrici PAM

1. dipende dalla distanza attesa
2. PAM250, PAM200, PAM1

Calcolo PAMk

1. Costruzione PAMk
2. Si prendono varie sequenze distanti kPAM
3. si allineano le sequenze
4. si calcolano le frequenze $f(i)$, $f(i,j)$ di tutti i singoli caratteri e le coppie di caratteri

Matrici PAM

1. dipende dalla distanza attesa
2. PAM250, PAM200, PAM1

Calcolo PAMk

1. Costruzione PAMk
2. Si prendono varie sequenze distanti kPAM
3. si allineano le sequenze
4. si calcolano le frequenze $f(i)$, $f(i,j)$ di tutti i singoli caratteri e le coppie di caratteri
5. $\text{PAM}k(i,j) = \log \frac{f(i,j)}{f(i)f(j)}$

Log odds ratio

Odds ratio

Log odds ratio

Odds ratio

1. $\frac{p}{1-p}$, p è la probabilità dell'evento interessante (target)

Log odds ratio

Odds ratio

1. $\frac{p}{1-p}$, p è la probabilità dell'evento interessante (target)
2. $\frac{f(i,j)}{f(i)f(j)}$

Log odds ratio

Odds ratio

1. $\frac{p}{1-p}$, p è la probabilità dell'evento interessante (target)
2. $\frac{f(i,j)}{f(i)f(j)}$
3. $f(i,j)$: frequenza della mutazione misurata

Log odds ratio

Odds ratio

1. $\frac{p}{1-p}$, p è la probabilità dell'evento interessante (target)
2. $\frac{f(i,j)}{f(i)f(j)}$
3. $f(i,j)$: frequenza della mutazione misurata
4. $f(i)f(j)$: ipotesi nulla (caratteri indipendenti)

Matrici PAM

Calcolo PAMk nella realtà

Matrici PAM

Calcolo PAMk nella realtà

- Problema: come allineare se non si conosce la matrice

Matrici PAM

Calcolo PAMk nella realtà

- Problema: come allineare se non si conosce la matrice
- Allineate sequenze molto simili

Matrici PAM

Calcolo PAMk nella realtà

- Problema: come allineare se non si conosce la matrice
- Allineate sequenze molto simili
- no indel

Matrici PAM

Calcolo PAMk nella realtà

- Problema: come allineare se non si conosce la matrice
- Allineate sequenze molto simili
- no indel
- $M_k(i,j) = \log \frac{f(i)M_1^k(i,j)}{f(i)f(j)} = \log \frac{M_1^k(i,j)}{f(j)}$

Matrici PAM

Calcolo PAMk nella realtà

- Problema: come allineare se non si conosce la matrice
- Allineate sequenze molto simili
- no indel
- $M_k(i,j) = \log \frac{f(i)M_1^k(i,j)}{f(i)f(j)} = \log \frac{M_1^k(i,j)}{f(j)}$
- valori moltiplicati per 10

Matrici PAM

Calcolo PAMk nella realtà

- Problema: come allineare se non si conosce la matrice
- Allineate sequenze molto simili
- no indel
- $M_k(i,j) = \log \frac{f(i)M_1^k(i,j)}{f(i)f(j)} = \log \frac{M_1^k(i,j)}{f(j)}$
- valori moltiplicati per 10
- arrotondati all'intero più vicino

Matrici PAM

Calcolo PAMk nella realtà

- Problema: come allineare se non si conosce la matrice
- Allineate sequenze molto simili
- no indel
- $M_k(i,j) = \log \frac{f(i)M_1^k(i,j)}{f(i)f(j)} = \log \frac{M_1^k(i,j)}{f(j)}$
- valori moltiplicati per 10
- arrotondati all'intero più vicino
- si somma un intero a tutti i valori

Matrici BLOSUM

Confronto con PAM

Matrici BLOSUM

Confronto con PAM

- PAM allinea sequenze vicine

Matrici BLOSUM

Confronto con PAM

- PAM allinea sequenze vicine
- ma viene usata per allineare sequenze lontane

Matrici BLOSUM

Confronto con PAM

- PAM allinea sequenze vicine
- ma viene usata per allineare sequenze lontane
- regioni conservate e non conservate hanno stessa importanza

Matrici BLOSUM

Confronto con PAM

- PAM allinea sequenze vicine
- ma viene usata per allineare sequenze lontane
- regioni conservate e non conservate hanno stessa importanza

BLOCKS

Matrici BLOSUM

Confronto con PAM

- PAM allinea sequenze vicine
- ma viene usata per allineare sequenze lontane
- regioni conservate e non conservate hanno stessa importanza

BLOCKS

- blocchi di regioni conservate

Matrici BLOSUM

Confronto con PAM

- PAM allinea sequenze vicine
- ma viene usata per allineare sequenze lontane
- regioni conservate e non conservate hanno stessa importanza

BLOCKS

- blocchi di regioni conservate
- scelte “a mano”

Matrici BLOSUM

Confronto con PAM

- PAM allinea sequenze vicine
- ma viene usata per allineare sequenze lontane
- regioni conservate e non conservate hanno stessa importanza

BLOCKS

- blocchi di regioni conservate
- scelte “a mano”
- $B(i,j) = \log \frac{f(i,j)}{f(i)f(j)}$

Matrici BLOSUM

BLOSUMx

Matrici BLOSUM

BLOSUMx

- le sequenze che sono simili più di x% vengono clusterizzate

Matrici BLOSUM

BLOSUMx

- le sequenze che sono simili più di x% vengono clusterizzate
- cluster = rimuovere tutte tranne una

Matrici BLOSUM

BLOSUMx

- le sequenze che sono simili più di x% vengono clusterizzate
- cluster = rimuovere tutte tranne una
- scopo: evitare di sovrapesare parti sovrarappresentate nel campione

Matrici BLOSUM

BLOSUMx

- le sequenze che sono simili più di x% vengono clusterizzate
- cluster = rimuovere tutte tranne una
- scopo: evitare di sovrapesare parti sovrarappresentate nel campione
- BLOSUM62: più usata per gli allineamenti

Statistiche Karlin-Altschul

Ricerca in un database

Statistiche Karlin-Altschul

Ricerca in un database

- Punteggio positivo possibile

Statistiche Karlin-Altschul

Ricerca in un database

- Punteggio positivo possibile
- Punteggio medio negativo

Statistiche Karlin-Altschul

Ricerca in un database

- Punteggio positivo possibile
- Punteggio medio negativo
- Simboli indipendenti e equiprobabili

Statistiche Karlin-Altschul

Ricerca in un database

- Punteggio positivo possibile
- Punteggio medio negativo
- Simboli indipendenti e equiprobabili
- Sequenze infinitamente lunghe

Statistiche Karlin-Altschul

Ricerca in un database

- Punteggio positivo possibile
- Punteggio medio negativo
- Simboli indipendenti e equiprobabili
- Sequenze infinitamente lunghe
- Allineamenti senza gap

Equazione Karlin-Altschul

$$E = kmne^{-\lambda S}$$

- E: numero allineamenti

Equazione Karlin-Altschul

$$E = kmne^{-\lambda S}$$

- E: numero allineamenti
- k: costante

Equazione Karlin-Altschul

$$E = kmne^{-\lambda S}$$

- E: numero allineamenti
- k: costante
- n: numero caratteri in database

Equazione Karlin-Altschul

$$E = kmne^{-\lambda S}$$

- E: numero allineamenti
- k: costante
- n: numero caratteri in database
- m: lunghezza stringa query

Equazione Karlin-Altschul

$$E = kmne^{-\lambda S}$$

- E: numero allineamenti
- k: costante
- n: numero caratteri in database
- m: lunghezza stringa query
- λS: punteggio normalizzato

BLAST

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST

Basic Local Alignment Search Tool

- Ricerca seed

BLAST

Basic Local Alignment Search Tool

- Ricerca seed
- seed = pattern matching con sottostringa di lunghezza 3

BLAST

Basic Local Alignment Search Tool

- Ricerca seed
- seed = pattern matching con sottostringa di lunghezza 3
- Costruzione high-scoring segment pair (HSP) = estensione seed

BLAST

Basic Local Alignment Search Tool

- Ricerca seed
- seed = pattern matching con sottostringa di lunghezza 3
- Costruzione high-scoring segment pair (HSP) = estensione seed
- Filtro seed tenuti solo HSP con alta significatività

BLAST

Basic Local Alignment Search Tool

- Ricerca seed
- seed = pattern matching con sottostringa di lunghezza 3
- Costruzione high-scoring segment pair (HSP) = estensione seed
- Filtro seed tenuti solo HSP con alta significatività
- Fusione HSP vicine

BLAST

Basic Local Alignment Search Tool

- Ricerca seed
- seed = pattern matching con sottostringa di lunghezza 3
- Costruzione high-scoring segment pair (HSP) = estensione seed
- Filtro seed tenuti solo HSP con alta significatività
- Fusione HSP vicine
- Smith-Waterman sulle regioni

Filogenesi perfetta.

Filogenesi. Neighbor-Joining.

Sequenziamento e grafi di de Brujin

Licenza d'uso