



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO - BICOCCA

Scuola di Scienze

Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione

Corso di Laurea Magistrale in Informatica

Algoritmi per la trasformata di Burrows-Wheeler Posizionale con compressione run-length

Relatore: *Prof.ssa Raffaella Rizzi*

Correlatore:

Tesi di Laurea Magistrale di:

Davide Cozzi

Matricola 829827

Anno Accademico 2021-2022

*E pensare che
mi iscrissi ad informatica
per fare il sistemista!*

Abstract

Negli ultimi anni, a partire dall'articolo di Durbin del 2014, la **Trasformata di Burrows-Wheeler Posizionale (*PBWT*)** è stata al centro delle ricerche riguardanti il disegno di algoritmi efficienti per il pattern matching su grandi collezioni di aplotipi. Come indicato da Durbin stesso, una **rappresentazione run-length encoded della *PBWT*** risulta essere molto efficiente dal punto di vista della memorizzazione della stessa.

In questa tesi, svolta in collaborazione con il laboratorio di ricerca **BIAS** del **Dipartimento di Informatica Sistemistica e Comunicazione (*DISCo*)**, con professori e ricercatori dell'**University of Florida (*UFL*)** e della **Dalhousie University**, si è quindi implementata una variante della **RLPBWT**, ispirata ai risultati già ottenuti con la **variante run-length encoded della BWT** tradizionale, che permettesse di risolvere il problema del matching tra un aplotipo esterno e un pannello di aplotipi.

A tal fine si sono selezionate le informazioni minimali da memorizzare per ogni run, utilizzando strutture dati succinte (come gli sparse bit-vectors) al fine di ottimizzare la complessità spaziale della struttura dati, e costruendo un efficiente algoritmo per effettuare query alla struttura stessa.

Indice

1	Introduzione	4
2	Preliminari	5
2.1	Motivazioni Biologiche	5
2.2	Bitvector	5
2.2.1	Funzione rank	6
2.2.2	Funzione select	6
2.3	Straight-Line Program	7
2.3.1	Longest Common Extension	9
2.4	Suffix Array	10
2.5	Trasformata di Burrows-Wheeler	12
2.5.1	Trasformata di Burrows-Wheeler run-length	13
2.5.2	Matching Statistics	13
2.5.3	R-index	13
2.5.4	PHONI	13
2.6	Trasformata di Burrows-Wheeler posizionale	13
2.6.1	Match con aplotipo esterno	17
2.6.2	Varianti della PBWT	18
3	Metodo	20
3.1	Introduzione agli strumenti usati	20
3.1.1	MaCS	21
3.1.2	SDSL	23
3.1.3	BigRePair e ShapedSlp	23
3.1.4	Snakemake	25
3.2	Introduzione alle varianti della RLPBWT	25
3.2.1	Perché un'implementazione run-length	26
3.3	RLPBWT naive	27
3.3.1	Algoritmo per match massimali	27
3.4	RLPBWT con bitvectors	27
3.5	Mapping nella RLPBWT	27

3.6	Algoritmo per match massimali	27
3.7	RLPBWT con pannello denso	27
3.7.1	Algoritmo con matching statistics	27
3.8	RLPBWT con SLP	27
3.8.1	Algoritmo con matching statistics	27
3.9	Funzione Phi	27
3.9.1	Costruzione della struttura di supporto	27
3.9.2	Estensione dei match	27
4	Risultati	28
4.1	Ambiente di benchmark	28
4.1.1	Descrizione input	28
4.2	Analisi della complessità	28
4.2.1	Analisi temporale	28
4.2.2	Analisi spaziale	28
5	Conclusioni	29
5.1	Sviluppi futuri	29
5.1.1	K-mems	29
5.1.2	RLPBWT multi-allelica	29
5.1.3	RLPBWT con dati mancanti	29
	Bibliografia e sitografia	29
A	Tabelle	32
B	Pseudocodici	34
C	Esempi di File	44

Capitolo 1

Introduzione

Capitolo 2

Preliminari

In questo capitolo verranno specificate tutti i concetti fondamentali atti a comprendere i metodi usati in questa tesi che le motivazioni della stessa. In primis, verranno introdotte le *motivazioni biologiche*, al fine di dare uno scopo pratico agli algoritmi e alle strutture dati introdotte, per procedere poi con un breve excursus dei fondamenti teorici presenti allo stato dell'arte.

Dal punto di vista tecnico verranno quindi introdotti i *bit vector* e gli *straight-line programs*, fondamentali sia per la *run-length encoded Burrows-Wheeler Transform*, introdotta qui insieme alla versione classica della trasformata, che per la mia variante relativa alla *Position Burrows-Wheeler Transform*, che verrà anch'essa trattata nel capitolo.

2.1 Motivazioni Biologiche

2.2 Bitvector

TUTTE LE TABELLE VANNO VERIFICATE!!!

Nell'ambito delle *strutture dati succinte*, una delle strutture dati principali, ormai sviluppatasi in molteplici varianti, è quella denominata **bit vector**.

Definizione 1. Si definisce un **bit vector** B come un array di lunghezza n , popolato da elementi binari. Formalmente si ha quindi:

$$B[i] = \{0, 1\}, \forall i \text{ t.c. } 0 \leq i < n$$

In alternativa si potrebbe avere come formalismo:

$$B[i] = \{\perp, \top\}, \forall i \text{ t.c. } 0 \leq i < n$$

Nel corso degli ultimi anni si sono sviluppate diverse varianti dei *bit vector*, finalizzate ad offrire diversi costi di complessità spaziale e diversi tempi computazionali per le principali funzioni offerte.

Il primo vantaggio di questa struttura dati, nelle varianti che si andranno poi a nominare, è quella di garantire *random access* in tempo costante pur sfruttando varie tecniche per la memorizzazione efficiente della stessa in memoria. Lo spazio necessario per l'implementazione, presente in *SDSL* [1], delle principali varianti è visualizzabile in tabella A.1. Il secondo vantaggio consiste nel fatto che i *bit vector* permettono l'implementazione efficiente di due funzioni:

1. la **funzione rank**
2. la **funzione select**

Tali funzioni, al costo di $\mathcal{O}(n)$ bit aggiuntivi, possono essere supportate in tempo costante. Questo è però un discorso prettamente teorico, infatti si vedrà come, nelle implementazioni in *SDSL*, le complessità temporali delle due funzioni non siano mai entrambe costanti.

2.2.1 Funzione rank

La prima funzione che si approfondisce è la **funzione rank**. Tale funzione permette di calcolare il *rank* di un dato elemento del bit vector B , $|B| = n$. In altri termini, data una certa posizione i del *bit vector*, la funzione restituisce il numero di 1 presenti fino a quella data posizione, esclusa. Più formalmente si ha:

$$\text{rank}_B(i) = \sum_{k=0}^{k<i} B[k], \quad \forall i \text{ t.c. } 0 \leq i < n$$

Come detto, da un punto di vista teorico, al costo di $\mathcal{O}(n)$ bit aggiuntivi in memoria tale funzione sarebbe supportata in tempo $\mathcal{O}(1)$. Questo però non risulta vero nelle principali implementazioni. La complessità temporale varia infatti a seconda dell'implementazione, anche in conseguenza al fatto che si ha una quantità diversa di bit aggiuntivi salvati in memoria. La tabella con le complessità temporali stimate della *funzione rank*, per le varianti di *bit vector* implementate in *SDSL*, è visualizzabile in tabella A.2.

2.2.2 Funzione select

La seconda funzione fondamentale è la **funzione select**. Tale funzione permette, dato un valore intero i , di calcolare l'indice dell' i -esimo valore pari a 1 nel *bit vector* B , tale che $|B| = n$. Più formalmente si ha che:

$$\text{select}_B(i) = \min\{j < n \mid \text{rank}_B(j+1) = 1\}, \quad \forall i \text{ t.c. } 0 < i \leq \text{rank}_B(n)$$

Anche in questo caso vale lo stesso discorso fatto per la *funzione rank* in merito alla complessità temporale e ai bit aggiuntivi. La tabella con le complessità temporali stimate della *funzione select*, per le varianti di *bit vector* implementate in *SDSL*, è visualizzabile in tabella A.3.

Si può quindi vedere un semplice esempio esplicativo.

Esempio 1. *Ipotizziamo di avere il seguente bit vector B , di lunghezza $n = 14$:*

0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0

Si ha che, per esempio:

$$\text{rank}(6) = 3$$

$$\text{select}(5) = 9$$

Da un punto di vista pratico si vedrà nel corso di questa tesi come l'uso di tali strutture, nel dettaglio l'uso dei *bit vector plain* e dei *bit vector sparsi*, sia fondamentale sia nella costruzione delle *strutture run-length encoded* che nelle interrogazioni alle stesse.

2.3 Straight-Line Program

Nel contesto *bioinformatico* una delle principali problematiche è la gestione di testi molto estesi. Pensiamo, ad esempio, al caso umano. Il primo cromosoma, il più lungo tra i cromosomi umani, conta circa 247.249.719 *bps* (paia di basi), nonostante, è bene segnalare, l'uomo non sia affatto l'essere vivente con il genoma più esteso. Fatta questa breve premessa è facile comprendere l'importanza degli algoritmi e delle strutture dati atte alla compressione di testi.

Per questa tesi si è provveduto all'uso di uno di tali algoritmi di compressione, ovvero i **Straight-line programs (SLPs)**. Parlando in termini generici un *SLP* è una **grammatica context-free** che genera una e una sola parola [2]. Si parla, a causa di ciò, di **grammar-based compression**.

Definizione 2. *Sia dato un alfabeto finito Σ per i simboli terminali. Sia data una stringa $s = a_1, a_2, \dots, a_n \in \Sigma^*$, lunga n e costruita sull'alfabeto Σ . Si ha quindi che $a_i \in \Sigma$, $\forall i$ t.c. $1 \leq i \leq n$, denotando con $\text{alph}(s) = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$ l'insieme dei simboli della stringa s .*

*Un **SLP** sull'alfabeto Σ è una grammatica context-free \mathcal{A} :*

$$\mathcal{A} = (\mathcal{V}, \Sigma, \mathcal{S}, \mathcal{P})$$

dove:

- \mathcal{V} è l'insieme dei simboli non terminali
- Σ è l'insieme dei simboli terminali
- $\mathcal{S} \in \mathcal{V}$ è il simbolo iniziale non terminale
- \mathcal{P} è l'insieme delle produzioni, avendo che:

$$\mathcal{P} \subseteq \mathcal{V} \times (\mathcal{V} \cup \Sigma)^*$$

Tale grammatica, per essere un SLP, deve soddisfare due proprietà:

1. si ha una e una sola produzione $(A, \alpha) \in \mathcal{P}$, $\forall A \in \mathcal{V}$ con $\alpha \in (\mathcal{V} \cup \Sigma)^*$ (si noti che la produzione (A, α) può anche essere indicata con $A \rightarrow \alpha$)
2. la relazione $\{(A, B) \mid (A, \alpha) \in \mathcal{P}, B \in \text{alph}(\alpha)\}$ è aciclica

Si ha quindi che la grandezza dell'SLP è calcolabile come:

$$|\mathcal{A}| = \sum_{(A, \alpha) \in \mathcal{P}} |\alpha|$$

Si ha quindi che il linguaggio generato da un SLP, \mathcal{A} , consiste in una singola parola, denotata da $\text{eval}\mathcal{A}$.

A partire dall'SLP \mathcal{A} si genera quindi un **albero di derivazione**, che nel dettaglio è un *albero radicato e ordinato*, dove la *radice* è etichettata con \mathcal{S} , ogni *nodo interno* è etichettato con un simbolo di $\mathcal{V} \cup \Sigma$ e ogni foglia è etichettata con un simbolo di Σ .

Si vede quindi un esempio chiarificatore [3].

Esempio 2. Si prenda la seguente stringa:

$$s = \text{GATTAGATACAT\$GATTACATAGAT}$$

Si potrebbe produrre il seguente SLP:

$$S \rightarrow \text{ZWAY\$ZYAW}$$

$$Z \rightarrow \text{WX}$$

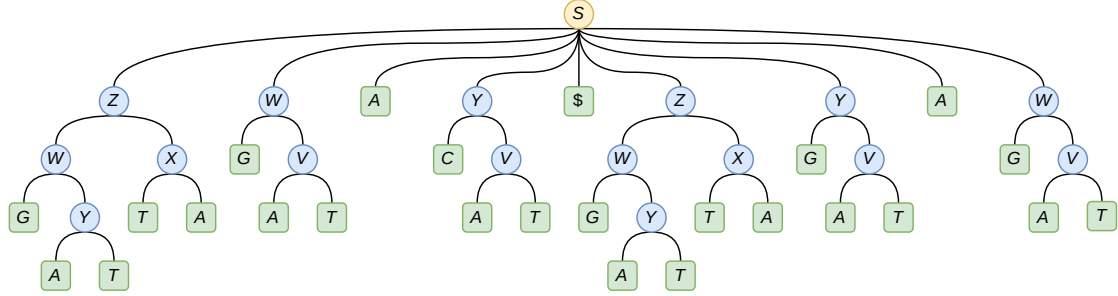
$$Y \rightarrow \text{CV}$$

$$X \rightarrow \text{TA}$$

$$W \rightarrow \text{GV}$$

$$V \rightarrow \text{AT}$$

Al quale corrisponde il seguente albero di derivazione, dove il simbolo iniziale non terminante, ovvero la radice, è indicata con un cerchio giallo, i simboli non terminanti, ovvero i nodi interni, sono indicati dai cerchi blu mentre i simboli terminanti, ovvero le foglie, sono indicati dai quadrati verdi:



Nel 2020, Gagie et al. [3], a cui si rimanda per approfondimenti, proposero una variante degli *SLPs* che garantisse miglioramenti prestazionali per il *random access* alla grammatica stessa. Sfruttando, ad esempio, i *bit vector sparsi* si è quindi potuto garantire *random access* su un testo T , tale che $|T| = n$, compresso tramite *SLP*, in tempo:

$$\mathcal{O}(\log n)$$

VERIFICARE BENE COSA SIA n .

L'uso di tale variante degli *SLP* è stato cruciale, come si vedrà più avanti in questa tesi, per la costruzione della versione run-length encoded sia della **Burrows-Wheeler Transform** (*BWT*) che della **Positional Burrows-Wheeler Transform** (*PBWT*).

2.3.1 Longest Common Extension

Oltre a permettere un veloce *random access* alla testo compresso, la variante degli *SLPs* proposta da Gagie et al. permette di effettuare un'altra operazione in modo "veloce": le **Longest Common Extension** (*LCE*) queries.

Definizione 3. Dato un testo T , tale che $|T| = n$, il risultato della *LCE query* tra due posizioni i e j , tali che $0 \leq i, j < n$, corrisponde al più lungo prefisso comune tra le sotto-stringhe che hanno come indice di partenza i e j , avendo quindi il più lungo prefisso comune tra $T[i : n - 1]$ e $T[j : n - 1]$.

Sfruttando l'*SLP* del testo T è quindi possibile effettuare due *random access* al testo compresso, in i e j , per poi "risalire" l'albero al fine di computare il prefisso comune tra $T[i : n - 1]$ e $T[j : n - 1]$. Quindi il calcolo di una *LCE query* di

lunghezza l è effettuabile in tempo:

$$\mathcal{O}\left(1 + \frac{l}{\log n}\right)$$

VERIFICARE BENE COSA SIA n .

2.4 Suffix Array

Nel 1976 Manber e Myers proposero una struttura dati per la memorizzazione di stringhe e la loro interrogazione, efficiente sia per l'aspetto temporale che spaziale, chiamata **Suffix Array (SA)** [4].

Definizione 4. Dato un testo T , $\$$ -terminato, tale che $|T| = n$, si definisce **suffix array** di T , denotato con SA_T , un array lungo n di interi, tale che $SA_T[i] = j$ sse il suffisso di ordine j , ovvero $T[SA_T[i] : n-1]$, è l' i -esimo suffisso nell'ordinamento lessicografico dei suffissi di T . In altri termini quindi il **suffix array** altro non è che una permutazione dell'intervallo di numeri interi $[0, n-1]$.

Grazie a questa definizione si può quindi dire che, presi $i, i' \in \mathbb{N}$ tali che $0 \leq i < i' < n$ allora vale che, indicando con $<$ anche l'ordinamento lessicografico:

$$T[SA_T[i] : n-1] < T[SA_T[i'] : n-1]$$

Si vede quindi esempio chiarificatore.

Esempio 3. Si prenda la stringa:

$$s = \text{mississippi}\$, |s| = 12$$

Si producono quindi i seguenti suffissi e il loro riordinamento:

Indice del suffisso	Suffisso	Indice del suffisso	Suffisso
0	mississippi\$	11	\$
1	ississippi\$	10	i\$
2	ssissippi\$	7	ippi\$
3	sissippi\$	4	issippi\$
4	issippi\$	1	ississippi\$
5	ssippi\$	0	mississippi\$
6	sippi\$	9	pi\$
7	ippi\$	8	ppi\$
8	ppi\$	6	sippi\$
9	pi\$	3	sissippi\$
10	i\$	5	ssippi\$
11	\$	2	ssissippi\$

Ottenendo quindi che:

$$SA_T = [11, 10, 7, 4, 1, 0, 9, 8, 6, 3, 5, 2]$$

L'uso del *suffix array* è spesso accompagnato dal **Longest Common Prefix**.

Definizione 5. Si definisce il **Longest Common Prefix (LCP)** di un testo T , tale che $|T| = n$, denotato con LCP_T , come un array lungo $n + 1$, contenente la lunghezza del prefisso comune tra ogni coppia di suffissi consecutivi nell'ordinamento lessicografico dei suffissi, quindi in SA_T . Più formalmente LCP_T è un array tale che, avendo $0 \leq i \leq n$ e indicando con $\text{lcp}(x, y)$ il più lungo prefisso comune tra le stringhe x e y :

$$LCP_T[i] = \begin{cases} -1 & \text{se } i = 0 \vee i = n \\ \text{lcp}(T[SA_T[i-1] : n], T[SA_T[i] : n]) & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Esempio 4. Riprendendo l'esempio precedente si avrebbe quindi:

Indice	SA _T	LCP _T	Suffisso
0	11	-1	\$
1	10	0	i\$
2	7	1	ippi\$
3	4	1	issippi\$
4	1	4	ississippi\$
5	0	0	mississippi\$
6	9	0	pi\$
7	8	1	ppi\$
8	6	0	sippi\$
9	3	2	sissippi\$
10	5	1	ssippi\$
11	2	3	ssissippi\$
12	-	-1	-

Senza entrare in ulteriori dettagli relativi all'algoritmo di pattern matching tramite SA e LCP , in quanto non centrali per il resto della trattazione, risulta comunque interessante riportare le complessità temporali. Si ha quindi che per l'algoritmo di query su SA senza l'uso dell' LCP si ha, per un testo lungo n e un pattern lungo m :

$$\mathcal{O}(m \log n)$$

Con l'uso dell' LCP questo si riduce a:

$$\mathcal{O}(m + \log n)$$

Per ulteriori approfondimenti si rimanda al testo di Gusfield [5].

2.5 Trasformata di Burrows-Wheeler

Introdotta nel 1994 da Burrows e Wheeler con lo scopo di comprimere testi, la **Burrows-Wheeler Transform** [6] è divenuta ormai uno standard nel campo dell'*algoritmica su stringhe* e della *bioinformatica*, grazie ai suoi molteplici vantaggi sia dal punto di vista della complessità temporale che da quello della complessità spaziale.

Nel dettaglio la *BWT* è una *trasformata reversibile* che permette una *compressione lossless*, quindi senza perdita d'informazione. Tale trasformazione vien costruita a partire dal riordinamento dei caratteri del testo in input, fattore che ha portato all'evidenza per cui caratteri uguali tendono ad essere posti consecutivamente all'interno della stringa prodotta dalla trasformata.

Definizione 6. Dato un testo T $\$$ -terminato, tale che $|T| = n$, si definisce la **Burrows-Wheeler Transform (BWT)** di T , denotata con BWT_T , come un array di caratteri lungo n dove l'elemento i -esimo è il carattere che precede l' i -esimo suffisso T nel riordinamento lessicografico. Più formalmente si ha che, con $0 \leq i < n$:

$$BWT_T[i] = \begin{cases} T[SA_T[i] - 1] & \text{se } SA_T[i] \neq 1 \\ \$ & \text{altrimenti} \end{cases}$$

In termini più pratici, la *BWT* di un testo è calcolabile riordinando lessicograficamente tutte le possibili **rotazioni** del testo T .

Definizione 7. Si definisce **rotazione i -esima**, denotata con $rot_T(i)$ di un testo T , tale che $|T| = n$, come la stringa ottenuta dalla concatenazione del suffisso i -esimo con la restante porzione del testo. Più formalmente si ha che, avendo $0 \leq i < n$:

$$rot_T(i) = T[i : n - 1] \cdot T[0 : i - 1]$$

Data questa definizione quindi la *BWT* del testo T risulta essere l'ultima colonna della matrice che si ottiene riordinando tutte le *rotazioni* di T , che altro non sono che i suffissi già riordinati per il calcolo del *SA* a cui viene concatenata la parte restante del testo.

Un altro array spesso utilizzato insieme alla *BWT* è il cosiddetto **array F** , lungo $|T|$, che altro non è che l'array formato dalla prima colonna della matrice delle rotazioni. In termini ancora più semplicistici l'array F è banalmente l'array formato dal riordinamento lessicografico dei caratteri del testo T .

Per chiarezza si vede un esempio.

Esempio 5. Si prenda la stringa:

$$s = \text{mississippi}\$, \quad |s| = 12$$

Si produce la seguente matrice delle rotazioni riordinate:

Indice	SA_T	F_T	Rotazione	BWT_T
0	11	\$	\$mississippi	i
1	10	i	i\$mississipp	p
2	7	i	ippi\$mississ	s
3	4	i	issippi\$miss	s
4	1	i	ississippi\$m	m
5	0	m	mississippi\$	\$
6	9	p	pi\$mississip	p
7	8	p	ppi\$mississi	i
8	6	s	sippi\$missis	s
9	3	s	sissippi\$mis	s
10	5	s	ssippi\$missi	i
11	2	s	ssissippi\$mi	i

Avendo quindi:

$$F_T = \$iiiimppssss \text{ e } BWT_T = ipssm\$pissii$$

L'importanza di questa trasformata è dovuta soprattutto al fatto che sia *reversibile*, implicando quindi che a partire da BWT_T è possibile ricostruire T . Questo è possibile grazie ad una proprietà intrinseca della trasformata che viene riassunta nel cosiddetto **LF-mapping**.

Definizione 8. Dato un testo T , tale che $|T| = n$, data la sua BWT_T e il suo array F_T si definisce **LF-mapping** come la proprietà per la quale l' i -esima occorrenza di un carattere σ in BWT_T corrisponde all' i -esima occorrenza dello stesso carattere in F_T .

Grazie a questa definizione è possibile partire dall'ultimo carattere del testo, \$, e ricostruire l'intero testo a ritroso. Si vede quindi un breve esempio.

Esempio 6. Si riprende l'esempio precedente, avendo:

$$BWT_T = ipssm\$pissii \text{ e } F_T = \$iiiimppssss$$

2.5.1 Trasformata di Burrows-Wheeler run-length

2.5.2 Matching Statistics

2.5.3 R-index

2.5.4 PHONI

2.6 Trasformata di Burrows-Wheeler posizionale

Presentata nel 2014 da Richard Durbin la **Positional Burrows-Wheeler Transform** (**PBWT**), traducibile con *trasformata di Burrows-Wheeler posizionale*, è

una struttura efficiente per la memorizzazione e l'interrogazione di pannelli di aplotipi.

Formalmente si considera un pannello X di M aplotipi x_i , $i = 0, \dots, M - 1$, su N siti, indicizzati tramite $k = 0, \dots, N - 1$, tale che tutti i siti sono considerati biallelici. Da un punto di vista computazionale quest'ultima assunzione comporta che il pannello X è costruito sull'alfabeto $\Sigma = \{0, 1\}$, avendo quindi che:

$$x_i[k] = \{0, 1\}$$

Si consideri che l'alfabeto è *ordinato*, avendo che $0 \prec 1$.

Prima di proseguire con la trattazione è bene fornire la descrizione di alcuni formalismi utilizzati:

- si denota, per una qualsiasi sequenza s , con $s[k_1, k_2)$ la **sottostringa** di s che inizia alla colonna k_1 e termina alla colonna $k_2 - 1$
- date due sequenze t e s , si definisce un **match** tra le due sequenze sse $s[k_1, k_2) = t[k_1, k_2)$, avendo che tale match inizia alla colonna k_1 e termina alla colonna $k_2 - 1$
- un match tra due sequenze s e t , come definito al punto precedente, è definito **localmente massimale** sse non si ha alcuna estensione a destra o sinistra che comporti un ulteriore match, avendo quindi che:

$$(k_1 = 0 \vee s[k_1 - 1] \neq t[k_1 - 1]) \wedge (k_2 = N \vee s[k_2] \neq t[k_2])$$

- comparando una sequenza s ad un pannello di aplotipi X si definisce che s ha un **set-maximal match** con x_i , che inizia alla colonna k_1 e termina alla colonna $k_2 - 1$, sse tale match è *localmente massimale* e non si ha alcun altro match di s con un altro x_j che include l'intervallo $[k_1, k_2)$

La costruzione di questa struttura dati si basa, ad ogni colonna k , sul riordinamento lessicografico delle sequenze di aplotipi basato sull'ordinamento inverso dei prefissi terminanti in colonna $k - 1$. I valori presenti in colonna k dopo il riordinamento altro non sono che i valori che andranno a popolare la cosiddetta **matrice PBWT**, che rappresenta la vera e propria trasformata. Si noti che avere le sequenze ordinate in base ai prefissi invertiti alla k -esima colonna permette di identificare i match con maggior facilità in quanto, ad ogni colonna, aplotipi con suffisso comune (o prefisso comune in ordine inverso) saranno in posizioni consecutive all'interno della trasformata.

La computazione di tutti i riordinamenti non presenta difficoltà dal punto di vista computazionale in quanto, conoscendo l'ordinamento in colonna k , si può derivare

facilmente l'ordinamento in colonna $k + 1$, studiando solo i valori alla colonna precedente ed effettuando uno **step di radix sort**.

Più formalmente si denota con $a_k[i] = m$, con $m < M$, l'indice della sequenza x_m del pannello X da cui deriva il prefisso i -esimo nell'ordine inverso in colonna k . Si ottiene quindi che l'array a_k , detto **prefix array**, altro non è che una permutazione degli indici $0, \dots, M - 1$.

Definizione 9. Dato un aplotipo i , appartenente al pannello X , e un indice di colonna k , si definisce il **prefix array** a_k come una permutazione degli indici $0, \dots, M - 1$ tale che $a_k[i] = j$ sse x_j è l' i -esimo aplotipo di X nell'ordinamento inverso dei prefissi ottenuto alla colonna k .

Data questa definizione ne segue che la *matrice PBWT* si ottiene direttamente andando a vedere, per ogni colonna, gli indici del *prefix array* e prendendo i valori del pannello X secondo l'ordine espresso da quell'array.

Per comodità di rappresentazione definiamo formalmente i valori della *matrice PBTW* con il seguente formalismo:

$$y_i^k[k] = x_{a_k[i]}[k]$$

avendo quindi che y_i^k denota la sequenza i -esima secondo l'ordinamento ottenuto per la colonna k . Possiamo quindi meglio spiegare perché risulti semplice computare i vari *prefix array*. Infatti, si ha quindi che l'ordinamento degli elementi per a_{k+1} è lo stesso degli elementi per a_k , al più di “guidare” internamente il riordinamento tramite i valori di $y_i^k[k]$, seguendo l'ordinamento dato dall'alfabeto. A breve, tramite un esempio, si chiarirà meglio quanto detto.

SPIEGARE MOLTO MEGLIO QUANTO DETTO

Come anticipato prefissi simili saranno consecutivi nei riordinamenti fino alla colonna k -esima risulta quindi utile tenere traccia della posizione iniziale dei match tra prefissi vicini. Formalmente, dato $i > 0$, si definisce il $d_k[i]$ come il più piccolo j tale che $y_i^k[j, k) = y_{i-1}^k[j, k)$. Ne segue ovviamente che, se $y_i^k[k - 1] \neq y_{i-1}^k[k - 1]$, allora $d_k[i] = k$. Per definizione, inoltre, $d_k[i] = k$ se $i = 0$. L'array d_k è detto **divergence array**.

Definizione 10. Si definisce **divergence array** l'array d_k tale che $d_k[i]$ è l'indice colonna iniziale del match massimale a sinistra terminante in k tra l' i -esimo aplotipo e il suo precedente nell'ordinamento ottenuto alla colonna k -esima.

Si può quindi dimostrare che l'inizio di qualsiasi match massimale terminante in colonna k tra qualsiasi y_i^k e y_j^k , con $i < j$, è calcolabile facilmente avendo che è dato da:

$$\max_{i < m \leq j} d_k[m]$$

Si noti che al posto del **divergence array** si può usare anche una variante del **Longest Common Prefix (LCP) array**, denotato l_k , che, anziché memorizzare l'indice d'inizio del match massimale a sinistra da due aplotipi consecutivi nell'ordinamento ottenuto alla colonna k -esima, tiene traccia della lunghezza di tale match. Formalmente si ha che $l_k[i] = k - d_k[i]$.

FORSE SERVE DEFINIZIONE FORMALE.

Fatte queste premesse possiamo quindi fornire una definizione formale di **PBWT**.

Definizione 11. Dato $X = \{x_1, x_2, \dots, x_M\}$ un insieme/pannello di M aplotipi con N siti, la **PBWT** di X è una collezione di $N + 1$ coppie di array (a_k, d_k) , con $0 \leq k \leq N$, dove ogni a_k è detto **prefix array** e ogni d_k è detto **divergence array**.

L'algoritmo per la costruzione di a_{k+1} e d_{k+1} a partire da a_k e d_k è disponibile all'algoritmo B.2.

Esempio 7. Vediamo quindi un esempio chiarificatore.

Si assuma il seguente pannello X :

X	00	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14
00	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
01	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1
02	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1
03	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1
04	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1
05	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1
06	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1
07	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1
08	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1
09	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
10	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
11	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
12	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1
13	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1
14	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1
15	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1
16	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
17	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1
18	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
19	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1

Volendo calcolare y^6 riordiniamo il pannello con l'ordine inverso alla quinta colonna e y^6 altro non è che la sesta colonna del pannello riordinato, a_6 la colonna degli indici e d_6 la colonna iniziale in cui terminano le sottolineature:

X	00	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14
14	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1
15	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1
00	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
09	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
10	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
16	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
08	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1
11	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
12	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1
13	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1
18	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
19	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1
01	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1
02	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1
03	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1
17	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1
04	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1
05	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1
06	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1
07	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1

Ottenendo quindi:

$$a_6 = [14, 15, 0, 9, 10, 16, 8, 11, 12, 13, 18, 19, 1, 2, 3, 17, 4, 5, 6, 7]$$

$$d_6 = [6, 0, 4, 2, 0, 0, 5, 0, 0, 0, 3, 0, 4, 0, 0, 6, 4, 0, 0, 0]$$

$$l_6 = [0, 6, 2, 4, 6, 6, 1, 6, 6, 6, 3, 6, 2, 6, 6, 0, 2, 6, 6, 6]$$

2.6.1 Match con aplotipo esterno

Durbin, nel suo articolo, propone diversi algoritmi, ad esempio per il calcolo di match interni ad X più lunghi di una lunghezza minima L o per la ricerca di tutti i *set-maximal match* interni ad X in tempo lineare. Di interesse per questa tesi è però il cosiddetto *algoritmo 5*, quello che si propone di trovare tutti i *set-maximal match* tra il pannello X e un aplotipo esterno z , assumendo che $|z| = M$.

L'idea dietro l'algoritmo è quella di usare tre indici: e_k , f_k e g_k . Nel dettaglio e_k tiene traccia dell'inizio del più lungo match, terminante in colonna k , tra z e un qualche y_i^k . L'intervallo $[f_k, g_k) \subseteq [0, \dots, M)$ invece identifica il sotto-intervallo di a_k contenente gli indici degli aplotipi appartenenti a tale match. Formalmente si ha quindi che:

$$z[e_k, k) = y_i^k[e_k, k) \wedge z[e_k - 1] \neq y_i^k[e_k - 1], \forall i \text{ t.c. } f_k \leq i < g_k$$

Si noti che $g_k = M$ sse y_{M-1}^k appartiene alle sequenze per cui si ha tale match più lungo.

Bisogna quindi capire come aggiornare e_k , f_k e g_k passando dalla colonna k alla colonna $k + 1$. L'idea è quella per cui, avendo $f_{k+1} < g_{k+1}$ allora sicuramente ho ancora delle righe che presentano un match che parte da $e_k = e_{k+1}$ e termina in k che può essere esteso in $k + 1$. In caso contrario, avendo $f_{k+1} = g_{k+1}$, non si hanno match estendibili e quindi si può concludere che quelli terminanti in colonna k erano match massimali, dovendo poi aggiornare e_{k+1} ottenendo i relativi f_{k+1} e g_{k+1} . Bisogna quindi capire come funzioni la variante dell'**LF-mapping**, guidato dal carattere corrente dell'aplotipo query, all'interno della **PBWT**, per ottenere f_{k+1} e g_{k+1} a partire da f_k e g_k .

Per effettuare il mapping abbiamo bisogno di tre componenti:

1. l'array c tale per cui $c[k] = j$ sse la colonna k contiene j occorrenze di 0
2. l'array u_k tale per cui, alla colonna k -esima, $u_k[i] = j$ sse j è il numero di occorrenze di 0 prima dell'indice i nella colonna k
3. l'array v_k tale per cui, alla colonna k -esima, $v_k[i] = j$ sse j è il numero di occorrenze di 1 prima dell'indice i nella colonna k

Tali valori possono essere computati e memorizzati in fase di costruzione della **PBWT**, come visibile direttamente nell'algoritmo B.2 per quanto riguarda u e v , avendone già la computazione. Per quanto riguarda c si ha che potrebbe essere banalmente calcolato anch'esso in fase di costruzione della **PBWT**, tenendo ogni volta traccia del numero di 0 incontrati nella colonna k -esima.

Sfruttando i valori di questi 3 array possiamo quindi effettuare il mapping, definito per comodità da una funzione, rappresentabile in pseudocodice come nell'algoritmo B.1:

$$w_k : N \times \Sigma \rightarrow N$$

tale per cui:

$$w_k(i, \sigma) = \begin{cases} u_k[i] & \text{se } \sigma = 0 \\ v_k[i] + c[k] & \text{se } \sigma = 1 \end{cases}$$

Infatti, come confermato anche dall'algoritmo di costruzione stesso, si ha che:

$$a_{k+1} [w_k(i, y_i^k[k])] = a_k[i]$$

Infatti, avendo che $0 \prec 1$, qualora si abbia $\sigma = 0$, per mantenere la stabilità dell'ordinamento, basterà vedere quanti zeri ci sono fino all'indice corrente mentre, avendo $\sigma = 1$ devo prima spostarmi alla fine degli zeri per poi vedere l'ordinamento all'interno degli uni.

Algorithm 2.1 Algoritmo 5 di Durbin.

```

function FIND_SET_MAXIMAL_MATCHES_FROM_Z( $z$ )
  for  $k \leftarrow 0$  to  $N$  do
     $e, f, g \leftarrow \text{Update\_Z\_Matches}(k, z, e, f, g)$ 
function UPDATE_Z_MATCHES( $k, z, e, f, g$ )
   $f' \leftarrow w(k, f, z[k])$ 
   $g' \leftarrow w(k, g, z[k])$ 
  if  $f' < g'$  then                                      $\triangleright$  se  $k$  è  $N - 1$  match da  $e_k$  a  $N - 1$ 
     $e' \leftarrow e_k$ 
  else                                                     $\triangleright$  match da  $e_k$  a  $k$ 
     $e' \leftarrow d_{k+1}[f'] - 1$ 
    if  $z[e'] = 0$  and  $f' > 0$  then
       $f' \leftarrow g' - 1$ 
      while  $z[e' - 1] = y_{f'}^{k+1}[e' - 1]$  do  $e' \leftarrow e' - 1$ 
      while  $d_{k+1}[f'] \leq e'$  do  $f' \leftarrow f' - 1$ 
    else
       $g' \leftarrow f' + 1$ 
      while  $z[e' - 1] = y_{f'}^{k+1}[e' - 1]$  do  $e' \leftarrow e' - 1$ 
      while  $g' < M$  and  $d_{k+1}[g'] \leq e'$  do  $g' \leftarrow g' + 1$ 
  return  $e', f', g'$ 

```

Limiti spaziali

2.6.2 Varianti della PBWT

PBWT multi-allelica

PBWT con struttura LEAP

PBWT dinamica

PBWT bidirezionale

Recenti sviluppi

Capitolo 3

Metodo

In questo capitolo verranno illustrate le metodologie usate in questa tesi, trattando, sia dal punto di vista teorico che sperimentale, tutte le soluzioni che hanno portato alla costruzione della **RLPBWT**.

Nel dettaglio, dopo una breve introduzione agli strumenti computazionali usati, si approfondiranno tutte le varianti della **RLPBWT** ottenute durante lo studio, evidenziandone pro e contro

3.1 Introduzione agli strumenti usati

Prima di addentrarci negli aspetti più teorici è bene trattare gli strumenti computazionali usati durante la fase di sviluppo.

Dal punto di vista dei linguaggi di programmazione si sono usati:

- **C++**, per l'implementazione delle strutture dati e degli algoritmi
- **Python**, per la creazione della struttura a partire dal pannello in input e per gestire l'intera pipeline di sperimentazione, partendo dal *pre-processing* dell'input fino alla produzione dei grafici al termine della computazione

Nel dettaglio la costruzione della **RLPBWT**, i cui singoli step verranno approfonditi nel corso del capitolo, si articola nel seguente modo:

1. **input:** pannello binario generato tramite **MaCS**
2. **opzionale:** produzione dell'**SLP** del pannello
3. **step intermedio:** estrazione dal pannello in input di un pannello di query di grandezza selezionata dall'utente e costruzione della struttura dati

4. **opzionale:** serializzazione della struttura dati
5. **output:** file contenente i risultati dei match

Si specifica che per il file di output si è mantenuto lo stesso formato utilizzato da Durbin nella sua implementazione della **PBWT** [7]. Tale formato prevede, per facilitarne il parsing, un **tsv** (*tab-separated values*) con le seguenti colonne:

1. colonna semplicemente indicante che si ha un *MATCH*
2. l'indice della query di cui si annota il match
3. l'indice dell'aplotipo per cui si ha il match
4. l'indice della colonna da cui parte il match
5. l'indice della colonna in cui termina il match
6. la lunghezza del match

Un esempio è visualizzabile alla listing C.1.

3.1.1 MaCS

RIVEDERE!

MaCS [8], sviluppato da Gary K. Chen, è un simulatore di *processi coalescenti*, basati sulla **teoria della coalescenza**. Tale teoria è un modello di come gli alleli campionati da una popolazione possano essere originati da un antenato comune. Il tool simula genealogie spaziali tra i cromosomi sfruttando processi Markoviani. Nel dettaglio il lavoro è fortemente ispirato dai risultati di Wiuf e Hein [9], che per primi proposero un algoritmo basato sulla costruzione e sulla memorizzazione di un **ancestral recombination graph (ARG)**.

Chen stesso segnala le seguenti differenze con l'algoritmo di Wiuf e Hein:

- gli eventi di ricombinazione si verificano solo sulla geneologia locale nella posizione attuale sulla sequenza invece che in qualsiasi altro punto dell'*ARG*, ma possono unirsi a qualsiasi lignaggio sull'*ARG* compresi quelli non sulla geneologia locale (ad esempio un arco non ancestrale)
- i tempi di attesa (ovvero la distanza tra le ricombinazioni sulla sequenza) sono calcolati in modo esponenziali con intensità basata sulla lunghezza dell'arco della geneologia locale invece della lunghezza *ARG*
- l'algoritmo è detto dell'*n*-esimo ordine Markoviano, dove *n* è basato sui parametri inserito dall'utente

L'autore ricorda che queste modifiche rendono l'algoritmo sostanzialmente più efficiente del Wiuf e Hein con poca perdita di precisione.

Dal punto di vista pratico l'esecuzione di *MaCS* produce i pannelli binari, da intendersi come pannelli di aplotipi, che verranno poi studiati tramite la *PBWT* e la *RLPBWT*. Tali pannelli presentano:

- un header, con informazioni in merito al comando usato e al seed
- una riga per ogni sito, con prima alcune informazioni in merito a come è stato prodotto il dato e poi la sequenza di valori binari, uno per ogni sample
- un footer, con ulteriori informazioni, tra cui le dimensioni del pannello

Quindi, trascurando le varie informazioni aggiuntive, il pannello è **trasposto** rispetto a quanto studiato dalla *PBWT* e dalla *RLPBWT*. Questa però risulta essere una comodità in quanto, leggendo iterativamente il file, si legge di volta in volta la *i*-esima colonna, ovvero quanto serve per la costruzione della struttura dati.

Per capire meglio come venga prodotto un pannello tramite questo strumento, analizziamo un semplice esempio:

```
./macs 5 3000 -t 0.001 -r 0.001
```

Dove:

- 5 è il numero di sample richiesto, ovvero il numero di sequenze che il software simulerà
- 3000 è la lunghezza in paia-basi della regione genomica su cui verranno simulate le 5 sequenze
- -t 0.001 segnala il *mutation rate* per ogni sito, ovvero la frequenza di *nuove mutazioni* per un sito nel tempo
- -r 0.001 segnala il *recombination rate* per ogni sito, ovvero la frequenza di *ricombinazioni geniche*, che sono i processi per i quali si ottengono nuove combinazioni di alleli a partire da un *genotipo*, per un sito nel tempo

Il risultato, dove si noti vengono selezionati 4 siti dopo la simulazione, del comando appena descritto è visualizzabile alla listing C.2.

MANCA SIGNIFICATO DEGLI “HEADER” DI OGNI SITE NEL RISULTATO.

3.1.2 SDSL

La libreria più utilizzata nel progetto, come anche in diverse sue dipendenze, è **Succinct Data Structure Library (SDSL)** [1]. Questa libreria, scritta in C++11, fornisce diverse implementazioni riguardanti strutture dati succinte, come i già citati, nella sezione 2.2, **bitvectors**.

Nel dettaglio, in questo progetto, *SDSL* è stata usata per:

- gli **sparse bitvectors**, il cui uso specifico verrà specificato più avanti nel capitolo
- i cosiddetti **int vectors**, ovvero vettori di interi memorizzati in modo efficiente
- le funzioni di atto a gestire le **serializzazioni** delle strutture dati implementate
- stimare, in certi casi, lo **spazio in memoria** richiesto per le varie strutture

3.1.3 BigRePair e ShapedSlp

Come introdotto alla sezione 2.3, una delle varianti della **RLPBWT**, richiede l'uso, estremamente vantaggioso dal punto di vista della memoria occupata, degli **SLP**.

Da un punto di vista implementativo, l'oggetto contenente l'*SLP* del pannello viene costruito ed interrogato mediante l'uso della libreria **ShapedSlp** [10], implementazione dei risultati ottenuti da Gagie et al. [3]. Inoltre, tale libreria basa il suo funzionamento sull'uso di un'altra libreria, detta **BigRePair** [11], che implementa i quanto studiato da Gagie et al. [12] in merito alla compressione, via uso di grammatiche, di file con frequenti ripetizioni (come possono essere, nel nostro caso, pannelli binari di aplotipi).

In termini di pipeline si procede quindi:

1. generando la *grammatica* tramite *BigRePair*, che accetta come file di input un file **txt** "raw" ma anche un file in formati più standard come i *FASTA*
2. generando l'*SLP* tramite *ShapedSlp* specificatamente a partire dai risultati di *BigRePair* (si segnala che la libreria accetta anche input prodotti tramite altri tool che non verranno qui approfonditi)

Compressione del panel

I tool appena citati assumono un input “monodimensionale”, ovvero una singola sequenze lineare. Nel nostro caso l’input era invece un file `.macs` con rappresentato il pannello trasposto. Nel dettaglio, assumendo di avere il pannello come nella listing C.2 (pannello al quale sono già state estratte le query), si avrebbe, isolando:

$$X = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

Dove però come detto le righe sono i siti e le colonne i sample. Per ottenere l’*SLP* bisogna quindi, in primis, trasporre la matrice:

$$X^T = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

Per procedere ulteriormente bisogna però ricordare che sull’*SLP* si avrà necessità di effettuare *LCE query* che però, si anticipa, nel nostro pannello, devono essere fatte tra due righe da destra a sinistra (a differenza di quanto visto nel caso standard dove si confrontavano prefissi comuni). Ad esempio, prendendo la seconda e la terza riga, avremmo una *LCE query* lunga 3, terminante nella prima colonna esclusa:

$$X^T = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

Per rendere possibile questa operazione quindi il pannello deve essere sia salvato come un’unica riga, per ottenerne l’*SLP*, che “da destra a sinistra”, per permettere le *LCE query*. Si procede quindi concatenando ogni riga, selezionandole consecutivamente e leggendone i singoli elementi da destra a sinistra ottenendo, con colorate gli stessi risultati della query fatta sopra:

0010 0110 0111 1100 0110

Si noti che qui si sono segnalate le varie righe con uno spazio ma solo per praticità “visiva”.

3.1.4 Snakemake

PARTE DA FARE UNA VOLTA STABILITA LA PIPELINE FINALE

3.2 Introduzione alle varianti della RLPBWT

Lo sviluppo di questo progetto di tesi è stato tale per cui si sono sviluppate varie implementazioni della **RLPBWT**. Tali varianti non sono da intendersi ugualmente valide ma corrispondono al percorso evolutivo che c'è stato nell'ultimo anno di studio e ricerca in merito. Riassumendo il tutto si vedranno:

- una prima implementazione *naive*, detta appunto **RLPBWT naive**, che corrisponde al primo tentativo di studio. Questa soluzione non permette di sapere quali righe del pannello stanno matchando ma solo quali
- si è quindi iniziato ad introdurre l'uso dei *bitvectors*, con la **RLPBWT con bitvectors**, il cui funzionamento è pressoché analogo alla versione *naive* al più dell'uso di tali strutture succinte per il funzionamento del mapping. Questa soluzione non permette di sapere quali righe del pannello stanno matchando ma solo quali
- il primo sostanziale “cambio di paradigma”, si ha avuto con la **RLPBWT con pannello denso**, variante in cui, oltre all'uso dei *bitvectors* si è proceduto al calcolo dei match tramite *matching statistics* e *LCE query*. Questa soluzione permette di sapere l'indice di una sola riga per la quale si sta avendo un match con il pattern
- migliorando la soluzione precedente con l'uso dell'*SLP* per la memorizzazione del pannello si è ottenuta la **RLPBWT con SLP**. Questa soluzione permette di sapere l'indice di una sola riga per la quale si sta avendo un match con il pattern
- con l'implementazione della **funzione φ** per la **RLPBWT** si è permesso di estendere i risultati delle ultime due varianti in modo da ottenere tutti i match con tutti gli indici delle righe per cui si hanno tali match con il pattern

Si può quindi iniziare ad apprezzare il percorso evolutivo e incrementale vissuto con questo progetto.

3.2.1 Perché un'implementazione run-length

Prima di proseguire con la spiegazione dettagliata delle varianti è bene dare una prima motivazione al perché si sia ritenuto utile sviluppare una variante **run-length encoded** della **PBWT**.

Citando direttamente il paper di Durbin del 2014 [13], in cui si introduce la struttura:

Furthermore we can also expect the y arrays to be strongly run-length compressible. This is because population genetic structure means that there is local correlation in values due to linkage disequilibrium, which means that haplotypes with similar prefixes in the sort order will tend to have the same allele values at the next position, giving rise to long runs of identical values in the y array. So the PBWT can easily be stored in smaller space than the original data.

Dove, con la dicitura y arrays, si ottengono le colonne già permutate della **matrice PBWT**.

Quindi il risultato atteso è quello per cui aplotipi simili, che ad ogni step saranno consecutivi nel riordinamento, è molto probabile presentino lo stesso allele nella colonna di cui si sta in quel momento calcolando la permutazione. Ne segue che, all'interno della **matrice PBWT**, è molto probabile che si abbiano, consecutivamente, lunghe run di 0 e di 1.

Si noti quindi che si ottiene quindi il medesimo risultato atteso che si ha con la **BWT**, avendo che caratteri uguali è probabile che vengano posti in modo consecutivo all'interno della **BWT** stessa. Si hanno quindi le stesse premesse che hanno portato alla **RLBWT**, considerando inoltre che, come in quel caso, non si tratta solo di memorizzare la struttura con compressione run-length ma di lavorare direttamente con la struttura dati compressa, risolvendo il problema del pattern matching senza decomprimere la struttura dati.

3.3 RLPBWT naive

3.3.1 Algoritmo per match massimali

3.4 RLPBWT con bitvectors

3.5 Mapping nella RLPBWT

3.6 Algoritmo per match massimali

3.7 RLPBWT con pannello denso

3.7.1 Algoritmo con matching statistics

3.8 RLPBWT con SLP

3.8.1 Algoritmo con matching statistics

3.9 Funzione Phi

3.9.1 Costruzione della struttura di supporto

3.9.2 Estensione dei match

Capitolo 4

Risultati

4.1 Ambiente di benchmark

4.1.1 Descrizione input

4.2 Analisi della complessità

4.2.1 Analisi temporale

4.2.2 Analisi spaziale

Capitolo 5

Conclusioni

5.1 Sviluppi futuri

5.1.1 K-mems

5.1.2 RLPBWT multi-allelica

5.1.3 RLPBWT con dati mancanti

Bibliografia e sitografia

- [1] Simon Gog, Timo Beller, Alistair Moffat, and Matthias Petri. From theory to practice: Plug and play with succinct data structures. In *13th International Symposium on Experimental Algorithms, (SEA 2014)*, pages 326–337, 2014.
- [2] Markus Lohrey. Algorithmics on slp-compressed strings: A survey. *Groups-Complexity-Cryptology*, 4(2):241–299, 2012.
- [3] Travis Gagie, Giovanni Manzini, Gonzalo Navarro, Hiroshi Sakamoto, Louisa Seelbach Benkner, Yoshimasa Takabatake, et al. Practical random access to slp-compressed texts. In *International Symposium on String Processing and Information Retrieval*, pages 221–231. Springer, 2020.
- [4] Udi Manber and Gene Myers. Suffix arrays: a new method for on-line string searches. *siam Journal on Computing*, 22(5):935–948, 1993.
- [5] Dan Gusfield. *Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology*. Cambridge University Press, 1997.
- [6] Michael Burrows and David Wheeler. A block-sorting lossless data compression algorithm. 1994.
- [7] Richard Durbin. PBWT. <https://github.com/richarddurbin/pbwt>, 2014.
- [8] Gary K. Chen. MaCS. <https://github.com/gchen98/macs>, 2019.
- [9] Carsten Wiuf and Jotun Hein. Recombination as a point process along sequences. *Theoretical population biology*, 55(3):248–259, 1999.
- [10] I. Tomohiro. ShapedSlp. <https://github.com/itomomoti/ShapedSlp>, 2020.
- [11] Giovanni Manzini. BigRePair. <https://gitlab.com/manzai/bigrepair>, 2019.

- [12] Travis Gagie, Giovanni Manzini, Gonzalo Navarro, Hiroshi Sakamoto, Yoshimasa Takabatake, et al. Rpair: rescaling repair with rsync. In *International Symposium on String Processing and Information Retrieval*, pages 35–44. Springer, 2019.
- [13] Richard Durbin. Efficient haplotype matching and storage using the positional burrows–wheeler transform (pbwt). *Bioinformatics*, 30(9):1266–1272, 01 2014.

Appendice A

Tabelle

Tabella A.1: Stime dello spazio occupato per la memorizzazione di alcune varianti di *bit vector*. Si assume un bit vector di lunghezza n con un numero di bit posti pari a 1 (o \top) pari a m . K indica un valore costante.

Variante	Spazio occupato
<i>Plain bitvector</i>	$64 \lceil \frac{n}{64} + 1 \rceil$
<i>Interleaved bitvector</i>	$\approx n \left(1 + \frac{64}{K}\right)$
<i>H₀-compressed bitvector</i>	$\approx \lceil \log \binom{n}{m} \rceil$
<i>Sparse bitvector</i>	$\approx m \left(2 + \log \frac{n}{m}\right)$

Tabella A.2: Complessità temporali stimate della *funzione rank* per alcune varianti di *bit vector*, con la quantità di bit aggiuntivi richiesta. Si assume un bit vector di lunghezza n , con un numero di bit posti pari a 1 (o \top) pari a m , e un numero k di valori prima della posizione richiesta.

Variante	Bit aggiuntivi	Complessità temporale
<i>Plain bitvector</i>	$0.0625 \cdot n$	$\mathcal{O}(1)$
<i>Interleaved bitvector</i>	128	$\mathcal{O}(1)$
<i>H₀-compressed bitvector</i>	80	$\mathcal{O}(k)$
<i>Sparse bitvector</i>	64	$\mathcal{O} \left(\log \frac{n}{m} \right)$

Tabella A.3: Complessità temporali stimate della *funzione select* per alcune varianti di *bit vector*, con la quantità di bit aggiuntivi richiesta. Si assume un bit vector di lunghezza n , con un numero di bit posti pari a 1 (o \top) pari a m .

Variante	Bit aggiuntivi	Complessità temporale
<i>Plain bitvector</i>	$\leq 0.2 \cdot n$	$\mathcal{O}(1)$
<i>Interleaved bitvector</i>	64	$\mathcal{O}(\log n)$
<i>H₀-compressed bitvector</i>	64	$\mathcal{O}(\log n)$
<i>Sparse bitvector</i>	64	$\mathcal{O}(1)$

Tabella A.4: Tabella stima complessità temporale delle principali operazioni effettuate nelle varianti della RLPBWT.

Operazione	Complessità temporale
Rank per sparse bitvector	$\mathcal{O}(\frac{height}{ run })$
Select per sparse bitvector	$\mathcal{O}(1)$
Random Access su slp	$\mathcal{O}(\log(height \times width))$
LCE lunga l su slp	$\mathcal{O}\left(1 + \frac{l}{\log(height \times width)}\right)$

Appendice B

Pseudocodici

Algorithm B.1 Algoritmo per l'LF-mapping nella PBWT.

```
1: function  $w(k, i, s, c_k, u_k, v_k)$   
2:   if  $s = 0$  then  
3:     return  $u_k[i]$   
4:   else  
5:     return  $c_k + v_k[i]$ 
```

Algorithm B.2 Algoritmo di Durbin per la costruzione di a_{k+1} e d_{k+1} a partire da a_k e d_k .

```

1: function BUILDPREFIXANDDIVERGENCEARRAYS( $k, M, a_k, d_k$ )
2:    $u \leftarrow 0, v \leftarrow 0$ 
3:    $p \leftarrow k + 1, q \leftarrow k + 1$ 
4:    $a \leftarrow [], b \leftarrow [], d \leftarrow [], e \leftarrow []$ 
5:   for every  $i \in [0, M - 1]$  do
6:     if  $d_k[i] > p$  then
7:        $p \leftarrow d_k[i]$ 
8:     if  $d_k[i] > q$  then
9:        $q \leftarrow d_k[i]$ 
10:    if  $y_i^k[k] = 0$  then
11:       $a[u] \leftarrow a_k[i], d[u] \leftarrow p$ 
12:       $u \leftarrow u + 1, p \leftarrow 0$ 
13:    else
14:       $b[v] \leftarrow a_k[i], e[v] \leftarrow q$ 
15:       $v \leftarrow v + 1, q \leftarrow 0$ 
16:   $a_{k+1} \leftarrow \text{concatenate}(a, b)$ 
17:   $d_{k+1} \leftarrow \text{concatenate}(d, e)$ 

```

Algorithm B.3 Algoritmo per la costruzione di una colonna della RLPBWT con bitvectors

```

1: function BUILD(col, pref, div)
2:    $c \leftarrow 0$ ,  $u \leftarrow 0$ ,  $v \leftarrow 0$ ,  $u' \leftarrow 0$ ,  $v' \leftarrow 0$ ,  $curr_{lcs} \leftarrow 0$ ,  $tmp_{thr} \leftarrow 0$ ,  $tmp_{beg} \leftarrow 0$ 
3:    $start \leftarrow \top$ ,  $beg_{run} \leftarrow \top$ ,  $push_{zero} \leftarrow \perp$ ,  $push_{one} \leftarrow \perp$ 
4:   for every  $k \in [0, height)$  do
5:     if  $k = 0 \wedge col[pref[k]] = 1$  then
6:        $start \leftarrow \perp$ 
7:     if  $col[k] = 0$  then
8:        $c \leftarrow c + 1$ 
9:      $runs \leftarrow [0..0]$  ▷ sparse bitvector for runs of length  $height + 1$ 
10:     $thrs \leftarrow [0..0]$  ▷ sparse bitvector for thresholds of length  $height$ 
11:     $zeros \leftarrow [0..0]$  ▷ sparse bitvector for zeros of length  $c$ 
12:     $ones \leftarrow [0..0]$  ▷ sparse bitvector for ones of length  $height - c$ 
13:     $samples_{beg} \leftarrow []$ ,  $samples_{end} \leftarrow []$  ▷ couple of vectors for samples of length  $r$ 
14:    if  $start$  then
15:       $push_{one} \leftarrow \top$ 
16:    else
17:       $push_{zero} \leftarrow \top$ 
18:    for every  $k \in [0, height)$  do
19:      if  $beg_{run}$  then
20:         $u \leftarrow u'$ ,  $v \leftarrow v'$ ,  $tmp_{beg} \leftarrow pref[k]$ 
21:         $beg_{run} \leftarrow \perp$ 
22:      if  $col[pref[k]] = 1$  then
23:         $v' \leftarrow v' + 1$ 
24:      else
25:         $u' \leftarrow u' + 1$ 
26:      if  $k = 0 \vee col[pref[k]] \neq col[pref[k - 1]]$  then
27:         $curr_{lcs} \leftarrow div[k]$ ,  $tmp_{thr} \leftarrow k$ 
28:      if  $div[k] < curr_{lcs}$  then
29:         $curr_{lcs} \leftarrow div[k]$ ,  $tmp_{thr} \leftarrow k$ 
30:      if  $k = height - 1 \vee col[pref[k]] \neq col[pref[k + 1]]$  then
31:         $runs[k] \leftarrow 1$ 
32:        if  $k \neq height - 1 \wedge div[k + 1] < div[tmp_{thr}]$  then
33:           $thrs[k] \leftarrow 1$ 
34:        else
35:           $thrs[tmp_{thr}] \leftarrow 1$ 
36:         $push(samples_{beg}, tmp_{beg})$ 
37:         $push(samples_{end}, pref[k])$ 
38:        if  $push_{one}$  then
39:          if  $v \neq 0$  then
40:             $ones[k - 1] = 1$ 
41:             $swap(push_{zero}, push_{one})$ 
42:          else
43:            if  $u \neq 0$  then
44:               $zeros[k - 1] = 1$ 
45:               $swap(push_{zero}, push_{one})$ 
46:         $beg_{run} \leftarrow \top$ 
47:      if  $|zeros| \neq 0$  then
48:         $zeros[|zeros| - 1] \leftarrow 1$ 
49:      if  $|ones| \neq 0$  then
50:         $ones[|ones| - 1] \leftarrow 1$ 
51:      build rank/select for the four bitvectors
52:      return ( $start$ ,  $c$ ,  $runs$ ,  $zeros$ ,  $ones$ ,  $samples_{beg}$ ,  $samples_{end}$ ,  $div$ )

```

Algorithm B.4 Algoritmo per estrazione simbolo da una run in una colonna

```

1: function GET_SYMBOL( $s, r$ )  $\triangleright s = \top$  iff column start with 0,  $r$  run index
2:   if  $s$  then
3:     if  $r \bmod 2 = 0$  then return 0 else return 1
4:   else
5:     if  $r \bmod 2 = 0$  then return 1 else return 0

```

Algorithm B.5 Algoritmo per uvtrick

```

1: function UVTRICK( $k, i$ )  $\triangleright k$  is column index,  $i$  row index
2:   if  $i = 0$  then
3:     return (0, 0)
4:    $run \leftarrow rank_h^k(i)$ 
5:   if  $run = 0$  then
6:     if  $start^k$  then
7:       return ( $index, 0$ )
8:     else
9:       return (0,  $index$ )
10:  else if  $run = 1$  then
11:    if  $start^k$  then
12:      return ( $select_h^k(run) + 1, i - (select_h^k(run) + 1)$ )
13:    else
14:      return ( $i - (select_h^k(run) + 1), select_h^k(run) + 1$ )
15:  else
16:    if  $run \bmod 2 = 0$  then
17:       $pre_u \leftarrow select_u^k(\frac{run}{2}) + 1$ 
18:       $pre_v \leftarrow select_v^k(\frac{run}{2}) + 1$ 
19:       $offset \leftarrow i - (select_h^k(run) + 1)$ 
20:      if  $start^k$  then
21:        return ( $pre_u + offset, pre_v$ )
22:      else
23:        return ( $pre_u, pre_v + offset$ )
24:    else
25:       $run_u \leftarrow (\frac{run}{2}) + 1$ 
26:       $run_v \leftarrow \frac{run}{2}$ 
27:      if  $\neg start^k$  then
28:         $swap(run_u, run_v)$ 
29:       $pre_u \leftarrow select_u^k(run_u) + 1$ 
30:       $pre_v \leftarrow select_v^k(run_v) + 1$ 
31:       $offset \leftarrow i - (select_h^k(run) + 1)$ 
32:      if  $start^k$  then
33:        return ( $pre_u, pre_v + offset$ )
34:      else
35:        return ( $pre_u + offset, pre_v$ )

```

Algorithm B.6 Algoritmo per lf-mapping

```

1: function LF( $k, i, s$ ) ▷  $k$  is column index,  $i$  row index,  $s$  symbol
2:    $c \leftarrow rlpbwt[k].c$ 
3:    $(u, v) \leftarrow uvtrick(k, i)$ 
4:   if  $s = 0$  then
5:     return  $u$ 
6:   else
7:     return  $c + v$ 

```

Algorithm B.7 Algoritmo per lf-mapping inverso

```

1: function REVERSE_LF( $k, i$ ) ▷  $k$  is column index,  $i$  row index
2:   if  $k = 0$  then ▷ by design
3:     return 0
4:    $k \leftarrow k - 1$ 
5:    $c \leftarrow rlpbwt[k].c$ 
6:   if  $i < c$  then
7:     if  $start^k$  then
8:        $run \leftarrow rank_u^k(i) \cdot 2$ 
9:     else
10:       $run \leftarrow rank_u^k(i) \cdot 2 + 1$ 
11:      $i_{run} \leftarrow 0$ 
12:     if  $run \neq 0$  then
13:        $i_{run} \leftarrow select_h^k(run) + 1$ 
14:        $(prev_0, \_) \leftarrow uvtrick(k, i_{run})$ 
15:       return  $i_{run} + (i - prev_0)$ 
16:   else
17:     if  $start^k$  then
18:        $run \leftarrow rank_v^k(i) \cdot 2 + 1$ 
19:     else
20:        $run \leftarrow rank_v^k(i) \cdot 2$ 
21:      $i_{run} \leftarrow 0$ 
22:     if  $run \neq 0$  then
23:        $i_{run} \leftarrow select_h^k(run) + 1$ 
24:        $(\_, prev_1) \leftarrow uvtrick(k, i_{run})$ 
25:       return  $i_{run} + (i - (c + prev_1))$ 

```

Algorithm B.8 Algoritmo per match con aplotipo esterno con panel $width \times height$

```

1: function EXTERNAL_MATCHES( $z$ ) ▷ assuming  $|z| = rlpbwt.width$ 
2:    $f \leftarrow 0, f_{run} \leftarrow 0, f' \leftarrow 0$ 
3:    $g \leftarrow 0, g_{run} \leftarrow 0, g' \leftarrow 0$ 
4:    $e \leftarrow 0, l \leftarrow 0$ 
5:   for every  $k \in [0, |z|)$  do
6:      $f_{run} \leftarrow rank_h^k(f), g_{run} \leftarrow rank_h^k(g)$ 
7:      $f' \leftarrow lf(k, f, z[k]), g' \leftarrow lf(k, g, z[k])$ 
8:      $l \leftarrow g - f$ 
9:     if  $f' < g'$  then
10:       $f \leftarrow f', g \leftarrow g'$ 
11:     else
12:      if  $k \neq 0$  then
13:        report matches in  $[e, k - 1]$  with  $l$  haplotypes
14:      if  $f' = |lcp^{k+1}|$  then
15:         $e \leftarrow k + 1$ 
16:      else
17:         $e \leftarrow lcp^{k+1}[f']$ 
18:      if  $(z[e] = 0 \wedge f' > 0) \vee f' = height$  then
19:         $f' \leftarrow g' - 1$ 
20:        if  $e \geq 1$  then
21:           $f_{rev} \leftarrow f', k' \leftarrow k + 1$ 
22:          while  $k' \neq e - 1$  do
23:             $f_{rev} \leftarrow reverse\_lf(k', f_{rev}), k' \leftarrow k' - 1$ 
24:           $run \leftarrow rank_h^{k'}(f_{rev}), symb \leftarrow get\_symbol(start^{k'}, run)$ 
25:          while  $e > 0 \wedge z[e - 1] = symb$  do
26:             $f_{rev} \leftarrow reverse\_lf(e, f_{rev})$ 
27:             $run \leftarrow rank_h^{e-1}(f_{rev})$ 
28:             $symb \leftarrow get\_symbol(start^{e-1}, run)$ 
29:          while  $f' > 0 \wedge (k + 1) - lcp^{k+1}[f] \leq e$  do  $e \leftarrow e - 1$ 
30:           $f \leftarrow f', g \leftarrow g'$ 
31:        else
32:           $g' \leftarrow f' - 1$ 
33:          if  $e \geq 1$  then
34:             $f_{rev} \leftarrow f', k' \leftarrow k + 1$ 
35:            while  $k' \neq e - 1$  do
36:               $f_{rev} \leftarrow reverse\_lf(k', f_{rev}), k' \leftarrow k' - 1$ 
37:             $run \leftarrow rank_h^{k'}(f_{rev}), symb \leftarrow get\_symbol(start^{k'}, run)$ 
38:            while  $e > 0 \wedge z[e - 1] = symb$  do
39:               $f_{rev} \leftarrow reverse\_lf(e, f_{rev})$ 
40:               $run \leftarrow rank_h^{e-1}(f_{rev})$ 
41:               $symb \leftarrow get\_symbol(start^{e-1}, run)$ 
42:            while  $e < height \wedge (k + 1) - lcp^{k+1}[e] \leq e$  do  $e \leftarrow e + 1$ 
43:             $f \leftarrow f', g \leftarrow g'$ 
44:      if  $f < g$  then
45:         $l \leftarrow g - f$ 
46:      report matches in  $[e, |z| - 1]$  with  $l$  haplotypes

```

Algorithm B.9 Algoritmo per match con matching-statistics (MS) e thresholds

```

1: function MATCHES_MS( $z$ )
2:    $ms_{row} \leftarrow [0..0]$ ,  $ms_{len} \leftarrow [0..0]$  ▷ ms vectors with row and len of length  $|z|$ 
3:    $curr_{row} \leftarrow rlpbwt[0].samples_{end}[|rlpbwt[0].samples_{end}| - 1]$ 
4:    $curr_{index} \leftarrow curr_{row}$ 
5:    $curr_{run} \leftarrow rank_h^0(curr_{index})$ 
6:    $symb \leftarrow get\_symbol(start^0, curr_{run})$  ▷ build matching statistics row
7:   for every  $k \in [0, |z|)$  do
8:     if  $z[i] = symb$  then
9:        $ms_{row}[k] \leftarrow curr_{row}$ 
10:      if  $k \neq |z| - 1$  then
11:         $(curr_{index}, curr_{run}, symb) \leftarrow UPDATE(k, curr_{index}, z)$ 
12:      else
13:         $curr_{thr} \leftarrow rank_t^k(curr_{index})$ 
14:         $force_{down} \leftarrow \top$  iff we are over a threshold not at the end of a run
15:         $force_{down} \leftarrow \top$  iff we are over a threshold at the end of a run and DOWN function is  $\top$ 
16:        if  $|samples_{beg}^k| = 1$  then
17:           $ms_{row}[k] \leftarrow height$ 
18:          if  $k \neq |z| - 1$  then
19:             $curr_{row} \leftarrow rlpbwt[k+1].samples_{end}[|rlpbwt[k+1].samples_{end}| - 1]$ 
20:             $curr_{index} \leftarrow height - 1$ 
21:             $curr_{run} \leftarrow rank_h^{k+1}(curr_{index})$ 
22:             $symb \leftarrow get\_symbol(start^{k+1}, curr_{run})$ 
23:          else if  $(curr_{run} \neq 0 \wedge curr_{run} = curr_{thr} \wedge \neg down) \vee curr_{run} = |samples_{beg}^k| - 1$  then
24:             $curr_{index} \leftarrow select_h^k(curr_{run})$ 
25:             $curr_{row} \leftarrow samples_{end}^k[curr_{run} - 1]$ 
26:             $ms_{row}[k] \leftarrow curr_{row}$ 
27:            if  $k \neq |z| - 1$  then
28:               $(curr_{index}, curr_{run}, symb) \leftarrow UPDATE(k, curr_{index}, z)$ 
29:          else
30:             $curr_{index} \leftarrow select_h^k(curr_{run} + 1) + 1$ 
31:             $curr_{row} \leftarrow samples_{beg}^k[curr_{run} + 1]$ 
32:             $ms_{row}[k] \leftarrow curr_{row}$ 
33:            if  $k \neq |z| - 1$  then
34:               $(curr_{index}, curr_{run}, symb) \leftarrow UPDATE(k, curr_{index}, z)$  ▷ build matching statistics len
35:   for every  $k \in [0, |ms_{row}|)$  do
36:     if  $ms_{row}[k] = height$  then
37:        $ms_{len}[k] \leftarrow 0$ 
38:     else if  $k \neq 0 \wedge ms_{row}[i] = ms_{row}[i-1] \wedge ms_{len}[i-1] \neq 0$  then
39:        $ms_{len}[i] \leftarrow ms_{len}[i-1] + 1$ 
40:     else ▷ ra is a data structure for random access over the originale panel
41:        $tmp_{index} \leftarrow i$ ,  $tmp_{len} \leftarrow 0$ 
42:       while  $tmp_{index} \geq 0 \wedge z[tmp_{index}] = ra(ms_{row}[k], tmp_{index})$  do
43:          $tmp_{index} \leftarrow tmp_{index} - 1$ ,  $tmp_{len} \leftarrow tmp_{len} + 1$ 
44:        $ms_{len}[k] \leftarrow tmp_{len}$ 
45:   for every  $k \in [0, |ms_{row}|)$  do ▷ build matching statistics matches
46:     if  $(ms_{len}[k] > 1 \wedge ms_{len}[k] \geq ms_{len}[k+1]) \vee (k = |z| - 1 \wedge ms_{len}[k] \neq 0)$  then
47:       report match ending in k, with length  $ms_{len}[k]$ , with at least row  $ms_{row}[k]$ 
48:       in case extend the matches

```

function DOWN($pos, prev, next$)

using LCE queries or random access check the longest common prefix between
pos and prev and between pos and next
if the latter is greater or equal return \top , else \perp

Algorithm B.10 Algoritmo per match con matching-statistics (MS) e LCE

```

1: function MATCHES_MS_LCE( $z$ )
2:    $ms_{row} \leftarrow [0..0]$ ,  $ms_{len} \leftarrow [0..0]$  ▷ ms vectors with row and len of length  $|z|$ 
3:    $curr_{row} \leftarrow rlpbwt[0].samples_{end}[rlpbwt[0].samples_{end} - 1]$ 
4:    $curr_{index} \leftarrow curr_{row}$ ,  $curr_{run} \leftarrow rank_h^0(curr_{index})$ 
5:    $symb \leftarrow get\_symbol(start^0, curr_{run})$  ▷ build matching statistics row
6:   for every  $k \in [0, |z|)$  do
7:     if  $z[k] = symb$  then
8:        $ms_{row}[k] \leftarrow curr_{row}$ 
9:       if  $k = 0$  then
10:         $ms_{len}[k] \leftarrow 1$ 
11:       else
12:         $ms_{len}[k] \leftarrow ms_{len}[k - 1] + 1$ 
13:       if  $k \neq |z| - 1$  then
14:         $(curr_{index}, curr_{run}, symb) \leftarrow UPDATE(k, curr_{index}, z)$ 
15:       else
16:        if  $|samples_{beg}^k| = 1$  then
17:           $ms_{row}[k] \leftarrow height$ 
18:           $ms_{len}[k] \leftarrow 0$ 
19:          if  $k \neq |z| - 1$  then
20:             $curr_{row} \leftarrow rlpbwt[k + 1].samples_{end}[rlpbwt[k + 1].samples_{end} - 1]$ 
21:             $curr_{index} \leftarrow height - 1$ 
22:             $curr_{run} \leftarrow rank_h^{k+1}(curr_{index})$ 
23:             $symb \leftarrow get\_symbol(start^{k+1}, curr_{run})$ 
24:          else
25:            if  $curr_{run} = |samples_{beg}^k| - 1$  then
26:               $curr_{index} \leftarrow select_h^k(curr_{run})$ ,  $prev_{row} \leftarrow samples_{end}^k[curr_{run} - 1]$ 
27:               $lce \leftarrow LCE(k, curr_{row}, prev_{row})$ 
28:               $ms_{row}[k] \leftarrow prev_{row}$ ,  $curr_{row} \leftarrow prev_{row}$ 
29:              if  $k = 0$  then
30:                 $ms_{len}[k] \leftarrow 1$ 
31:              else
32:                 $ms_{len}[k] \leftarrow \min(ms_{len}[k - 1], lce_{len}) + 1$ 
33:              if  $k \neq |z| - 1$  then
34:                 $(curr_{index}, curr_{run}, symb) \leftarrow UPDATE(k, curr_{index}, z)$ 
35:            else if  $curr_{run} = 0$  then
36:               $curr_{index} \leftarrow select_h^k(curr_{run} + 1) + 1$ ,  $next_{row} \leftarrow samples_{beg}^k[curr_{run} + 1]$ 
37:               $lce \leftarrow LCE(k, curr_{row}, next_{row})$ 
38:               $ms_{row}[k] \leftarrow next_{row}$ ,  $curr_{row} \leftarrow next_{row}$ 
39:              if  $k = 0$  then
40:                 $ms_{len}[k] \leftarrow 1$ 
41:              else
42:                 $ms_{len}[k] \leftarrow \min(ms_{len}[k - 1], lce_{len}) + 1$ 
43:              if  $k \neq |z| - 1$  then
44:                 $(curr_{index}, curr_{run}, symb) \leftarrow UPDATE(k, curr_{index}, z)$ 
45:            else
46:               $prev_{row} \leftarrow samples_{end}^k[curr_{run} - 1]$ ,  $next_{row} \leftarrow samples_{beg}^k[curr_{run} + 1]$ 
47:               $lce \leftarrow \max_{len}(LCE(k, curr_{row}, prev_{row}), LCE(k, curr_{row}, next_{row}))$ 
48:               $curr_{row} \leftarrow lce_{row}$ 
49:               $ms_{row}[k] \leftarrow curr_{row}$ 
50:              if  $k = 0$  then
51:                 $ms_{len}[k] \leftarrow 1$ 
52:              else
53:                 $ms_{len}[k] \leftarrow \min(ms_{len}[k - 1], lce_{len}) + 1$ 
54:              if  $k \neq |z| - 1$  then
55:                 $(curr_{index}, curr_{run}, symb) \leftarrow UPDATE(k, curr_{index}, z)$ 
56:          for every  $k \in [0, |ms_{row}|)$  do ▷ build matching statistics matches
57:            if  $(ms_{len}[k] > 1 \wedge ms_{len}[k] \geq ms_{len}[k + 1]) \vee (k = |z| - 1 \wedge ms_{len}[k] \neq 0)$  then
58:              report match ending in  $k$ , with length  $ms_{len}[k]$ , with at least row  $ms_{row}[k]$ 
in case extend the matches

```

Algorithm B.11 Algoritmo per l'update usando le matching statistics

```

1: function UPDATE( $k, curr\_index, z$ )
2:    $curr\_index \leftarrow lf(k, curr\_index, z[k])$ 
3:    $curr\_run \leftarrow rank_h^{k+1}(curr\_index)$ 
4:    $symb \leftarrow get\_symbol(start^{k+1}, curr\_run)$ 
5:   return ( $curr\_index, curr\_run, symb$ )

```

Algorithm B.12 Algoritmo per la costruzione della struttura per φ e φ^{-1}

```

1: function BUILD_PHI( $cols, panel, prefix$ ) ▷  $prefix$  is the last prefix array
2:    $\varphi \leftarrow [[0..0]..[0..0]], \varphi^{-1} \leftarrow [[0..0]..[0..0]]$  ▷ sparse bit vector panels for  $\varphi$  and  $\varphi^{-1}$ 
3:    $\varphi_{supp} = [], \varphi_{supp}^{-1} = []$  ▷ vectors for  $\varphi$  and  $\varphi^{-1}$  row values
4:   for every  $k \in [0, |cols|)$  do
5:     for every  $i \in [0, |samples_{beg}|)$  do
6:        $\varphi[sample_{beg}^k[i]][k] \leftarrow 1$ 
7:       if  $i = 0$  then
8:          $push(\varphi_{supp}[sample_{beg}^k[i]], panel_{height})$ 
9:       else
10:         $push(\varphi_{supp}[sample_{beg}^k[i]], sample_{end}^k[i - 1])$ 
11:       $\varphi^{-1}[sample_{end}^k[i]][k] \leftarrow 1$ 
12:      if  $i = |sample_{beg}^k| - 1$  then
13:         $push(\varphi_{supp}^{-1}[sample_{end}^k[i]], panel_{height})$ 
14:      else
15:         $push(\varphi_{supp}^{-1}[sample_{end}^k[i]], sample_{beg}^k[i + 1])$ 
16:    for every  $k \in [0, |prefix|)$  do
17:      if  $\varphi[k][|\varphi[k]| - 1] = 0$  then
18:         $\varphi[k][|\varphi[k]| - 1] \leftarrow 1$ 
19:        if  $k = 0$  then
20:           $push(\varphi_{supp}[prefix^k], panel_{height})$ 
21:        else
22:           $push(\varphi_{supp}[prefix^k], prefix^k[i - 1])$ 
23:        if  $\varphi^{-1}[k][|\varphi[k]| - 1] = 0$  then
24:           $\varphi^{-1}[k][|\varphi[k]| - 1] \leftarrow 1$ 
25:          if  $k = |prefix| - 1$  then
26:             $push(\varphi_{supp}^{-1}[prefix^k], panel_{height})$ 
27:          else
28:             $push(\varphi_{supp}^{-1}[prefix^k], prefix^k[i + 1])$ 
29:    build rank/select for every sparse bitvector in  $\varphi$  and  $\varphi^{-1}$ 

```

Algorithm B.13 Algoritmi per le query a φ e φ^{-1}

```

1: function  $\varphi(prefix_{value}, col)$ 
2:    $res \leftarrow \varphi_{supp}^{prefix_{value}}[rank_{\varphi}^{prefix_{value}}(col)]$ 
3:   if  $res = panel_{height}$  then
4:     return  $null$ 
5:   else
6:     return  $res$ 
1: function  $\varphi^{-1}(prefix_{value}, col)$ 
2:    $res \leftarrow \varphi_{supp}^{-1, prefix_{value}}[rank_{\varphi^{-1}}^{prefix_{value}}(col)]$ 
3:   if  $res = panel_{height}$  then
4:     return  $null$ 
5:   else
6:     return  $res$ 

```

Algorithm B.14 Algoritmo per estendere un match in col usando φ , φ^{-1} e MS

```

1: function EXTEND_MATCHES( $col, row, len$ )
2:    $check_{down} \leftarrow \top$ ,  $check_{up} \leftarrow \top$ 
3:   while  $check_{down}$  do
4:      $down_{row} \leftarrow \varphi^{-1}(row, col)$ 
5:     if  $lce\_bounded(col, row, down_{row}, len)$  then
6:        $push(haplos, down_{row})$ 
7:        $row \leftarrow down_{row}$ 
8:     else
9:        $check_{down} \leftarrow \perp$ 
10:  while  $up_{down}$  do
11:     $up_{row} \leftarrow \varphi(row, col)$ 
12:    if  $lce\_bounded(col, row, up_{row}, len)$  then
13:       $push(haplos, up_{row})$ 
14:       $row \leftarrow up_{row}$ 
15:    else
16:       $check_{up} \leftarrow \perp$ 
17:  return  $haplos$ 

```

Appendice C

Esempi di File

Listing C.1 Esempio del formato file in output dopo il calcolo dei match con l'implementazione della **PBWT** di Durbin.

MATCH	0	64435	0	16138	16138
MATCH	0	68611	0	16138	16138
MATCH	0	12520	16136	16351	215
MATCH	0	3578	16136	16351	215
MATCH	0	4042	16136	16351	215
MATCH	0	5446	16136	16351	215
MATCH	0	29111	16136	16351	215
MATCH	0	56327	16136	16351	215
MATCH	0	42859	16136	16351	215
MATCH	0	38750	16136	16351	215
MATCH	0	42872	16136	16351	215
MATCH	0	33743	16136	16351	215
MATCH	0	46913	16136	16351	215
MATCH	0	497	16136	16351	215
MATCH	0	49708	16138	46537	30399
MATCH	1	26103	0	12800	12800
MATCH	1	14003	1671	16731	15060
MATCH	1	66121	7873	29338	21465
MATCH	1	48305	15585	31210	15625
MATCH	1	60588	15585	31210	15625

Listing C.2 Esempio di output di **MaCS**.

```
COMMAND:      ./macs 5 3000 -t 0.001 -r 0.001
SEED:   1656169933
SITE:   0           0.0364063206      0.103883682 00100
SITE:   1           0.0808017426      0.668414883 11101
SITE:   2           0.413947166       0.25054948 01111
SITE:   3           0.714643416       0.175509499 00010
TOTAL_SAMPLES:  5
TOTAL_SITES:    4
BEGIN_SELECTED_SITES
0      1      2      3
END_SELECTED_SITES
```
