

# Capitolo 1

## Introduzione

### 1.1 Inquadramento generale

L’analisi e la comprensione di grosse quantità di dati in questi ultimi anni è diventata una pratica fondamentale per comprendere i fenomeni che ci circondano. In particolare quando questi fenomeni sono descritti da una posizione geografica e da un momento temporale preciso ci permettono di realizzare delle deduzioni che altrimenti sarebbero impensabili.

In questo ramo della ricerca si inserisce il *Data Mining*, ovvero l’insieme di tecniche e metodologie che hanno per oggetto l’estrazione di informazioni utili da grandi quantità di dati attraverso metodi automatici o semi-automatici (*machine learning*).

Nel lavoro svolto in particolare viene effettuata una *analisi delle associazioni*, una tecnica particolare di data mining utilizzata per la ricerca di connessioni di eventi con determinate caratteristiche.

### 1.2 Breve descrizione del lavoro

L’algoritmo preso in esame è lo *Spatio-Temporal Breath-first Miner (STB-FM)* definito da Piotr S. Maciąg and Robert Bembenik. Questo particolare algoritmo permette di definire delle sequenze di tipologie di eventi connesse nello spazio e nel tempo. Viene definito un vicinato basato su un raggio spaziale e un intervallo di tempo dal quale valutare se il singolo evento è ”vicino” ad altri. Questa valutazione viene fatta per tutti gli eventi di uno stesso tipo

rispetto a tutti gli eventi di un altro tipo. Da queste valutazioni si ricava un valore di *connessione* tra tipi compreso tra  $[0, 1]$ , più questo valore tende a 1 più i rispettivi tipi sono associati.

Questo lavoro viene fatto su diverse combinazioni di tipi, queste combinazioni vengono unite in sequenze e a ogni sequenza viene associato il valore di associazione.

es.

$[A, B, C] - 0.8$

$[B, D] - 0.5$

Tramite questi valori dovremmo essere in grado di capire quanto degli eventi sono associati e, in questi casi, cercare di prevenire/supportare (a seconda dei casi) l'evento di tipologia successiva.

Il caso preso in esame è quello dei crimini avvenuti a Boston, utilizzando il database fornito dal Boston Police Department (BPD) in cui sono registrati tutti i crimini avvenuti a Boston dal 2015, etichettandoli con la tipologia (di crimine), le coordinate GPS dell'evento e il momento in cui avvengono, con il giorno e l'orario.

es.

Offence Code	Date	Lat	Long
LarcFromMotVehic	01/01/2018 00:00	4.235.314.550	-7.107.763.936
ResidentialBurglary	01/01/2018 00:00	4.229.755.533	-7.105.970.910
AggravatedAssault	01/01/2018 02:23	4.235.040.583	-7.106.512.526

*Tabella 1.1: esempio eventi*

Esso rispetta tutti i vincoli di applicazione di questo algoritmo, vi è un gran numero di eventi etichettati per tipologia, geolocalizzati spazialmente e temporalmente, pertanto è stato scelto per l'applicazione pratica.

### 1.3 Scopo e prospettive

Lo scopo di questo lavoro è quindi quello di implementare il l'algoritmo *Spatio-Temporal Breath-First Miner (STBFS)* per capire le sue applicazioni

a casi concreti come quello dei crimini di Boston e analizzarne l'efficacia anche in termini di tempi di computazione.

Esso si apre a possibili sviluppi futuri anche in contesti completamente diversi rispetto a quello preso in esame, come ad esempio l'analisi dell'incidenza di epidemie.

## 1.4 Struttura della tesi

La tesi è strutturata nel seguente modo:

- Nel **capitolo due** si parla della base teorica su cui si basa l'algoritmo, in particolare i calcoli che si effettuano e la struttura dati utilizzata nel paper (anche possibili alternative come algoritmo apriori?)
- Nel **capitolo tre** si analizza in modo più approfondito il dataset utilizzato e le varie considerazioni fatte
- Nel **capitolo quattro** si parla dell'implementazione effettuata
- Nel **capitolo cinque** si analizzano i risultati ottenuti sia in termini di tempi di computazione che in termini di significato degli stessi
- **Conclusioni** e prospettive future



# Capitolo 2

## Stato dell'Arte

### 2.1 Paper

Come precedentemente anticipato l'algoritmo oggetto di questo lavoro è **A Novel Breadth-first Strategy Algorithm for Discovering Sequential Patterns from Spatio-temporal Data** di Piotr S. Maciąg e Robert Bembenik del *Instituite of Computer Science, Warsaw University of Tecnology, Nowowiejska 15/19, 00-665, Warsaw, Poland.*

Di seguito vi è la trascritta la base teorica su cui si fonda l'algoritmo e le strutture dati utilizzate per la sua realizzazione.

### 2.2 Vicinato

Il problema che si considera è quello della scoperta di pattern da un certo dataset di istanze di eventi, i quali sono di una certa tipologia, definiamo quindi:

$D \rightarrow$  dataset di istanze di eventi

$F \rightarrow$  insieme di tipologie di eventi

Ogni istanza  $e \in D$  ha:

- chiave di identificazione (unica)
- location spaziale (es. coordinate geografiche)
- istante temporale

- tipologia  $f \in F$

La sequenza di eventi (pattern) è così definita:

$$\vec{s} = f_{i_1} \rightarrow f_{i_2} \rightarrow \dots \rightarrow f_{i_n}, \text{ dove } f_{i_1}, f_{i_2}, \dots, f_{i_n} \in F$$

Quindi per ogni due tipologie di eventi consecutive in una sequenza  $f_{i_{j-1}} \rightarrow f_{i_j}$ , le istanze dell'evento  $j - 1$  sono connesse con il tipo successivo spazialmente e temporalmente.

L'insieme di eventi collegati in questo modo a una determinata istanza viene definito **neighborhood** o vicinato.

### Esempio

Consideriamo una situazione come quella in Fig. 2.1, dove:

$$D = \{a1, a2, b1, b2, b3, b4, b5, b6, b7, b8, c1, c2, c3, c4\}$$

$$F = \{A, B, C\}$$

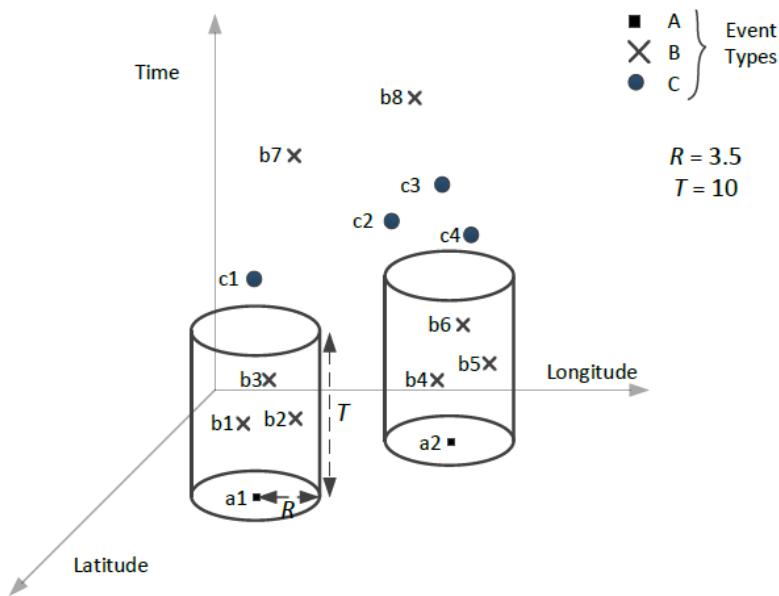


Figura 2.1: esempio di istanze con vicinato degli eventi di tipo A

Una sequenza significativa per esempio potrebbe essere  $\vec{s} = A \rightarrow B \rightarrow C$ . Per valutare la connessione  $A \rightarrow B$  bisogna considerare il *neighborhood* tra le loro istanze. Come si nota dalla figura è stato scelto un raggio spaziale pari a  $R = 3.5$  e un intervallo temporale pari a  $T = 10$  per la dimensione del vicinato.

## 2.3 Nozioni di base

Dopo aver inquadrato graficamente il problema ora definiamo formalmente i concetti base usati per il calcolo di tutte le sequenze pattern usati nell'algoritmo.

**Spazio Neighborhood** Con  $V_{N(e)}$  denotiamo lo spazio di neighborhood (vicinato) dell'istanza  $e$ . Questo spazio si basa su tre dimensioni, che sono le due dimensioni spaziali - latitudine e longitudine - e la dimensione temporale. Graficamente ne risulta un cilindro, con parametri  $R$  che denota il raggio spaziale e  $T$  l'intervallo temporale.

In Figura 2.2 vengono mostrati i due neighborhood tratti dall'esempio della Figura 2.1:  $V_{N(a1)}$  e  $V_{N(a2)}$ .



Figura 2.2:  $V_{N(a1)}$  e  $V_{N(a2)}$

**Neighborhood rispetto a una tipologia di evento** Data una certa istanza  $e$ , il *neighborhood* di  $e$  è definito nel modo seguente:

$$\begin{aligned} N_f(e) = \{ & e | p \in D(f) \\ & \wedge \text{distance}(p.location, e.location) \leq R \\ & \wedge (p.time - e.time) \in [0, T] \} \end{aligned}$$

dove  $R$  e  $T$  sono i parametri dello spazio di vicinato  $V_{N(e)}$  e  $D(f)$  è l'insieme di istanze degli eventi di tipo  $f$  nel dataset  $D$ .

Nota si considerano solo gli eventi che si susseguono dal punto di vista temporale, in quanto è poco significativo considerare gli eventi passati dell'istanza nella ricerca di sequenze.

Riassumendo con  $N_f(e)$  denoto l'insieme di istanze di tipo  $f$  contenute all'interno dello spazio  $V_{N(e)}$ .

Nel nostro *esempio* della Figura 2.2:

$$N_B(a1) = \{b1, b2, b3\} \text{ e } N_B(a2) = \{b4, b5, b6\}$$

**Set di istanze** Per una sequenza di tipi di eventi  $\vec{s} = \vec{s}[1] \rightarrow \vec{s}[2] \rightarrow \dots \rightarrow \vec{s}[m]$  di lunghezza  $m$ , gli insiemi (set) di istanze  $I(\vec{s}[1]), I(\vec{s}[2]), \dots, I(\vec{s}[m])$  che sono inclusi nella sequenza  $\vec{s}$  sono definiti come segue:

1. Per un tipo di evento  $\vec{s}[1]$ , il set di istanze  $I(\vec{s}[1])$  è definito come:

$$I(\vec{s}[1]) = D(\vec{s}[1])$$

2. Per i tipi  $\vec{s}[2] \rightarrow \dots \rightarrow \vec{s}[m]$  con  $i = 2, 3, \dots, m$ , gli insiemi di istanze  $I(\vec{s}[i])$  sono definiti così:

$$I(\vec{s}[i]) = distinct(\bigcup_{e \in I(\vec{s}[i-1])} N_{\vec{s}[i]}(e))$$

In pratica per il primo tipo di evento (d'ora in poi nominato solo "tipo") che partecipa alla sequenza  $\vec{s}$ , il set di istanze  $I(\vec{s}[1])$  corrisponde al set di istanze di tipo  $\vec{s}[1]$  in  $D$ , ovvero  $D(\vec{s}[1])$ .

Per i tipi successivi di  $\vec{s}$ , i set  $I(\vec{s}[i])$  sono definiti come insiemi di istanze contenute nei vicinati di istanze a partire da  $I(\vec{s}[i-1])$ .

Seguendo questo meccanismo si valuta tutta la sequenza e tendendo in considerazione l'insieme di istanze calcolato al passaggio precedente.

Consideriamo la sequenza  $\vec{s} = A \rightarrow B$  dal dataset dell'*esempio* in Figura 2.1. In questo caso avremmo i seguenti set di istanze:

$$I(\vec{s}[1]) = \{a1, a2\}$$

$$I(\vec{s}[2]) = \{b1, b2, b3, b4, b5, b6\}$$

**Participation Ratio** Data una sequenza  $\vec{s} = \vec{s}[1] \rightarrow \vec{s}[2] \rightarrow \dots \rightarrow \vec{s}[m]$  il *participation rateo* tra due tipi consecutivi contenuti in  $\vec{s}$  è definito:

$$PR(\vec{s}[i-1] \rightarrow \vec{s}[i]) = \frac{|I(\vec{s}[i])|}{|D(\vec{s}[i])|}$$

questo valore corrisponde al numero di istanze distinte di tipo  $\vec{s}[i]$  contenute nei neighborhoods delle istanze di tipo  $\vec{s}[i-1]$  diviso il numero di istanze di tipo  $\vec{s}[i]$  presenti nel dataset  $D$ .

Per ogni coppia di tipi consecutivi  $(\vec{s}[i-1], \vec{s}[i])$  in una sequenza  $\vec{s}$  il *participation rateo* è definito come il rapporto tra  $|I(\vec{s}[i])|$  e  $|D(\vec{s}[i])|$  e il suo valore è compreso nel range  $[0, 1]$ .

**Participation Index** Data una sequenza lunga  $m$ :  $\vec{s} = \vec{s}[1] \rightarrow \vec{s}[2] \rightarrow \dots \rightarrow \vec{s}[m]$ , il *participation index* è così definito:

1. se  $m = 2$ :

$$PI(\vec{s}) = PR(\vec{s}[1] \rightarrow \vec{s}[2])$$

2. se  $m > 2$ :

$$PI(\vec{s}) = \min \begin{cases} PI(\vec{s}^*) \\ PR(\vec{s}[m-1] \rightarrow \vec{s}[m]) \end{cases}$$

dove  $\vec{s}^* = \vec{s}[1] \rightarrow \vec{s}[2] \rightarrow \dots \rightarrow \vec{s}[m-1]$

Il *participation index* corrisponde al minimo di tutti i *participation rate* calcolati su due tipi consecutivi presenti in  $\vec{s}$ , ed è il nostro valore di output dell'algoritmo.

Intuitivamente lo possiamo pensare come il numero di istanze di eventi collegate alle istanze di tipi connessi precedentemente secondo un ordine stabilito dalla sequenza e questo ci dà la misura di quanto la sequenza sia correlata.

Consideriamo il nostro *esempio* della Figura 2.1, per la sequenza  $\vec{s} = A \rightarrow B$  il  $PI(\vec{s}) = 0.75$  ( $PI(A \rightarrow B) = PR(A \rightarrow B) = \frac{6}{8} = 0.75$ ) che è un buon risultato di correlazione.



# Capitolo 3

## Algoritmo

### 3.1 STM Algorithm

Definiti i concetti teorici di base ora verrà descritto l'algoritmo Spatio-Temporal Miner che permette di trovare tutte le sequenze pattern con *participation index* maggiori di una certa soglia **threshold**  $\theta$  data dall'utente.

La definizione di un  $\theta$  permette di considerare come risultato solo le sequenze più significative e ignorare dalla computazione, invece, quelle che hanno un livello di correlazione troppo basso.

Naturalmente bisogna considerare che l'utente definisce il parametro  $\theta$  ma anche il raggio spaziale  $R$  e l'intervallo temporale  $T$  che sono imprescindibili per il calcolo del neighborhood.

**Algorithm 1** L'algoritmo che sta alla base a tutto è l'Algorithm 1. Inizialmente genera le sequenze candidato di lunghezza 2, unendo ciascun tipo con tutti gli altri facendo tutte le combinazioni possibili. A tutte queste sequenze viene calcolato il *set di istanze* e basandosi su questo si calcolano i *participation index* (PI) attraverso la funzione VerifyCandidates.

Nella fase che segue vengono generate le sequenze candidato del livello successivo ( $C_k$ ) attraverso la funzione CandidateGen (riga 5), con calcolo dei *set di istanze* annessi. Successivamente vengono calcolati i valori di PI associati alle sequenze appena generate ( $L_k$ ), sempre utilizzando la funzione VerifyCandidates (riga 6).

Queste operazioni avvengono per ogni livello iterativamente finché il livello precedente ( $k - 1$ ) non sia vuoto. Tutti questi risultati vengono registrati nella famiglia di insiemi  $L$  che verrà poi ritornata.

---

**Algorithm 1:** Spatio-temporal breath first miner for discovering significant sequential patterns (STBFM)

---

**Data:** D - dataset delle istanze degli eventi, F - insieme di tipi di eventi, R - raggio spaziale, T - intervallo temporale,  $\theta$  - threshold

**Result:**  $Top$  - insieme delle  $N$  sequenze più significative

```
1  $C_2 :=$  generazione candidati di lunghezza 2
2  $L_2 :=$  VerifyCAndicates( $C_2$ )
3  $k = 3$ 
4 while  $L_{k-1} \neq \emptyset$  do
5    $C_k :=$  CandidateGen( $L_{k-1}$ )
6    $L_k :=$  VerifyCandidates( $C_k$ )
7   Add  $L_k$  to  $L$ 
8    $k := k + 1$ 
9 return  $L$ 
```

---

---

**Algorithm 2:** VerifyCandidates

---

**Data:**  $C_m$  - insieme di candidati sequenze di tipi di lunghezza  $m$ ,  $\theta$  - threshold

**Result:**  $L_m$  - insieme di sequenze di tipi significativi di lunghezza  $m$

```
1  $C_m := \emptyset$ 
2 foreach  $\vec{s} \in C_m$  do
3   CalculatePI( $\vec{s}$ )
4   if  $PI(\vec{s}) \geq \theta$  then
5     Add  $\vec{s}$  to  $L_m$ 
6 return  $L_m$ 
```

---

**Algorithm 2** L'Algorithm 2 ha il compito di verificare le sequenze candidato. Questa verifica consiste nel calcolo del *participation index* della sequenza e se questo valore supera il threshold  $\theta$  allora la si accetta, altrimenti si rifiuta. Questa valutazione viene effettuata iterativamente per tutte le sequenze candidato.

Il calcolo del PI viene effettuato seguendo la definizione nella sua applicazione nell'**Algorithm 4**.

---

**Algorithm 3:** CandidateGen( $L_{m-1}$ )

---

**Data:**  $L_{m-1}$  - insieme di sequenze di tipi di lunghezza  $m-1$   
**Result:**  $C_m$  - insieme di candidati sequenze di tipi di lunghezza  $m$

```

1  $C_m := \emptyset$ 
2 foreach  $\vec{s}_i \in L_{m-1}$  do
3   foreach  $\vec{s}_j \in L_{m-1} \wedge \vec{s}_i \neq \vec{s}_j$  do
4     if  $\vec{s}_i[2] = \vec{s}_j[1] \wedge \vec{s}_i[3] = \vec{s}_j[2] \wedge \dots \wedge \vec{s}_i[m] = \vec{s}_j[m-1]$  then
5        $\vec{s} := \vec{s}_i[1] \rightarrow \vec{s}_i[2] \rightarrow \dots \rightarrow \vec{s}_i[m-1] \rightarrow \vec{s}_j[m-1]$ 
6        $I(\vec{s}[1]) := I(\vec{s}_i[1]) \wedge I(\vec{s}[2]) := I(\vec{s}_i[2]) \wedge \dots \wedge$ 
7        $I(\vec{s}[m-1]) := I(\vec{s}_i[m-1]) \wedge I(\vec{s}[m]) :=$ 
         CalculateNeighborhood( $I(\vec{s}_i[m-1]), I(\vec{s}_j[m-1])$ )
    7   Add  $\vec{s}$  to  $C_m$ 
8 return  $C_m$ 

```

---

**Algorithm 3** L'Algorithm 3 genera un insieme di sequenze candidato di lunghezza  $m$  basate sulle sequenze già analizzate di lunghezza  $m-1$ .

La generazione avviene seguendo questa logica:

due sequenze di lunghezza  $m-1$  si uniscono per creare una nuova sequenza di lunghezza  $m$ , se contengono gli stessi tipi di eventi in certe posizioni: il secondo tipo della prima sequenza è uguale al primo tipo della seconda sequenza, il terzo tipo della prima sequenza è uguale al secondo tipo della seconda sequenza e così via finché l'ultimo tipo della prima sequenza non è uguale al penultimo tipo della seconda sequenza.

*Esempio:*

$$P_1 = \{A \rightarrow B \rightarrow C \rightarrow D\} \text{ (sequenza lunga } m-1\text{)}$$

$$P_2 = \{B \rightarrow C \rightarrow D \rightarrow E\} \text{ (sequenza lunga } m-1\text{)}$$

$$P_{new} = \{A \rightarrow B \rightarrow C \rightarrow D \rightarrow E\} \text{ (sequenza lunga } m\text{)}$$

Come si può notare la nuova sequenza ha tutti i tipi della prima sequenza e in fondo l'ultimo tipo della seconda sequenza.

Per quanto riguarda il calcolo del *set di istanze* (riga 6) ci sono 2 possibili casi:

1. per i tipi di eventi dal primo al penultimo elemento della sequenza, il set di istanze è lo stesso di quello della prima sequenza quindi di  $I(\vec{s}_i[m-1])$

2. per l'ultimo tipo di eventi, il set di istanze è dato dal neighborhood che c'è tra il penultimo tipo (che corrisponde al set di istanze della prima sequenza) e l'ultimo tipo della seconda sequenza, ovvero  
 $\text{CalculateNeighborhood}(I(\vec{s}_i[m - 1]), I(\vec{s}_j[m - 1]))$

Per il calcolo del vicinato si utilizza la definizione applicata nell'**Algorithm 5**.

**Algorithm 4** L'Algorithm 4 definisce il calcolo del *participation index* come definito dalla formula:  $PI(\vec{s}) = \min \begin{cases} PI(\vec{s}^*) \\ PR(\vec{s}[m - 1] \rightarrow \vec{s}[m]) \end{cases}$

---

**Algorithm 4:** CalculatePI( $\vec{s}$ )

---

**Data:**  $\vec{s} = \vec{s}[1] \rightarrow \vec{s}[2] \rightarrow \dots \rightarrow \vec{s}[m - 1] \rightarrow \vec{s}[m]$  - una sequenza di tipi di eventi

**1 return**  
 $\min(PI(\vec{s}[1] \rightarrow \vec{s}[2] \rightarrow \dots \rightarrow \vec{s}[m - 1]), PR(\vec{s}[m - 1] \rightarrow \vec{s}[m]))$

---

**Algorithm 5** L'Algorithm 5 si occupa del calcolo del neighborhood. Esso viene applicato secondo la definizione data in precedenza, però non prendendo i dati direttamente dal dataset. Si considera  $I(\vec{s}_i[m - 1])$  come set di partenza e si considera il vicinato con l'ultimo elemento della seconda sequenza  $I(\vec{s}_j[m - 1])$ .

---

**Algorithm 5:** CalculateNeighborhood( $I(\vec{s}_i[m - 1]), I(\vec{s}_j[m - 1])$ )

---

**Data:**  $I(\vec{s}_i[m - 1])$  - un insieme di istanze di tipo  $\vec{s}[m]$  della sequenza  $\vec{s}_i$ ,  $I(\vec{s}_j[m - 1])$  - un insieme di istanze di eventi di tipo  $\vec{s}_j[m]$  della sequenza  $\vec{s}_j$

**Result:**  $I(\vec{s}[m])$  - un insieme di istanze di eventi di tipo  $\vec{s}[m]$  della sequenza candidato  $\vec{s}$

**1 return**  $I(\vec{s}[i])$  as  $distinct(\bigcup_{e \in I(\vec{s}_i[m - 1])} N_{\vec{s}_j[m - 1]}(e))$

---

Come si può da subito notare il carico computazionale più pesante lo si ha nell'Algorithm 3, la CandidateGen. In quell'algoritmo bisogna valutare tutte le possibili coppie di sequenze del livello precedente se sono compatibili tra

loro per generare le nuove sequenze del livello successivo, fatto ciò calcolare il set di istanze.

Se consideriamo anche solo un dataset di 10.000 record con 20 tipi di eventi, significa che l'algoritmo itera sui 10.000 record migliaia di volte per ciascuna sequenze da generare.

Certamente un threshold  $\theta$  alto ci permette di ignorare diverse combinazioni, però è un parametro handmade. Pertanto se si sceglie un  $\theta$  troppo alto si rischia di avere pochi risultati con PI molto alto, se si sceglie un  $\theta$  troppo basso si rischia di considerare troppe sequenze che dilaterebbero troppo i tempi di computazione.

Per questi motivi viene definita una nuova struttura ad albero per evitare moltissime di queste computazioni (SPTree) e viene migliorato l'algoritmo in modo da rendere il parametro  $\theta$  variabile in base al numero di risultati significativi, come vediamo di seguito.

## 3.2 Albero - SPTree

A sostegno dell'algoritmo viene definita una struttura ad albero dedicata per ridurre drasticamente il numero delle computazioni, in particolare per quanto riguarda la generazione di sequenze candidato nuove.

L'albero è chiamato Sequence Pattern Tree (SPTree).

### INSERIRE DEFINIZIONE DI ALBERO DAL CORMAN

Consideriamo un insieme di tipi di eventi di questo tipo:  $F = \{A, B, C, D, E, F\}$  e un insieme  $L$  di sequenze pattern presentate in Tabella 3.1.

$F$	$A, B, C, D, E, F$
$L$	Sequenze pattern
$L_2$	$A \rightarrow B, B \rightarrow C, B \rightarrow D, C \rightarrow E, C \rightarrow F.$ $A \rightarrow B \rightarrow C, A \rightarrow B \rightarrow D,$
$L_3$	$B \rightarrow C \rightarrow E, B \rightarrow C \rightarrow F.$
$L_4$	$A \rightarrow B \rightarrow C \rightarrow E, A \rightarrow B \rightarrow C \rightarrow F.$

Tabella 3.1: esempio di sequenze pattern

Partendo dalla radice verranno inserite tutte le sequenze significative secondo i criteri che seguono.

La **root** avrà come figli tutti i tipi di eventi presenti in  $F$ . Assumiamo che le sequenze di lunghezza 2 ( $L_2$ ) siano state generate dai tipi di partenza effettuando tutte le combinazioni tra di essi, con le verifiche del *participation rateo* come presentato dal  $L_2$  dell'albero in Figura 3.1.

Per ogni sequenza, quindi ogni nodo dell'albero, utilizziamo tre strutture di dati: *firstParent*, *secondParent* e *children*.

Per la generazione dei **nodi** si procede per livello, ovvero ci si basa sul livello immediatamente precedente e si genera quello sottostante, seguendo queste procedure:

- se la sequenza  $\vec{s}'$  è stata creata unendo i tipi di eventi  $f_{i_1}$  e  $f_{i_2}$  a  $\vec{s}' = f_{i_1} \rightarrow f_{i_2}$ , allora:  
 $firstParent(\vec{s}') := f_{i_1}$

$\text{secondParent}(\vec{s}) := f_{i_2}$   
 $\vec{s}$  viene aggiunta ai  $\text{children}(\vec{s})$

- se la sequenza  $\vec{s}$  è stata creata dalle sequenze  $\vec{s}_i$  e  $\vec{s}_j$ , allora:  
 $\text{firstParent}(\vec{s}) := \vec{s}_i$   
 $\text{secondParent}(\vec{s}) := \vec{s}_j$   
 $\vec{s}$  viene aggiunta ai  $\text{children}(\vec{s})$

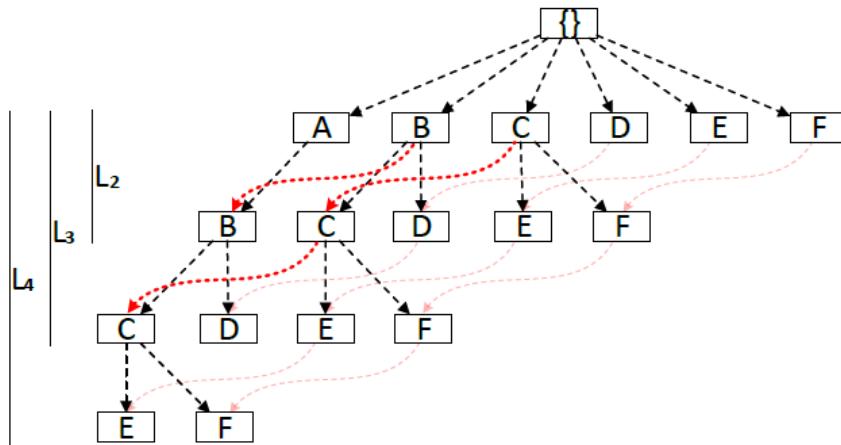


Figura 3.1: SPTree basato sulle sequenze della Tabella 3.1

### Esempio

Consideriamo la sequenza  $A \rightarrow B$  dalla Tabella 3.1 e quindi la sua memorizzazione nel SPTree come in Figura 2.3. Assumiamo che dobbiamo generare i candidati di lunghezza 3 quindi generare il terzo livello dell'albero.

In questo caso  $A \rightarrow B$  può essere estesa con due diversi tipi  $C$  o  $D$ , in quanto  $A \rightarrow B$  ha come  $\text{secondParent}$  il tipo  $B$  ed esso ha come sequenze figlio ( $\text{children}$ )  $B \rightarrow C$  e  $B \rightarrow D$ , pertanto le posso aggiungere alla sequenza  $A \rightarrow B$ . Seguendo questo processo viene generato l'SPTree.

### **3.3 STBFM**

dfghj

### **3.4 Alternativa - Algoritmo apriori**