

12. cvičení

Datové struktury I, 18. 12. 2023

<https://iuuk.mff.cuni.cz/~chmel/2324/ds1/>

Úloha 1 (Suffixové a LCP pole v praxi)

Společně si ukážeme jak sestavit obě pole na řetězci CAGTAGCTGTA.

Zkuste si to potom sami na řetězci TATGTCAGTATCTC.

Řešení

i	SA[i]	LCP[i]	Suffix	RA[SA[i]]	RA[SA[i]+k]	tempRA[SA[i]]
0	11	-	\$	0	0	0
1	10	-	A\$	1	0	1
2	4	-	AGCTGTA\$	2	7	2
3	1	-	AGTAGCTGTA\$	3	6	3
4	0	-	CAGTAGCTGTA\$	4	2	4
5	6	-	CTGTA\$	5	1	5
6	5	-	GCTGTA\$	6	9	6
7	8	-	GTA\$	7	0	7
8	2	-	GTAGCTGTA\$	8	5	8
9	9	-	TA\$	9	0	9
10	3	-	TAGCTGTA\$	10	11	10
11	7	-	TGTA\$	11	0	11

i	SA[i]	LCP[i]	Sorted Suffix T[SA[i]-]	Phi[i]	PLCP[i]	Positional Suffix T[i]
0	11	0	\$	1	0	CAGTAGCTGTA\$
1	10	0	A\$	4	2	AGTAGCTGTA\$
2	4	1	AGCTGTA\$	8	3	GTAGCTGTA\$
3	1	2	AGTAGCTGTA\$	9	2	TAGCTGTA\$
4	0	0	CAGTAGCTGTA\$	10	1	AGCTGTA\$
5	6	1	CTGTA\$	6	0	GCTGTA\$
6	5	0	GCTGTA\$	0	1	CTGTA\$
7	8	1	GTA\$	3	1	TGTA\$
8	2	3	GTAGCTGTA\$	5	1	GTA\$
9	9	0	TA\$	2	0	TA\$
10	3	2	TAGCTGTA\$	11	0	A\$
11	7	1	TGTA\$	-1	0	\$

i	SA[i]	LCP[i]	Suffix	RA[SA[i]]	RA[SA[i]+k]	tempRA[SA[i]]
0	12	-	\$	0	0	0
1	6	-	AGTATC\$	1	10	1
2	9	-	ATC\$	2	0	2
3	1	-	ATGTCAGTATC\$	3	5	3
4	11	-	C\$	4	0	4
5	5	-	CAGTATC\$	5	2	5
6	7	-	GTATC\$	6	4	6
7	3	-	GTCAGTATC\$	7	6	7
8	8	-	TATC\$	8	0	8
9	0	-	TATGTCAGTATC\$	9	11	9
10	10	-	TC\$	10	0	10
11	4	-	TCAGTATC\$	11	8	11
12	2	-	TGTCAGTATC\$	12	1	12

i	SA[i]	LCP[i]	Sorted Suffix T[SA[i]]	Phi[i]	PLCP[i]	Positional Suffix T[i]
0	12	0	\$	8	3	TATGTCAGTATCS
1	6	0	AGTATCS	9	2	ATGTCAGTATCS
2	9	1	ATCS\$	4	1	TGTCAGTATCS
3	1	2	ATGTCAGTATCS	7	2	GTCAGTATCS
4	11	0	C\$	10	2	TCAGTATCS
5	5	1	CAGTATCS	11	1	CAGTATCS
6	7	0	GTATCS	12	0	AGTATCS
7	3	2	GTCAGTATCS	5	0	GTATCS
8	8	0	TATCS	3	0	TATCS
9	0	3	TATGTCAGTATCS	6	1	ATCS
10	10	1	TCS\$	0	1	TCS
11	4	2	TCAGTATCS	1	0	C\$
12	2	1	TGTCAGTATCS	-1	0	\$

Úloha 2 (Skoro advent of code)

Ze sopky se vám podařilo zachránit hromadu slonů¹. Díky vašim expertním znalostem různých sloních druhů jste zpozorovali, že ve skutečnosti máte slony dvou různých druhů, a protože oba druhy mají jiné preference potravy, chcete je od sebe rozdělit, ať se na vás některý ze slonů nenaštve. Bohužel je od sebe nejste schopni odlišit přímo, ale víte, že se liší svou DNA. Navíc jako správní matfyzáci s sebou máte přístroj na sekvenování DNA, který zároveň automaticky vygeneruje i sufixové a LCP pole daného řetězce DNA.

Každému slonovi tedy (s jejich souhlasem) vysekvenujete relevantní kousek DNA, který si můžeme představit jako řetězec. Po důkladném prostudování příručky *Jak se liší sloni* jste zjistili, že hlavní rozdíl jejich DNA je v délce nejdelší opakující se podposloupnosti bází DNA. Konkrétně, pokud je délka takového řetězce lichá, jedná se o slona indického, zatímco slon africký má nejdelší takovou podposloupnost sudé délky. Pro každého slona určete, zda se jedná o slona afrického či slona indického.

Pokud vás nezajímají příběhy: nalezněte v řetězci, když máte jeho sufixové i LCP pole, délku nejdelšího opakujícího se podřetězce.

Řešení

Prostě najdeme největší hodnotu v LCP poli, a ta odpovídá nejdelšímu opakujícímu se podřetězci.

Úloha 3 (Hledáme palindrom)

Máte řetězec α . Nalezněte pomocí LCP pole či sufixového pole nejdelší palindromický (souvislý) podřetězec α . (Řetězec je palindromický, jestliže je stejný, když jej čteme zepředu i zezadu.)

Řešení

Seženeme si znak $\#$, který se v řetězci jinak nevyskytuje, a potom vezmeme $\alpha\#\alpha^R$, a sestavíme si LCP, rankové i sufixové pole. Navíc si ještě nad LCP polem postavíme intervalový strom, který bude počítat minimum v každém podstromě.

Potom si rozdělíme potenciální palindromy na palindromy liché a sudé délky. Pro palindromy liché délky projdeme všechny indexy $i \leq |\alpha|$, a zjistíme si s pomocí stromu $LCP(R[i], R[2|\alpha|+1-i])$. Pro palindromy sudé délky projdeme stejně všechny indexy $i \leq |\alpha|$, a zjistíme si $LCP(R[i], R[2|\alpha|-i])$, a zkontrolujeme, že $\alpha[i] = \alpha[i-1]$.

Úloha 4 (Sloni jsou nějak zvědaví)

Když se sloni dozvěděli, co všechno váš sekvencer umí, zajímala by je ještě další věc: přečetli si, že podřetězec P délky n odpovídá zvýšené inteligenci, a tak by je zajímalo, jestli mají takové predispozice. Když máte relevantní část jejich genomu G délky m , nejprve si připomeňte triviální algoritmus hledání jehly v seně v čase $\mathcal{O}(n \log m)$ (můžete předpokládat, že sufixové pole máte už sestavené).

Dále si představte, že pro libovolné dva řetězce x, y umíte spočítat $LCP(x, y)$ v konstantním čase. Upravte triviální algoritmus tak, aby trval jenom $\mathcal{O}(\log m)$.

Řešení

Triviální: binárně vyhledáváme nad sufixovým polem a porovnáváme řetízky, abychom zjistili, kterým směrem se vydat.

¹Viz příběh Advent of code 2022, dny 16-18: <https://adventofcode.com/2022/day/16>.

Lepší: vždycky se zeptáme na LCP(jehla, prostřední sufix sena), a pak se podíváme na další znak, a podle toho jdeme doleva nebo doprava.

Bonusy

Úloha 5 (Advent of code intensifies)

Sloni jsou ale realisté, takže si jsou vědomi toho, že obecné LCP nejde spočítat v konstantním čase. Na druhou stranu ale objevili hromadu dalších podřetězců, které údajně odpovídají všem možným vlastnostem, takže by byli moc rádi, kdyby algoritmus byl co nejrychlejší.

Co ale kdybychom uměli v konstantním čase spočítat LCP libovolných dvou *sufixů* v genomu (seně)?² Nalezněte v tom případě algoritmus na hledání jehly délky n v seně délky m běžící v čase $\mathcal{O}(n + \log m)$.

Hint: V sufixovém poli máme všechny sufixy G lexikograficky seřazené, takže v něm můžeme binárně vyhledávat a zajímá nás takový sufix, jehož prefixem je právě P . Jenom je potřeba při porovnání řetězců porovnávat jenom ty správné části, aby nás všechna porovnání dohromady stála $\mathcal{O}(n)$. Cílem je tedy využívat informace o společných prefixech mezi prvky sufixového pole k udržování informací o společném prefixu P s relevantními řetězci v S .

Řešení

Během binárního vyhledávání máme vždy minimální i_l a maximální i_r index v S , které nám určují zmenšující se oblast, v níž ještě vyhledáváme, a střední index $i_m = \lfloor \frac{i_l + i_r}{2} \rfloor$, podle kterého dělíme. Zároveň si udržujeme délku společného prefixu P s hraničními sufixy $d_l = \text{LCP}(P, S[i_l])$, $d_r = \text{LCP}(P, S[i_r])$, tu na začátku spočítáme porovnáním znak po znaku.

Během každého kroku binárního vyhledávání vybereme hranici s delším společným prefixem s P podle d_l vs d_r , zjistíme LCP této hranice se středem $S[i_m]$. Teď z výsledku buď umíme určit $\text{LCP}(P, S[i_m])$: BÚNO $d_l \geq d_r$, pak pokud výsledné $\text{LCP}(S[i_l], S[i_m]) > d_l$, pokračujeme v pravé části. Pokud je výsledné $\text{LCP}(S[i_l], S[i_m]) < d_l$, pokračujeme v levé části. Pokud došlo k rovnosti, pokračujeme porovnáváním dalšího znaku.

Úloha 6 (Vlastně můžeme trochu zeslabit předpoklady)

Víme, že v lineárním čase lze k S dopočítat pole LCP (Kasaiovým algoritmem). Ukažte, že potom je v lineárním čase možné dopočítat všechny hodnoty, které algoritmus v předchozí úloze potřebuje.

Řešení

Strom binárního vyhledávání je fixní a má lineární velikost, takže můžeme počítat hodnoty odpovídající jednotlivým stavům binárního vyhledávání bottom-up: listy máme okamžitě z LCP pole, vnitřní vrcholy pak jsou minimum jejich synů.

Úloha 7 (Něco „praktičtějšího“)

Při hashování často počítáme modulo, ale to se přeloží do strojového kódu jako operace `idiv`, která je hodně drahá (latence pro 64 bitová čísla může být, dle procesoru, klidně i řádově desítky cyklů). Existují ale speciální prvočísla, tzv. Mersennova, pro která to jde rychleji. Ta mají tvar $p = 2^s - 1$.

Zkuste naimplementovat modulo Mersennovo prvočísla jen pomocí bitových operací (bitshift, bitwise and/or), sčítání, odčítání a porovnávání (obecně rychlých operací).

Řešení

Chceme spočítat $k \bmod p, p = 2^s - 1$. Stačí vzít $i = (k \& p) + (k \gg s)$, a vrátit `if i >= p then i-p else i`. Tohle předpokládá $k \leq 2^{2s} - 1$, jinak bude potřeba počítat rekurzivně.

Proč? Rozdělíme $k = x \cdot 2^s + r \equiv_{2^s-1} x + r$, kde r získáme bitmaskou, a k jsme bitshiftem vydělili 2^s .

Tahák

- Pro řetězec α s pythoním značením podřetězců (tj. indexujeme od nuly, $\alpha[i : j]$ obsahuje všechny znaky od indexu i po index $j - 1$, vynechání jedné souřadnice znamená "od začátku", resp. "do konce") máme následující:
- sufixové pole S : $S[i]$ říká index takový, že $\alpha[S[i] :]$ je lexikograficky i -tý sufix řetězec α
- rankové pole R : $R[i]$ říká, kolikátý je lexikograficky sufix $\alpha[i :]$

²Tento předpoklad je silnější než jenom mít LCP pole, protože umíme počítat i LCP lexikograficky nesousedních sufixů.

- LCP pole L : $L[i]$ říká, kolik znaků na začátku spolu sdílejí $\alpha[S[i] :]$, $\alpha[S[i + 1] :]$ (tedy lexikograficky i -tý a $(i + 1)$ -ní sufix α)

Domácí úkol

Úloha 1 (Hezké svátky!)

Užijte si vánoční prázdniny!

Řešení