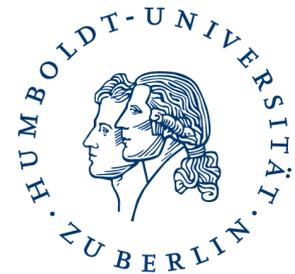


Algorithmische Bioinformatik

Suche nach mehreren Mustern:
Keyword-Trees / Aho-Corasick Algorithmus



Ulf Leser
Wissensmanagement in der
Bioinformatik



Inhalt dieser Vorlesung

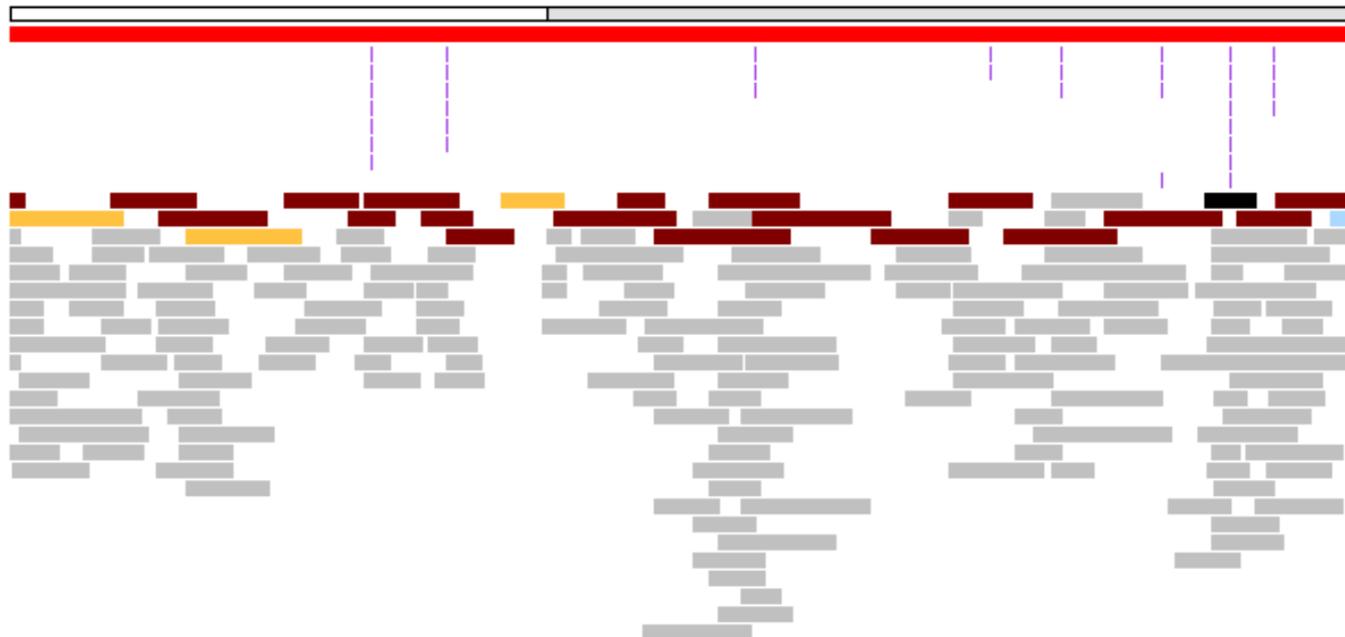
- Suche nach mehreren Mustern
- Keyword-Trees
 - Definition
 - Failure Links zur Suche
 - Konstruktion von Failure-Links in linearer Zeit
 - Output-Links
 - Ein cleverer Trick
- Suche mit Wildcards

Suche nach mehreren Mustern

- Bisher: Suche eines Pattern P in einem String T
- Jetzt: Gleichzeitige Suche nach **mehreren Pattern** P_1, \dots, P_z
- Motivation
 - Suchmaschinen: „xyz AND abc“
 - Achtung: Das macht man in der **Praxis nicht** mit Keyword-Trees
 - Lokalisierung einer neuen Sequenz auf einer STS/EST Karte
 - Suche nach **typischen Primern** / Vektoren in einer DNA
 - Suche nach Schnittstellen verschiedener Restriktionsenzyme
 - Suche nach Bindungsstellen mehrerer Transkriptionsfaktoren
 - ...

Mapping und Sequenzierung

- Mapping-basierter Ansatz zur Genomsequenzierung
 - Zerlegung in Bruchstücke (Reads)
 - Bestimmung **aller Überlappungen**
 - Bestimmung des Minimum Tiling Paths
 - Sequenzierung nur dieser Reads

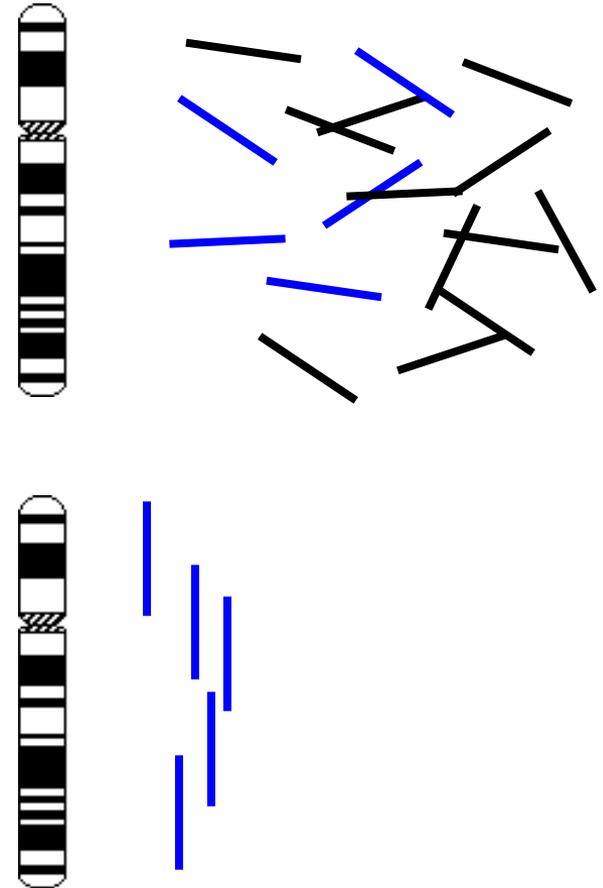


DNA Marker

- Eindeutig im Genom lokalisierbare „Punkte“
- STS: Sequence-tagged Sites
 - Genomweit eindeutige Sequenzen
 - Länge 300-500 Basenpaare
- EST: Expressed Sequence Tags
 - Genomweit eindeutige kodierende Sequenzen
 - Länge 300-500 Basenpaare

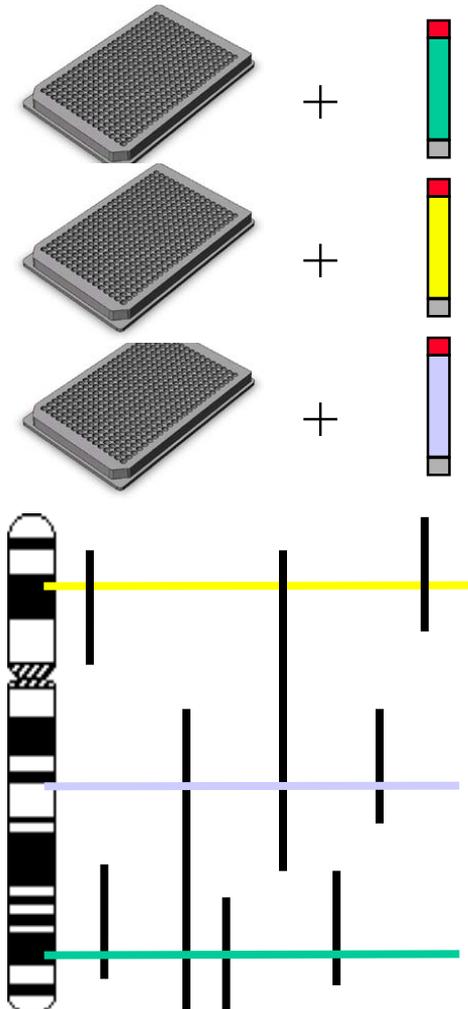
Kartierungstechniken

- Wie findet man Überlappungen?
 - Zwei Bruchstücke überlappen sich
 - Wenn Sequenzen bekannt: **Alignierung**
 - Experimentell: Hybridisierung
 - Sie enthalten den gleichen Marker
 - Wenn Sequenzen bekannt: **Electronic PCR**
 - Experimentell: PCR

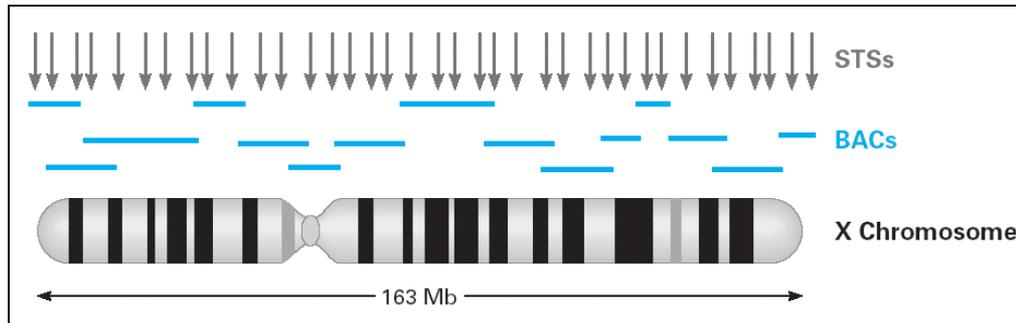


STS Content Mapping

- Gegeben: Clone, STS mit Position in Genom
- Welcher Clone enthält welche STS?
 - Experimentell: PCR mit jedem STS
 - „Anchoring“ der Clone
 - Bei dichter Abdeckung des Genoms kann man die wahrscheinlichste Reihenfolge der Clone berechnen
 - Vorsicht: Fehler passieren immer
 - STS Sequenz muss nicht bekannt sein



Electronic PCR: STS Kartierung



- **Electronic PCR**

- Gegeben eine Menge von STS in einer Karte (Position und Sequenz) und eine Sequenz (Clone)
- Elektronisch: Welche STS liegen in welcher Clone-sequenz?
- Gleichzeitige Suche von **Tausenden** (Chromosom bekannt) oder **Millionen** von STS

- „z“ (P_1, \dots, P_z) ist ein wichtiger Faktor für Komplexität

Inhalt dieser Vorlesung

- Motivation: Suche nach mehreren Mustern
- Keyword-Trees
 - Definition
 - Failure Links zur Suche
 - Konstruktion von Failure-Links in linearer Zeit
 - Output-Links
 - Ein cleverer Trick
- Suche mit Wildcards

Erster Versuch

- Sei $P = \{P_1, P_2, \dots, P_z\}$, $n = |P_1| + |P_2| + \dots + |P_z|$
 - Vorsicht: Dies ist ein anderes „n“ als bisher
- KMP braucht $O(m + |P_i|)$ für Suche mit einem Pattern P_i
 - $O(|P_i|)$ Preprocessing, $O(m)$ Suche
- Naive Erweiterung **auf z Pattern**
 - Preprocessing für jedes Pattern
 - $O(|P_1| + |P_2| + \dots + |P_z|) = O(n)$
 - **Sequentielle Suche** aller Pattern in T: $O(z * m)$
 - Zusammen: $O(n + z * m)$

Grundidee

- Wir werden das auf $O(m+n+k)$ verbessern
 - Bedeutung von k später
- Grundidee
 - Pattern aus P haben i.d.R. Zeichen / Substrings gemeinsam
 - Die wir von links nach rechts suchen, interessieren uns insbesondere **gemeinsame Präfixe**
 - Gesucht: Datenstruktur zur **Repräsentation gemeinsamer Präfixe**
 - Mit dieser Datenstruktur **gleichzeitig** nach allen Pattern suchen
 - Performanz soll nur von „Größe“ der Datenstruktur abhängen
 - Hängt indirekt von der Zahl/Länge der Pattern ab

Keyword Trees

(Prefix Trees, Tries, Radix-Tree)

- Definition

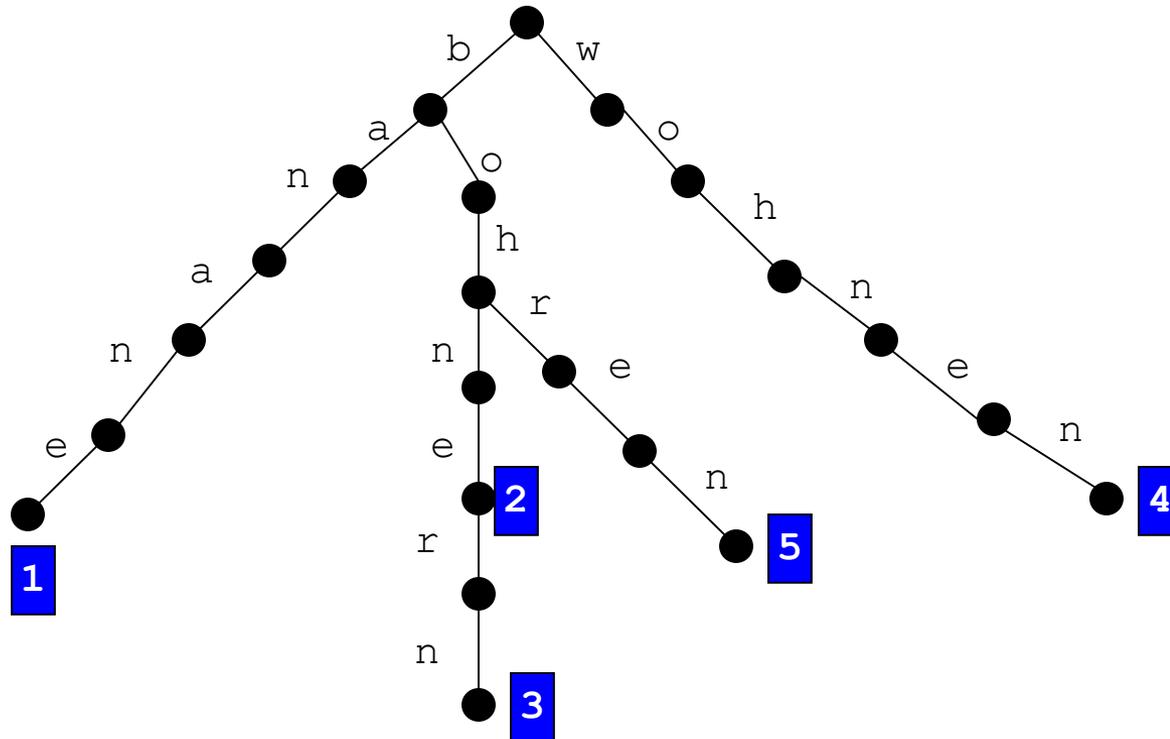
- P eine Menge von Pattern. Ein *Keyword Tree* für P ist ein Baum mit:
 - Jede Kante ist mit *genau einem Zeichen* beschriftet (Label)
 - Wenn ein Knoten mehrere Kinder hat, so sind die Kanten zu diesen Kindern mit *unterschiedlichen Zeichen* beschriftet
 - Das Label eines Knoten k , $label(k)$, ist die Konkatination der Kantenlabel auf dem Pfad von der Wurzel zu k
 - P_i entspricht einem Knoten k gdw $label(k)=P_i$
 - Wir markieren k mit i , wenn k dem Pattern P_i entspricht
 - Dies bezeichnen wir mit $mark(k)=i$
 - Bei nicht-markierten Knoten ist $mark(k)=UNDEF$
 - Jedes Blatt entspricht *mindestens einem* P_i
 - Also: Jedes Blatt k ist markiert, $mark(k) \neq UNDEF$

- Folgerungen

- Jeder Pfad ab der Wurzel ist eindeutig
- Baum ist minimal für P ; es gibt keine „überflüssigen“ Knoten/Kanten

Beispiel

$P = \{\text{banane, bohne, bohnen, wohnen, bohren}\}$



Konstruktion

- Komplexität der Konstruktion?
 - Wir zählen das Hinzufügen von Knoten/Kanten
- Konstruktion in $O(n)$
 - Beginne mit P_1
 - Baumkonstruktion dauert $O(|P_1|)$
 - Betrachte P_2 . Laufe im Baum das Präfix von P_2 ab
 - ... bis Mismatch an Position l auftritt. Dann eine neue Abzweigung mit Beschriftung $P_2[l]$ einfügen und mit $P_2[l+1..]$ verlängern
 - ... bis P_2 komplett aufgetreten ist. Dann „2“ an Endknoten schreiben
 - Braucht zusammen $O(|P_2|)$
 - Induktion über $P_3 - P_z$ zeigt die Behauptung
- Beachte: Alle Pfade sind eindeutig

Naive Verwendung

- Naive Verwendung eines Keyword Tree
 - Baue Keyword Tree K für Patternmenge P in $O(n)$
 - Iteriere über Positionen i in T
 - Laufe Präfix von $T[i..]$ in K ab
 - Wenn markierter Knoten passiert wird, melde das Pattern
 - Ist für Position $l \geq i$ kein Pfad in K vorhanden: Starte erneut ab Position $i+1$ in T und Wurzel von K
 - Gesamtkomplexität: $O(n+m*n_{\max})$, mit $n_{\max} = \max(|P_i|) = \text{depth}(K)$
 - Vielleicht was gewonnen (wenn $n_{\max} < z$)
- Vorgehen entspricht dem naiven Suchalgorithmus
 - Wir nutzen nicht aus, was wir **zwischen i und l** gerade gesehen haben (und wo das noch mal in K vorkommt)
 - Gesucht: „KMP für Bäume“

KMP für mehrere Pattern

- Herzstück des KMP ist
 - „Sei sp_i die *Länge des längsten echten Suffix von $P[1..i]$, das mit einem Präfix von P matched*“
 - sp_i erlaubt, kein Zeichen von T zweimal positiv zu matchen
- Übertragung: **Aho-Corasick Algorithmus (AC)**
 - Statt sp_i im Pattern bauen wir **Failure Links** im Keyword Tree
 - Failure Links zeigen von einem Knoten X im Baum auf einen Knoten Y , dessen Label das **längste echte Suffix des Labels** von X ist
 - Wenn es einen Mismatch nach X gibt, springen wir zu passenden Suffixen und matchen dort weiter

Failure Links

- Definition

Sei K ein Keyword Tree für P und k ein Knoten von K :

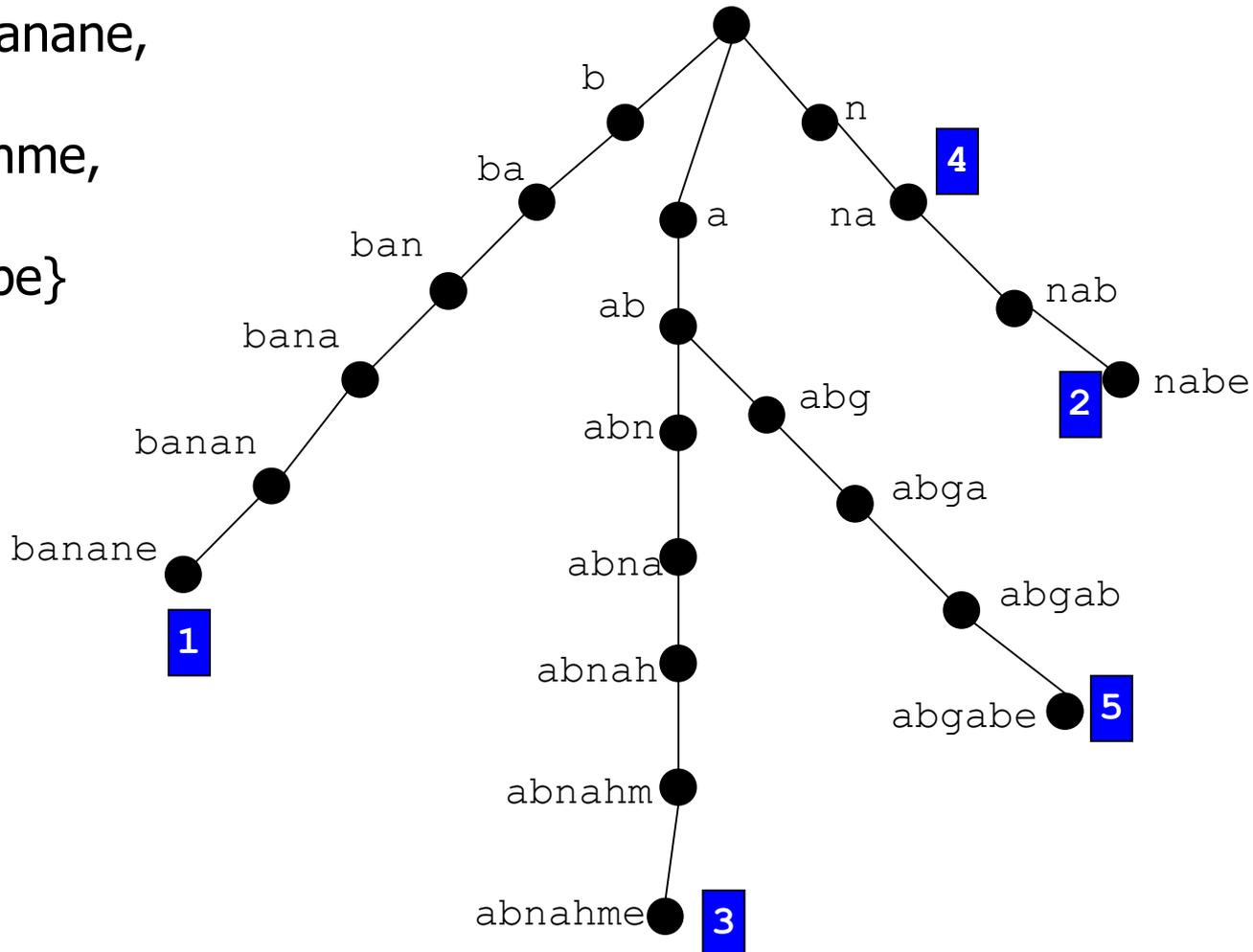
- *$length(k)$ ist die Länge des **längsten echten Suffix** von $label(k)$, das auch Präfix **mindestens eines Patterns** aus P ist*
 - *Gibt es kein solches Suffix, dann sei $length(k)=0$*
- *$fl(k)$ ist der Knoten für den gilt:*
$$label(fl(k)) = label(k)[|label(k)|-length(k)+1 .. |label(k)|]$$
 - *Für Knoten k mit $length(k)=0$ gilt: $fl(k)=root$*
- *Die Verbindung $(k, fl(k))$ heißt **Failure Link** von k*

- Beachte

- $label(fl(k))$ ist genau das „längste echte Suffix“ von $label(k)$
- $fl(k)$ ist per Konstruktion von K eindeutig

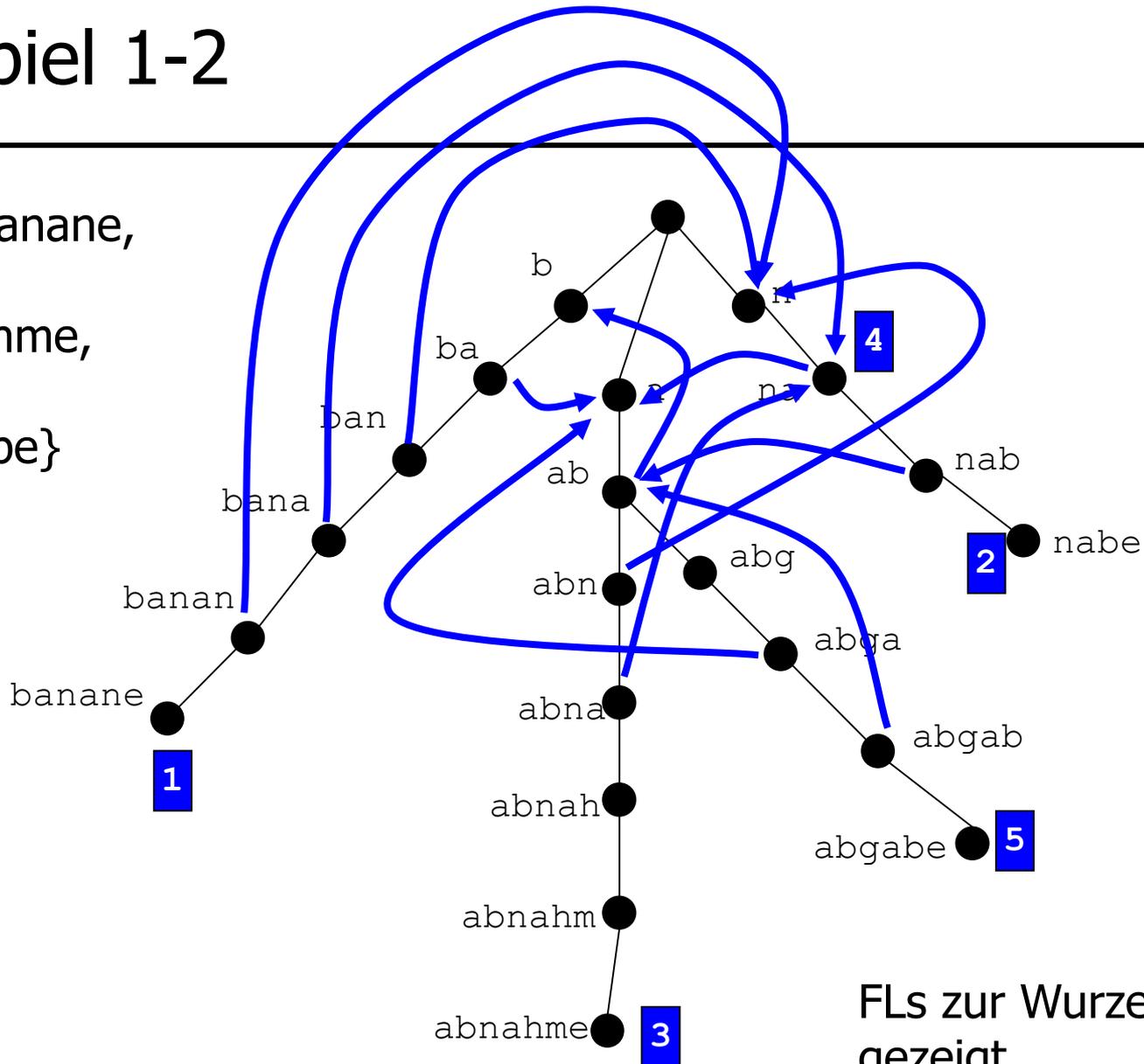
Beispiel 1-1

$P = \{\text{banane, nabe, abnahme, na, abgabe}\}$



Beispiel 1-2

$P = \{\text{banane, nabe, abnahme, na, abgabe}\}$



FLs zur Wurzel nicht
gezeigt

Suchen mit Failure Links

- Gegeben: Keyword Tree K mit Failure Links, Template T
- Wir suchen ab Position i in T
- Matche Substring T[i..] in K
 - Bei Match gehe weiter den Baum hinab
 - $i++$
 - Wenn ein markierter Knoten erreicht ist, gib Pattern aus
 - Wenn Blatt k erreicht ist an einer Position $i+x-1$
 - Jedes Blatt ist markiert; gib Pattern aus
 - Folge dem Failure Link zu Knoten $fl(k)$
 - $label(fl(k))$ haben wir gerade in T gesehen
 - Bzw. $fl(k)$ geht zur Wurzel
 - Matche weiter in T ab $i+x$ und in K ab $fl(k)$

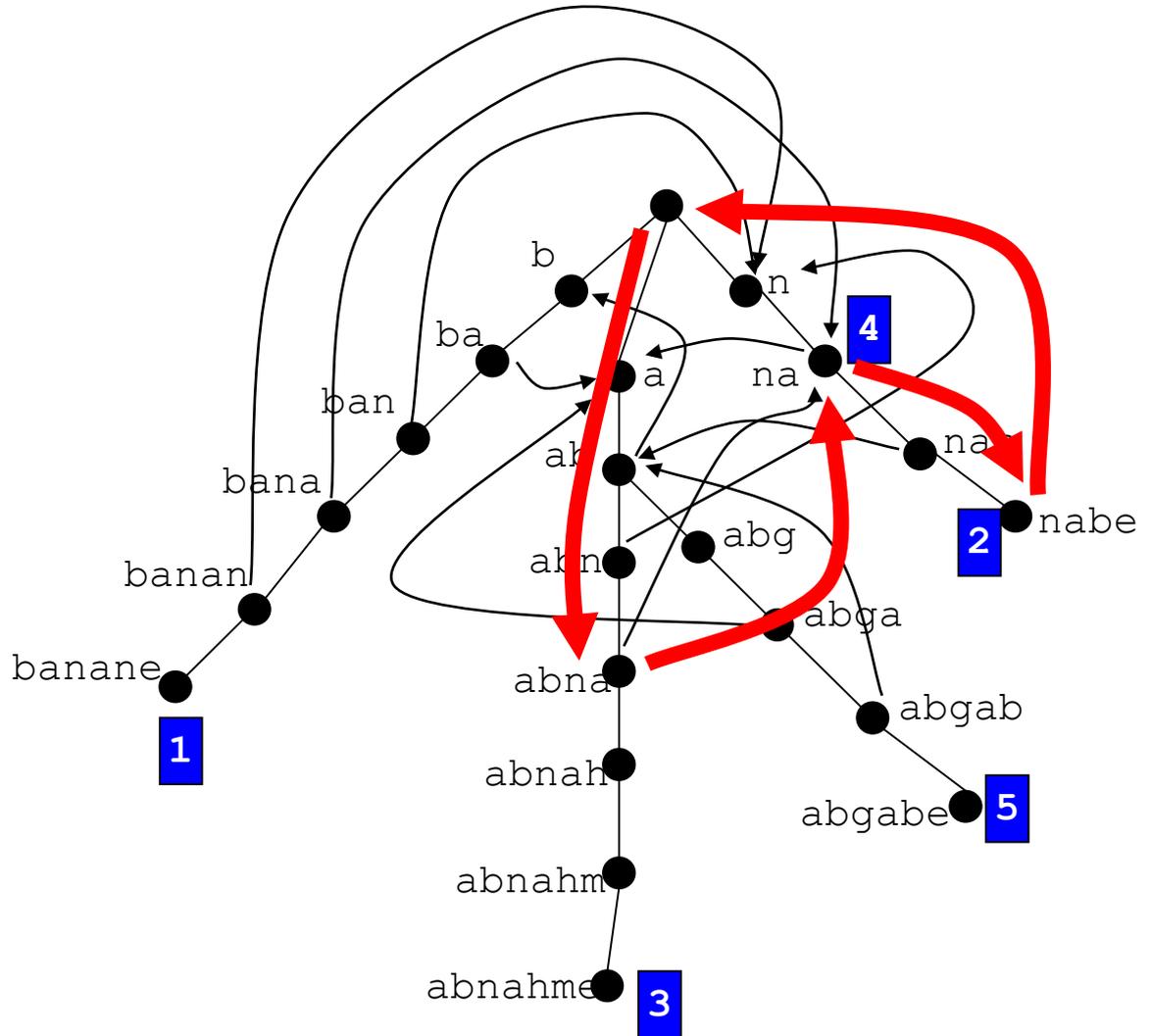
Suchen mit Failure Links

- Gegeben: Keyword Tree K mit Failure Links, Template T
- Wir suchen ab Position i in T
- Matche Substring T[i..] in K
 - Bei Match ...
 - Wenn Blatt k erreicht ist ...
 - Bei einem Mismatch an Position i+x in T
 - Sei k der Knoten, dessen Label mit T[i..i+x-1] matched
 - Alle Kinder von k sind Mismatches für T[i+x]
 - Sonst können wir weiter im Baum gehen
 - Folge dem Failure Link zu Knoten fl(k)
 - label(fl(k)) haben wir gerade in T gesehen
 - Matche weiter in T ab i+x und in K ab fl(k)

Beispiel 2

$P = \{\text{banane, nabe, abnahme, na, abgabe}\}$

$T = \text{abnabeln}$



Algorithmus

```
i := 1;           // Next comparison in T
l := 1;           // Start of pattern in T
k := root(K);     // Current node in keyword tree
while (i < |T|)
    while exists edge (k, k') with label T[i]
        if mark(k') ≠ NULL then
            report mark(k') with start l;
        end if;
        k := k';   // Down the tree
        i := i+1;  // Check next character
    end while;
    if k = root(K) then // Immediate mismatch: move on in T
        i := i+1;
        l := l+1;
    else
        k := fl(k); // Follow the failure link
        l := i - len(k);
    end if;
end;
```

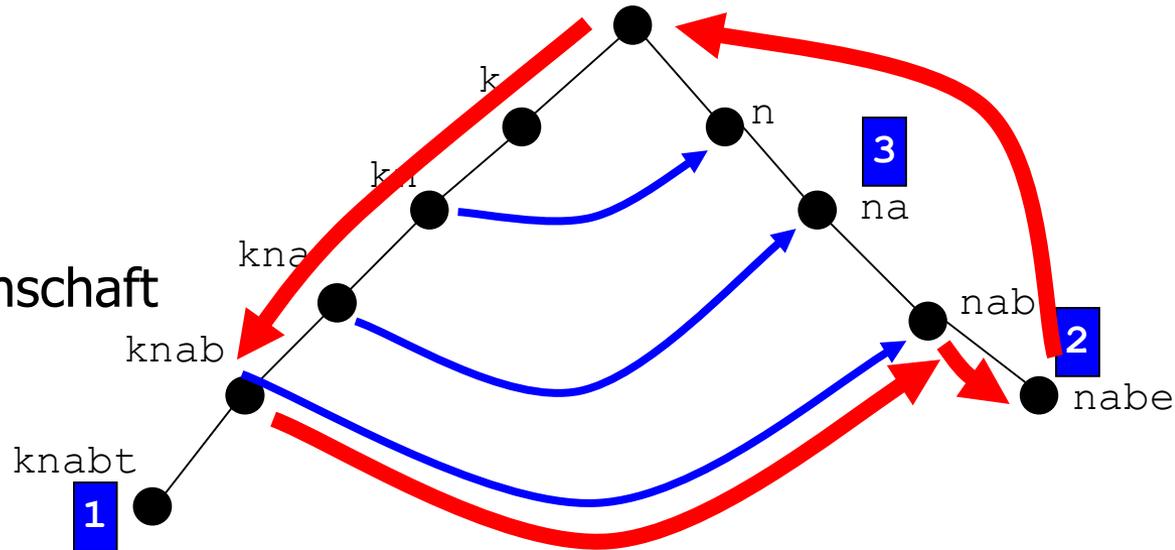
- I nur notwendig, wenn Startposition der Matches verlangt
- Komplexität $O(m)$ (Beweis ähnlich wie bei KMP)



Alles klar?

$P = \{\text{knabt}, \text{nabe}, \text{na}\}$

$T = \text{knabenschaft}$



- Algorithmus matcht KNAB in T
- B ist der letzte Match – Failure Link zu NAB
- Erweiterung zu NABE – Treffer P_2
- FL zu Root; Matchen geht weiter in T ist mit NSCHAFT
- P_3 (NA) wurde übersehen!

Inhalt dieser Vorlesung

- Suche nach mehreren Mustern
- Keyword-Trees
 - Definition
 - Failure Links zur Suche
 - **Konstruktion von Failure-Links in linearer Zeit**
 - Output-Links
 - Ein cleverer Trick
- Suche mit Wildcards

Konstruktion der Failure Links

- Bisher
 - Mit Failure Links ist die Suchphase $O(m)$
 - Wir ignorieren erstmal das „Übersehen“-Problem
 - Konstruktion des Keyword Trees ist $O(n)$
- Aber wie teuer ist die Konstruktion der Failure Links?
- Definition
 - Sei *depth(k)* die Tiefe des Knoten *k* (Abstand zu root)
- Vorgehen
 - Wir bauen erst (in linearer Zeit) den Keyword-Tree
 - Dann alle Failure Links in $O(n)$ per Breitensuche
 - Beachte: Failure Links zeigen immer zu echten Suffixen
 - D.h., $\forall k: \text{depth}(k) > \text{depth}(\text{fl}(k))$

Algorithmusidee

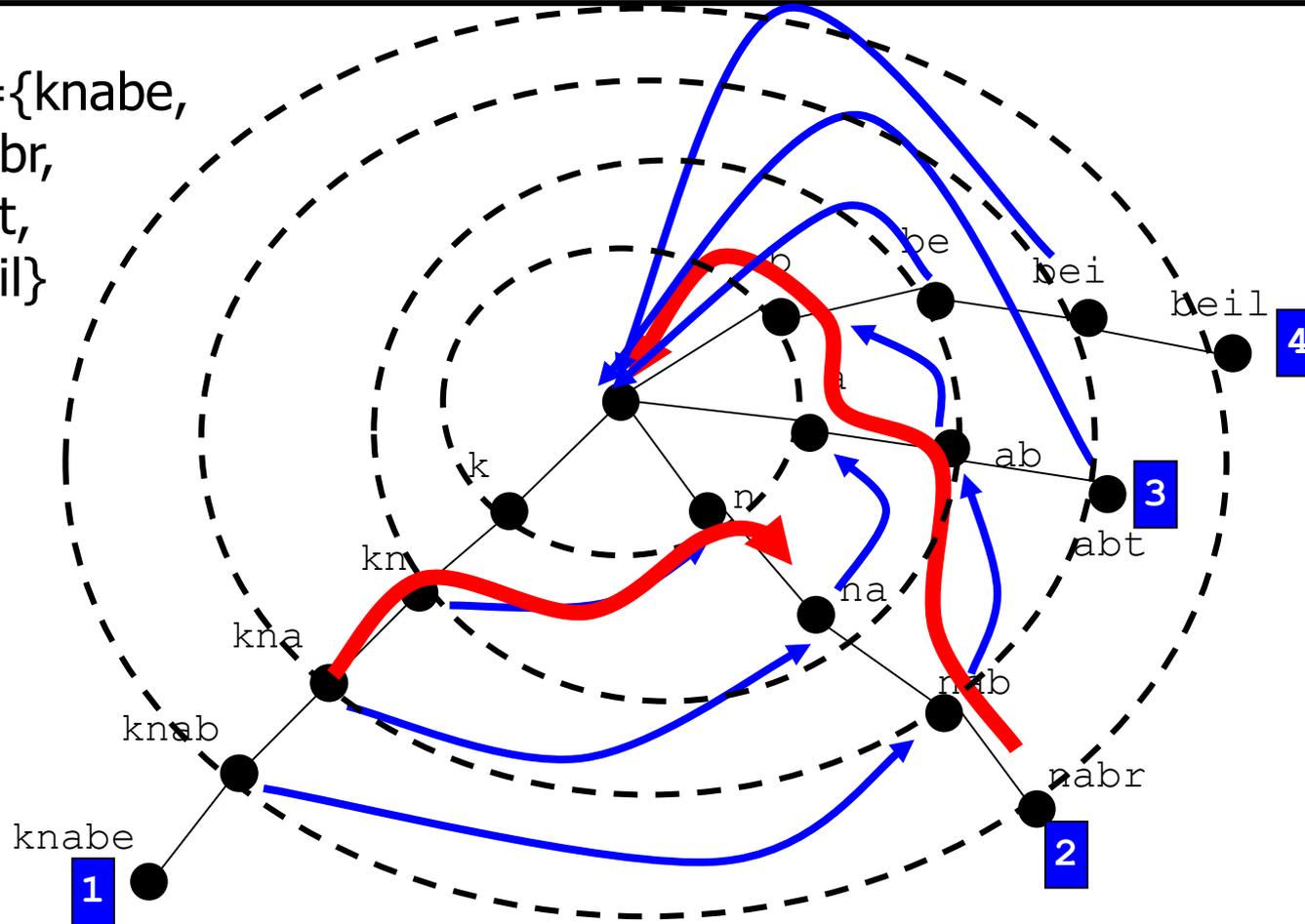
- Induktionsanfang: $\forall k$ mit $\text{depth}(k)=1$: $\text{fl}(k):=\text{root}(K)$
- Induktionsschritt von $i-1$ zu i (i : Tiefe der Front im Baum)
 - Seien alle Failure Links von **Knoten l mit $\text{depth}(l)<i$** bekannt
 - $\forall k \in K$ mit $\text{depth}(k)=i$
 - Sei k' der Vater von k und x das Label der Kante (k',k)
 - Jedes Suffix von $\text{label}(k')$ wird durch x verlängert zu einem Suffix von $\text{label}(k)$
 - Alle Präfixe, die identisch zu einem Suffix von $\text{label}(k')$ sind, erreichen wir durch **Traversieren von Failure Links von k'** aus
 - Und damit auch das längste
 - Uns interessieren die, die wir **durch x verlängern** können
 - Falls wir bei Root ankommen, müssen wir auch dort nach x suchen

Algorithmusidee 2

- Induktionsschritt von $i-1$ zu i
 - Seien alle Failure Links von Knoten l mit $\text{depth}(l) < i$, bekannt
 - $\forall k \in K$ mit $\text{depth}(k) = i$
 - Sei k' der Vater von k und x stehe auf der Kante (k', k)
 - Folge dem Failure Link von k' aus zu $\text{fl}(k') = v$
 - Wenn es eine Kante (v, v') mit Label x gibt: $\text{fl}(k) = v'$
 - Wenn nicht
 - » Wenn $v = \text{root}(K)$, dann $\text{fl}(k) = \text{root}$; stop
 - » Sonst: folge Kante $\text{fl}(v) = v''$, suche eine ausgehende Kante mit x ...
 - » Wiederhole rekursiv

Example

$P = \{ \text{knabe,} \\ \text{nabr,} \\ \text{abt,} \\ \text{beil} \}$



Algorithmus für ein k

```
// We search failure link for  $k$ ,  $\text{depth}(k) > 1$ 
// Let  $k'$  be the father of  $k$ ,  $\text{label}(k', k) = x$ 
 $v := \text{fl}(k')$ ;
while ( $v \neq \text{root}(K)$ ) and (not exists edge  $(v, v')$  with  $\text{label}(k, k') = x$ )
     $v = \text{fl}(v)$ ;           // Follow failure link
end while;
if ( $v = \text{root}(K)$ ) then
    if (exists edge  $(v, v')$  with  $\text{label}(v, v') = x$ )
         $\text{fl}(k) = v'$ ;
    else
         $\text{fl}(k) = \text{root}(K)$ ;
else
     $\text{fl}(k) = v'$ ;           // Continuation of prefix with  $x$ 
```

- Komplexität?

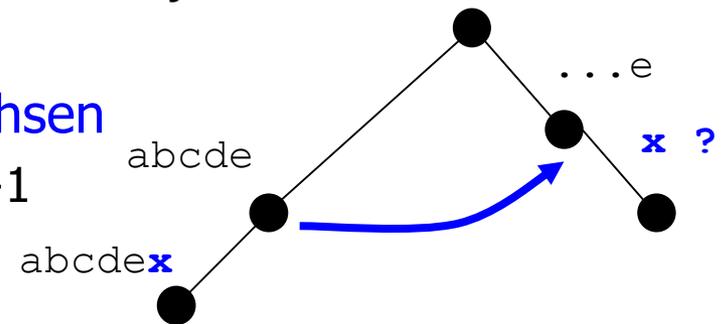
Beweisidee

```
while (v≠root(K)) and (not exists edge (v,v') with label(v,v')=x)
    v = fl(v);           // Follow failure link
end while;
```

- Es zählt nur die WHILE Schleife, alles andere ist konstant
- Die wird $O(n)$ mal gestartet (für jeden Knoten in K)
- Wir zeigen, dass es **insgesamt aber nur $O(n)$ Sprünge** gibt
 - Betrachte den Pfad eines Pattern P_i
 - Wir zeigen, dass für alle Knoten auf diesem Pfad (also für dieses Pattern) insgesamt höchstens $|P_i|$ Sprünge erfolgen
 - Damit wären es insgesamt höchstens n Sprünge
 - Beachte: Wir **überschätzen die tatsächliche Zahl**, denn gleiche Präfixe sind in K nur einmal repräsentiert

Beweis

- Pattern P_i , $t=|P_i|$, mit Knoten v_1, \dots, v_t
- Betrachten wir $\text{length}(v_j)$ eines Knoten v_j
 - $\text{length}(v_1)=0$, $\text{length}(v_j) \geq 0$ für alle j
 - $\text{length}(v_j)$ kann mit steigendem j wachsen
 - Es gilt immer: $\text{length}(v_j) \leq \text{length}(v_{j-1}) + 1$



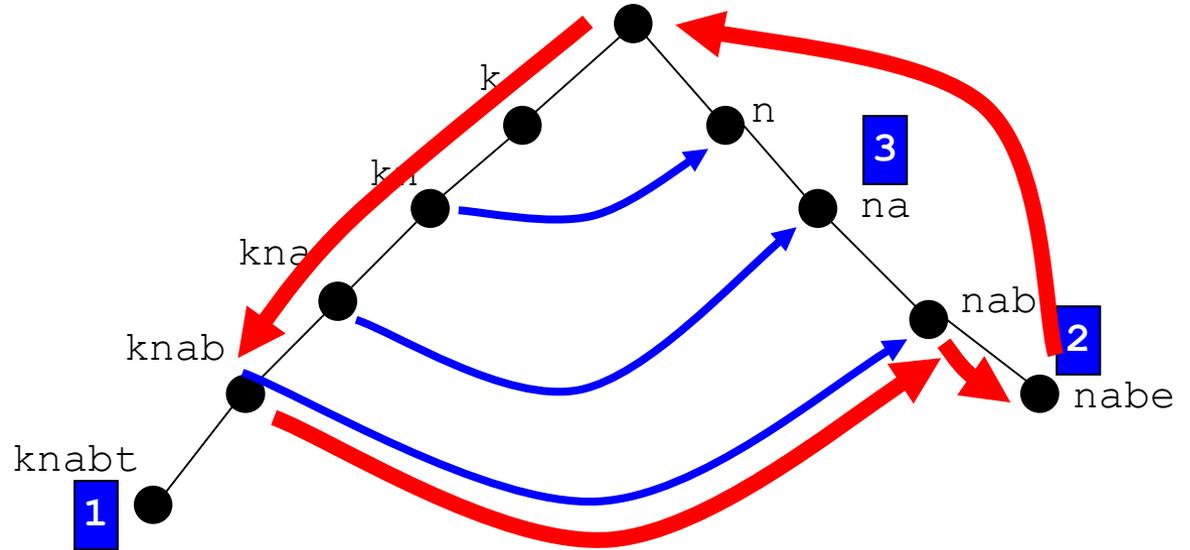
- $\text{length}(v_j)$ wird also höchstens t mal um 1 größer über alle Knoten v_j
- $\text{length}(v_j)$ schrumpft aber bei jedem Sprung in der WHILE Schleife um mindestens 1
- Zusammen
 - Mit jedem Sprung >1 weniger, nie kleiner 0, insgesamt nur t -mal $+1$
 - Also kann es maximal t Sprünge geben

Inhalt dieser Vorlesung

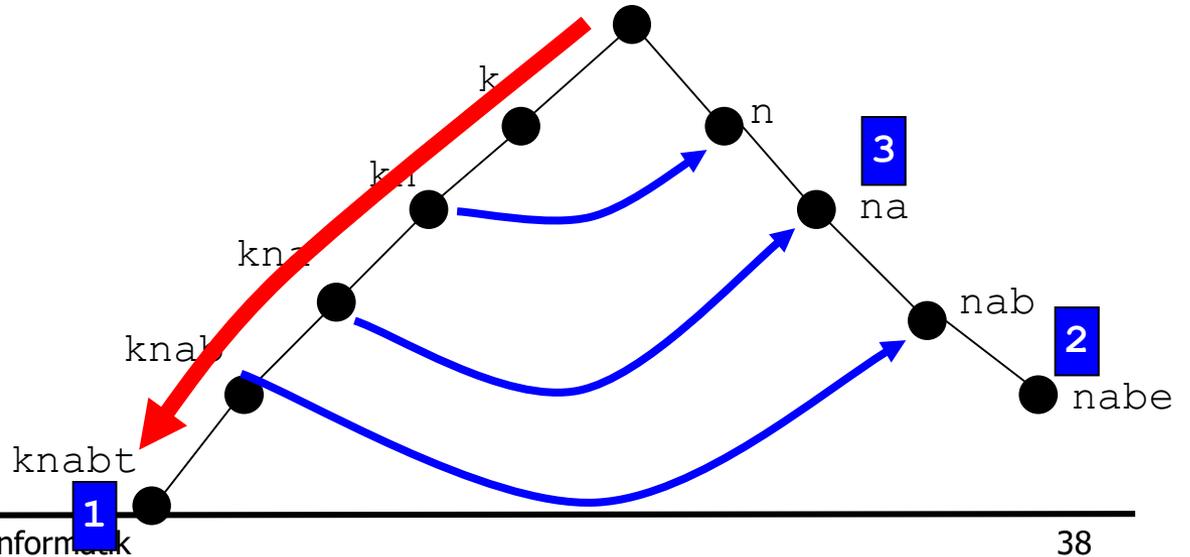
- Suche nach mehreren Mustern
- Keyword-Trees
 - Definition
 - Failure Links zur Suche
 - Konstruktion von Failure-Links in linearer Zeit
 - **Output-Links**
 - Ein cleverer Trick
- Suche mit Wildcards

Wann kann es schiefgehen?

T = knabenschaft



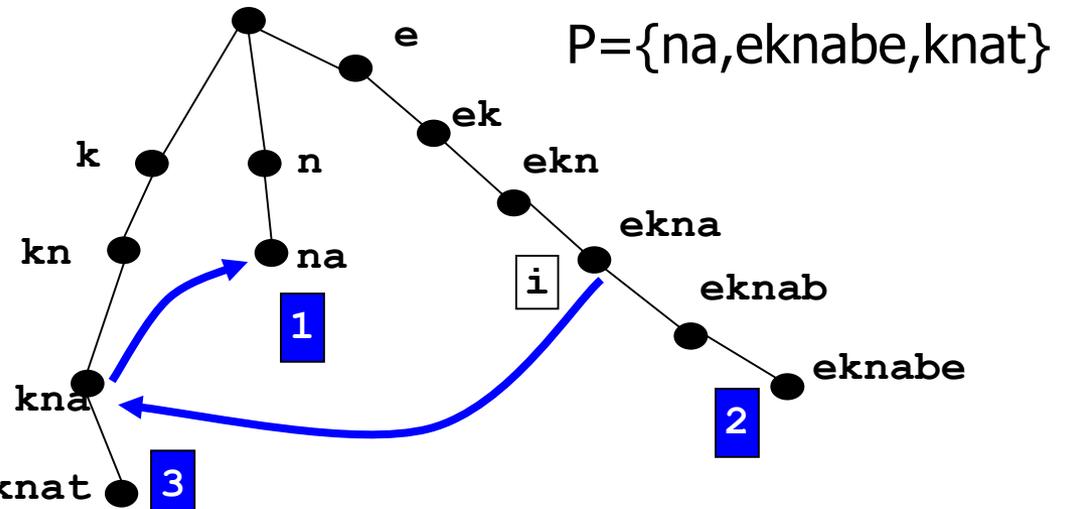
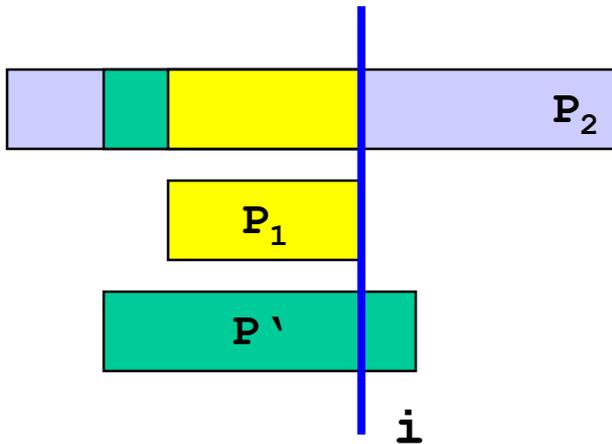
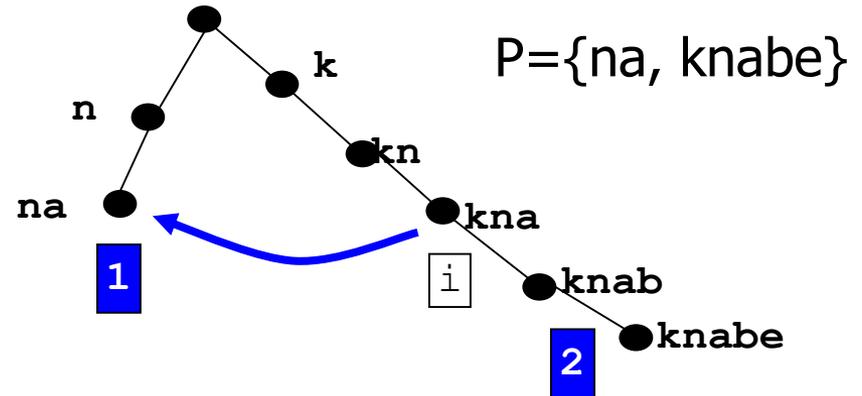
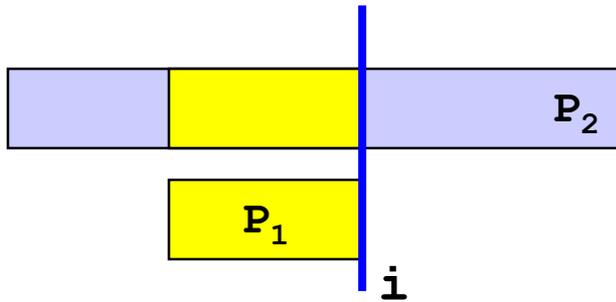
T = knabtern



Spezialfall

- Wir können solche Pattern übersehen, die **Infix** aber nicht **Präfix** eines anderen Pattern sind
- Sei P_1 Infix aber nicht Präfix von P_2
- Dann ist P_1 **echtes Suffix** von $P_2[1..i]$ für ein $i > |P_1|$
- Annahme: P_1 sei das längste echte Suffix von $P_2[1..i]$
 - Dann gilt $fl(P_2[i]) = P_1$
 - Damit ist noch nichts gewonnen: Bei einer Suche folgen wir den meisten failure links ja nicht
- Sonst gibt es P' , das längstes echtes Suffix von $P_2[1..i]$ ist
 - Also gilt $fl(P_2[i]) = P'$
 - Wiederum gilt: P_1 ist Suffix von P' – ist es auch das längste?
 - Suche **rekursiv über Failure Links**
 - Schließlich muss man bei P_1 ankommen

Beispiel



Folgerung

- Wenn wir von einem Knoten k ausgehen ...
 - Und den Pfad der Failure Links verfolgen
 - Und dabei auf einen markierten Knoten k' treffen
 - Dann ist das **Pattern, das k' entspricht, in T enthalten**
- Auch die Umkehrung gilt: **Alle enthaltenen Pattern** werden so gefunden (Präfix eines Suffix)
- Problem: Wir müssten das **für jeden Knoten** auf unserem Suchweg machen

Output Links

- Definition

*Der **Output Link** $k' = out(k)$ von Knoten k zeigt zum **ersten markierten Knoten** in der Kette der Failure Links von k .*

- Bemerkungen

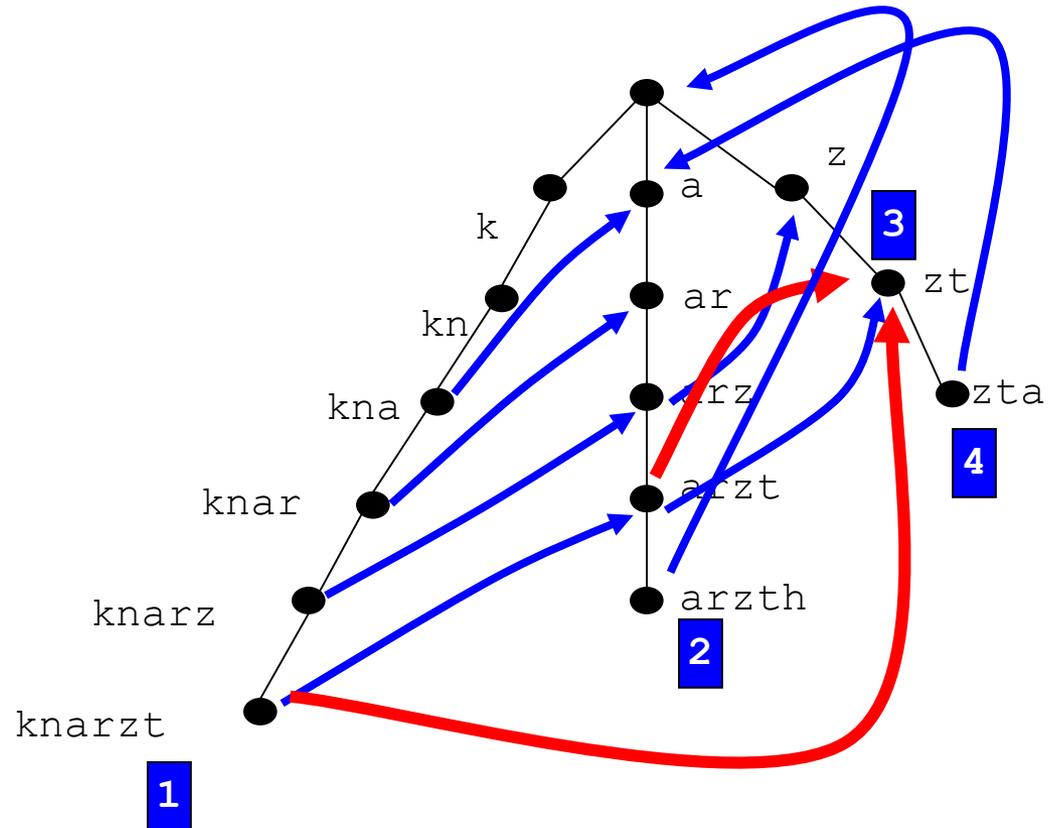
- Nicht alle Knoten haben Output Links
- Output Links deuten immer auf kürzere Pattern
- Wir können die Output Links beim Breadth-First-Traversieren des Baumes **in konstanter Zeit** mitbestimmen

Failure Links und Output Links

```
// We search failure link for k, depth(v)>1
// Let k' be the father of k, label(k',k)=x
v := fl(k');
while (v≠root(K)) and (not exists edge (v,v') with label(k,k')=x)
    v = fl(v);          // Follow failure link
end while;
if (v=root(K)) then
    if (exists edge (v,v') with label(v,v')=x)
        fl(k) = v';
        if mark(v')≠NULL then out(k)=v'; else out(k)=NULL;
    else
        fl(k) = root(K);
        out(k) = NULL;
    else
        fl(k) = v';          // Continuation of prefix with x
        If mark(v') ≠ NULL then
            out(k) := v'; // Obviously the closest marked node
        else
            out(k) = out(v');
        end if;
    end if;
end if;
```

Breadth-First Konstruktion von Output Links

$P = \{\text{k narzt, arzh, zt, zta}\}$



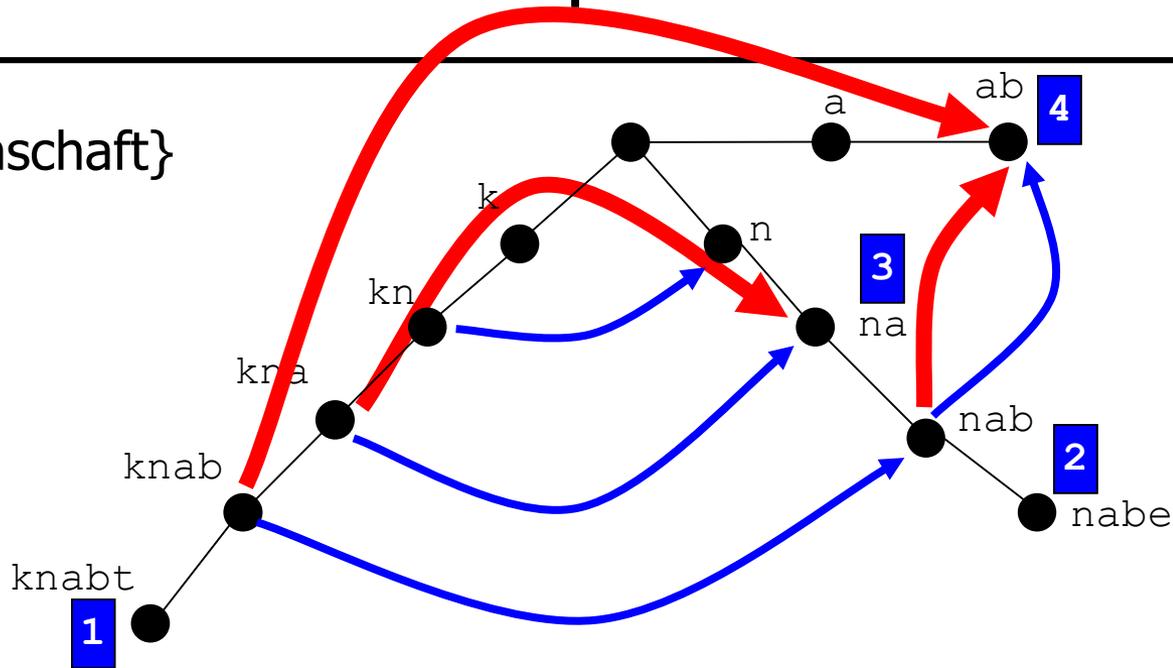
Suchphase mit Output Links

- Man muss bei jedem Knoten k , den man abläuft, nachsehen, ob es einen Output Link gibt
- Wenn ja, beschreite einen **Nebenweg**
 - Sei $v = \text{out}(k)$
 - Gib $\text{mark}(v)$ aus (der Zielknoten muss markiert sein)
 - Wenn vorhanden, folge **$\text{out}(v)$ rekursiv**
- Danach bei k weitermachen

Beispiel

$T = \{\text{knabenschaft}\}$

$P = \{\text{knabt}, \text{nabe}, \text{na}, \text{ab}\}$



1. Algorithmus matcht KNA ...
 - Output Link folgen ergibt Treffer mit P_3
2. ... matcht weiter bis KNAB
 - Output Link folgen ergibt Treffer mit P_4
3. „b“ ist der letzte Match – Failure Link zu NAB
4. Erweiterung zu NABE – Treffer mit P_2



Kompletter Suchalgorithmus

```
j := 1;           // Next comparison in T
k := root(K);    // Root node of keyword tree
while (j<|T|)
  while exists edge (k,k') with label(k,k')=T(j)
    if mark(k') ≠ NULL then
      report mark(k');
    end if;
    z = out(k');
    while (z ≠ NULL)           // Check output links
      report mark(z);         // Found a match
      z = out(z);             // Recursion
    end if;
    k := k';                  // Down the tree
    j := j+1;                 // Check next character
  end while;
  if k=root(K) then          // Mismatch: move on in T
    j := j+1;
  else
    k := fl(k);              // Follow the failure link
  end if;
end;
```



Komplexität

- Komplexität der Suchphase
 - Sei k die **Gesamtzahl an Matches von Pattern aus P in T**
 - Die innere WHILE Schleife wird maximal k -mal passiert
 - **Also: $O(m+k)$**
- Gesamtkomplexität
 - Berechnung Keyword Tree für P $O(n)$
 - Berechnung Failure Links $O(n)$
 - Dabei auch Berechnung der Output Links
 - Suche mit Failure/Output Links $O(m+k)$
- Zusammen **$O(n+m+k)$**

Inhalt dieser Vorlesung

- Suche nach mehreren Mustern
- Keyword-Trees
 - Definition
 - Failure Links zur Suche
 - Konstruktion von Failure-Links in linearer Zeit
 - Output-Links
 - Ein cleverer Trick
 - Idee: Martin Stigge und Alexandra Rostin, WS07/08
- Suche mit Wildcards

Aho-Corasick Revisited 2

gruppe2_aufgabe2.pdf - Adobe Acrobat Professional

Erweiterung des Aho-Corasick Algorithmus

- Folgen:

Ergebnis: Beschleunigung um Faktor 4

“nach oben” gehen, d.h. kein Baum mehr

- Root zeigt mit den fehlenden Kanten auf sich selbst (das repräsentiert gerade die “finalen Mismatches”)
- ⇒ Bei der Suche: matches = |T|, mismatches = 0 (⇒FL obsolet!)

- Konstruktion der fehlenden Kanten:
 - Per Breitensuche als neue Phase nach FL-Konstruktion
 - Immer nur 1 FL pro Knoten folgen ⇒ $O(n)$

Algorithmische Bioinformatik, Aufgabenblatt 2 – Gruppe 2

11



Inhalt dieser Vorlesung

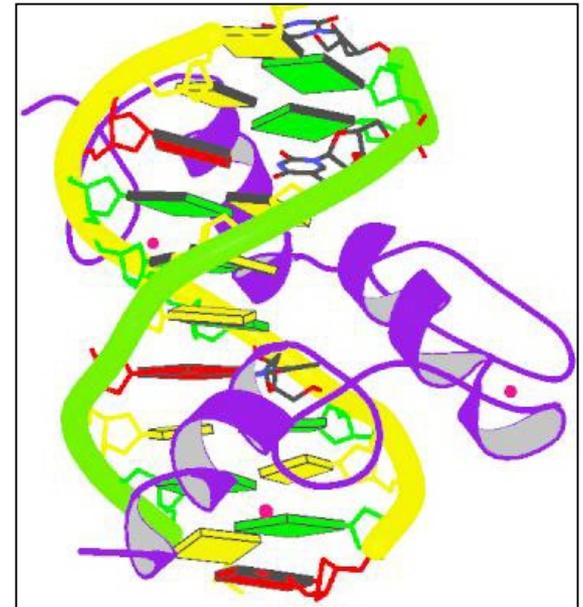
- Suche nach mehreren Mustern
- Keyword-Trees
 - Definition
 - Failure Links zur Suche
 - Konstruktion von Failure-Links in linearer Zeit
 - Output-Links
 - Ein cleverer Trick
- Suche mit Wildcards

Suche mit Wildcards

- Such nach Pattern mit **Wildcards**
- „?“ steht für **exakt ein** beliebiges Zeichen

- **Beispiel**

- Zinc Finger Domain
- C??C?????????????H??H
- Typisches Motiv für DNA/RNA-bindende Proteine
- Interpro IPR007087, PDB 1A1F



Cleverer Verwendung von Aho-Corasick

- Initialisiere Integer-Array $C=[0,0,0,\dots,0]$, mit $|C|=|T|$
- Sei $P'=\{P_1,\dots,P_s\}$ die **Multimenge** aller maximalen Substrings in P ohne Wildcards und l_1,\dots,l_s ihre Startpositionen
- Berechne Keyword Tree für P' und suche mit AC in T
 - Wenn ein P_i an Position j in T gefunden wird, dann
 - $z=j-l_i+1$ ist der **(potentielle) Startpunkt** von P in T
 - Wenn $z>0$, setze $C[z] = C[z]+1$
- Schließlich: Jede **Position x mit $C[x]=s$** repräsentiert ein Vorkommen von P in T an Position x
 - Alle s Subpattern P_i wurden an den richtigen Stellen gefunden

Beispiel

$P = \{AB??DA?A\}$

12345678

$T = \{TABTABDADAZA\}$

123456789012

$P_1 = AB, l_1 = 1$

$P_2 = DA, l_2 = 5$

$P_3 = A, l_3 = 8$

$$z = j - l_i + 1$$

$C = [000000000000]$

P_1	an	$j=2,$	$z=2$	\Rightarrow	010000000000
P_1	an	$j=5,$	$z=5$	\Rightarrow	010010000000
P_2	an	$j=7,$	$z=3$	\Rightarrow	011010000000
P_2	an	$j=9,$	$z=5$	\Rightarrow	011020000000
P_3	an	$j=2,$	$z=-5$	\Rightarrow	011020000000
P_3	an	$j=5,$	$z=-2$	\Rightarrow	011020000000
P_3	an	$j=8,$	$z=1$	\Rightarrow	111020000000
P_3	an	$j=10,$	$z=3$	\Rightarrow	112020000000
P_3	an	$j=12,$	$z=5$	\Rightarrow	112030000000

^ **Treffer**

Komplexität

- $O(n+m+k)$
 - Gesamtlänge aller Patternfragmente ist maximal $n=|P|$
 - Genau $n-t$, wenn t die Anzahl der Wildcards im Pattern ist
 - Array wird in konstanter Zeit während der AC Suche aktualisiert
 - Immer wenn dabei $C[z]=s$, gib z aus

Grenzen des linearen Stringmatching

- Wir können in linearer Zeit finden ...
 - alle Vorkommen eines Pattern P in einem Template T
 - alle Vorkommen einer Menge von Pattern in einem Template T
 - alle Vorkommen eines Pattern P mit Wildcard in einem Template T
 - alle Vorkommen eines Pattern P mit **maximal k Mismatches** in T
 - Zeigen wir nicht
- Was können wir nicht mehr in linearer Zeit finden?
 - Alle Vorkommen eines **regulären Ausdrucks R in T**
 - Alle **approximativen Vorkommen** eines Pattern P in T, wenn Unterschiede auch INDELS sein können

Suche mit regulären Ausdrücken

- Reguläre Ausdrücke

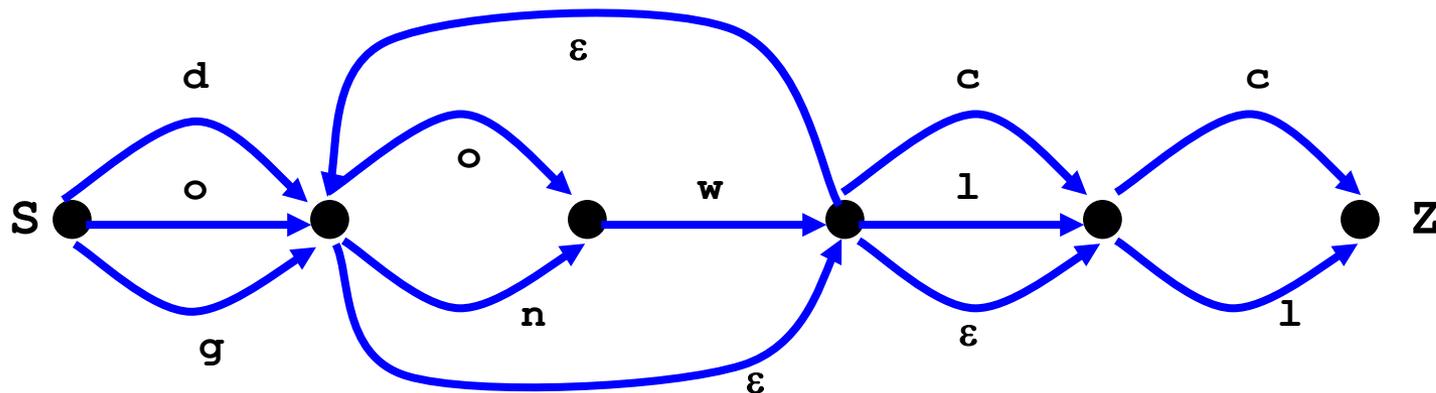
- „ ϵ “ Leeres Zeichen
- „|“ „oder“
- „()“ Gruppierung
- „*“ Kleene'sche Hülle
- (Es fehlen „?“, „+“, „.“, „[]“, zählen, ...)
- Rekursive Definition wie üblich

- Beispiel aus der Bioinformatik

- PROSITE: [Datenbank für Motive in Proteinsequenzen](#)
- Proteindomänen sind funktionale Einheiten in Proteinsequenzen
- Beschrieben durch reguläre Ausdrücke
 - Aber tw. andere Operatoren als die oben genannten

Problem

- Gegeben: Regulärer Ausdruck R, Template T
- Gesucht: Das erste Vorkommen von R in T
- Äquivalenz: **Nichtdeterministischer endlicher Automaten (NEA)**
 - Konstruktion: Siehe Literatur
 - Beispiel: $(d|o|g)((n|o)w)^*(c|l|\varepsilon)(c|l)$
 - Matched z.B. dnwnwowc, ol, gowll, ...



Definitionen

- Definition
 - Sei R ein regulärer Ausdruck und $G(R)$ der dazugehörige NEA mit Startzustand S und Endzustand Z
 - Ein Substring T' von T *matched* R , wenn T' durch einen Pfad in $G(R)$ von S nach Z ausgesprochen wird
- Bemerkungen
 - Komplexität der Konstruktion von $G(R)$ ist linear
 - Die Menge aller Strings, die von $G(R)$ akzeptiert werden, bilden die *Sprache zu R*
- Gesucht: Algorithmus, um das erste T' in T zu finden, das *R matcht*
 - Erweiterung auf alle T' : Literatur

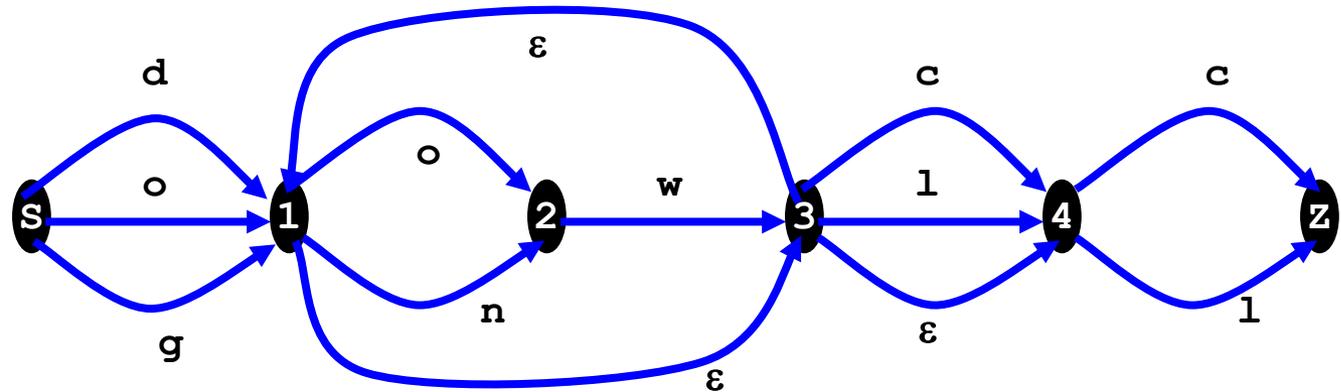
Algorithmusidee

- Wir beginnen mit dem leichteren Problem: Matched ein Präfix von T mit R?
- Idee
 - Betrachte $G(R)$ und T von links nach rechts
 - Zähle in aufsteigender Länge alle Pfade in $G(R)$ auf, die mit T matchen
 - Wird Terminal Z gefunden, haben wir einen Match
- Erweiterung zu beliebigen Substrings von T?
 - Betrachte Pattern $R' = \Sigma^*R$
 - Präfix Σ^* von R' „frisst“ beliebige Präfixe von T

Pfadaufzählung

- Induktion über **Pfadlänge i**
 - Anfang: Sei $N(0)$ die Menge aller Knoten, die von S per beliebig vielen ε -Kanten erreicht werden können. Außerdem sei $S \in N(0)$
 - Induktionsschritt
 - Sei $N(i-1)$ bekannt
 - $N(i)$ ist die Menge aller Knoten, die von einem Knoten aus $N(i-1)$ erreicht werden durch ...
 - erst **genau eine Kante mit Label $T[i]$**
 - dann **beliebig viele (oder keine) ε -Kanten**
- Enthält $N(i)$ das Terminalsymbol Z dann endet im Template T an Position i ein Auftreten von R

Beispiel



- Pattern: $(d|o|g)((n|o)w)^*(c|l|\epsilon)(c|l)$
- Suche: ol
 - $N(0) = \{S\}$
 - $N(1) = \{1,3,4\}$
 - $N(2) = \{4,Z\}$ Success

- Suche: dnwnwowc

– $N(0) = \{S\}$	dnwnwowc	– $N(5) = \{3,4,1\}$	dnwnwowc
– $N(1) = \{1,3,4\}$	dnwnwowc	– $N(6) = \{2\}$	dnwnwowc
– $N(2) = \{2\}$	dnwnwowc	– $N(7) = \{3,4,1\}$	dnwnwowc
– $N(3) = \{3,4,1\}$	dnwnwowc	– $N(8) = \{4,Z\}$	Success
– $N(4) = \{2\}$	dnwnwowc		

Komplexität

- Kritisch ist nur der Schritt $N(i-1) \rightarrow N(i)$
 - Sei e die Gesamtanzahl von ε -Kanten in $G(R)$
 - Match für $T[i]$ finden geht in $O(1)$ (oder $O(|\Sigma|)$)
 - Danach können **höchstens e ε -Kanten folgen**
 - Wichtig ist nur, welche Zustände wir erreichen können – wie, ist egal
 - Schranke e gilt für **alle Zustände aus $N(i-1)$** , die wir weiter verfolgen
 - Zyklen können abgebrochen werden (braucht etwas Speicher)
 - Also ist dieser Schritt $O(e)$
- Wir berechnen $|T|=m$ Mengen $N(1) \dots N(m)$: $O(m \cdot e)$
- Beobachtung
 - Ein reg. Ausdruck mit $n=|R|$ Symbolen hat maximal $O(n)$ ε -Kanten
 - Sonst kann er minimiert werden
- Zusammen: **$O(m \cdot n)$**

Bemerkung

- Jeden NEA kann man in **einen DEA konvertieren**
- Ein DEA erlaubt Matchen in linearer Zeit
 - Wenn wir die Failure Links dazu berechnen
- Aber
 - Linear in der Zahl der Zustände
 - Der durch Konvertierung erzeugte DEA hat aber im Worst-Case **exponentiell viele Zustände**
- In der Praxis hat er die aber nicht – RegExp matching ist meistens „quasi-linear“

Zusammenfassung

- Aho-Corasick Algorithmus ist Erweiterung des KMP auf simultane Suche nach mehreren Pattern
- Erstaunlich gute Komplexität – Ausnutzung der Gemeinsamkeiten in einem Keyword Tree
- Einfacher Trick führt zu linearem Suchen mit Wildcards
- Suche mit **regulären Ausdrücken** ist aber quadratisch
 - Hier passiert anscheinend ein Komplexitätssprung: Länge des Matches ist nicht mehr durch Länge des Patterns vorgegeben

Selbsttest

- Was ist ein Failure Link und wozu ist er da?
- Wo sind Failure Links im KMP Algorithmus „versteckt“?
- Konstruieren Sie zum Pattern $P = „...“$ ein zweites Pattern P' und ein Template so, dass ein Vorkommen von P' bei der Suche ohne Output-Links übersehen werden würde
- Der AC-Algorithmus ist $O(m+n+k)$. Was ist eine obere Schranke für k ?