



# Исследование повторов в текстах. Алгоритмы

*Гусев Владимир Дмитриевич, к.т.н., ИМ СО РАН*

Кафедра информативной биологии ФЕННГУ

## Содержание лекции 2.

### 6. Алгоритмы отыскания совершенных повторов

6.1. Основные характеристики алгоритмов.

6.2. Лексикографическая сортировка.

6.3. Хеширование.

6.4. Алгоритм Мартинеца.

6.5. Оптимальные (линейные) алгоритмы вычисления полного частотного спектра.

### 7. Алгоритмы отыскания несовершенных повторов.

### 8. Сложность символьных последовательностей.

8.1. Общий подход.

8.2. Сложность по Лемпелю и Зиву.

8.3. Модификации меры Лемпеля и Зива (меры  $C_1$  и  $C_2$ ).

8.4. Режимы использования мер  $C_1$  и  $C_2$ . Возможные обобщения

Вопросы, упражнения, задачи.

## 6. Алгоритмы отыскания совершенных повторов.

6.1. Основные характеристики алгоритмов – время выполнения  $T$  (или временная сложность) и затраты памяти ( $P$ ) (емкостная сложность).

Они зависят главным образом от размера исходных данных (применительно к текстам – это длина текста  $N$ ; существенным параметром является и размер алфавита  $|\Sigma|$ ). Оценка трудоемкости и памяти ведется с использованием

**$O$ -символики.**

Утверждение типа "время выполнения  $T(N)$  составляет  $O(N^2)$ " подразумевает, что существуют положительные константы  $C$  и  $N_0$ , такие, что для всех  $N$ , больших или равных  $N_0$ ,

имеет место 
$$T(N) \leq C N^2$$

**Пример.** Функция  $T(N) = 3N^3 + 2N^2 + 1$  имеет порядок (или степень роста)  $N^3$ , т.е.  $T(N)$  есть  $O(N^3)$ .

Следует иметь в виду, что большему порядку роста одной функции может соответствовать существенно меньшая мультипликативная постоянная, чем у другой функции с малым порядком роста. По этой причине алгоритм с быстро растущей сложностью может оказаться предпочтительнее для задач с малым размером, чем алгоритм с меньшим порядком роста.

**Пример.** Зависимость  $T(N)$  от размера входа  $N$  при разных порядках роста и мультипликативных константах

Алгоритм	Временная сложность	Диапазон предпочтительных значений $N$ для $A_k$ ( $k = 1 \div 4$ )
$A_1$	$1000N$	$N > 1024$
$A_2$	$100N \log N$	$59 \leq N \leq 1024$
$A_3$	$10N^2$	$10 \leq N \leq 58$
$A_4$	$2^N$	$2 \leq N \leq 9$

**6.2. Метод лексикографической сортировки** позволяет вычислить частотную характеристику  $l$ -го порядка  $\Phi_l(T)$  с временными затратами  $O(l \cdot N)$  (в предположении, что размер алфавита  $|\Sigma| \ll N$ ). Затраты памяти —  $O(l \cdot N)$

**6.3. Метод, основанный на хешировании** символьных цепочек позволяет вычислить  $\Phi_l(T)$  с временными затратами  $O(l \cdot N)$  в среднем и затратами памяти  $O(N \cdot \log N)$ ). Временная сложность может быть уменьшена до  $O(N)$  путем построения рекуррентных формул пересчета функции расстановки при сдвиге окна анализа ширины  $l$  на одну позицию ("рекуррентное хеширование").

**Хеширование** — это отображение, которое ставит в соответствие произвольной  $l$ -грамме текста  $x_i$  ( $1 \leq i \leq N - l + 1$ ) адрес оперативной памяти  $h(x_i)$ , в котором хранится информация об  $x_i$  (в частности, счетчик, фиксирующий частоту появления  $x_i$  в  $T$ .)

**Примером** простейшего отображения является представление  $l$ -граммы  $x_i = a_{i1} a_{i2} \dots a_{il}$ , где  $a_{im} \in \Sigma$  ( $m = 1 \div l$ ) в  $q$ -ичной системе счисления, где  $q = |\Sigma|$ . Элементом алфавита  $\{a_0, a_1, \dots, a_{q-1}\}$  при этом ставятся в соответствие числа  $\{0, 1, \dots, q-1\}$ , а цепочке  $x_i$  длины  $l$  соответствует число

$$h_1(x_i) = k_1 q^{l-1} + k_2 q^{l-2} + \dots + k_l q^0 = \sum_{i=1}^l k_i q^{l-i},$$

где  $k_m$  – числовой эквивалент символа  $a_{im}$  из цепочки  $x_i$  ( $0 \leq k_i \leq q-1$ ).

**Недостаток** этого отображения – слишком большой (порядка  $|\Sigma|^l$ ) диапазон изменения чисел  $h_1(x_i)$ , что приводит к **нерациональному расходу памяти** (сильно разреженный массив адресов).

**Достоинство** – отображение  $h_1$  является **взаимно-однозначным** и достаточно **просто вычислимым**.

Компромисс по памяти и по времени может быть достигнут, если

- а) сузить диапазон изменения возможных значений  $h(x)$  до величины, соответствующей реальному разнообразию сравниваемых объектов (в случае  $l$ -грамм эта величина не превышает  $N - l + 1$ ). Этому требованию удастся удовлетворить, если
- б) отказаться на начальном этапе от требования однозначности нумерующей функции (или функции расстановки)  $h(x_i)$ , вследствие чего могут возникнуть наложения (ситуации, когда  $h(x_i) = h(x_j)$  при  $x_i \neq x_j$ );
- в) разделить в последующем наложившиеся объекты с помощью специальной техники (открытая адресация, перехеширование, использование списковых структур и т.д.).

Пример функции расстановки, допускающей наложения:

$$h_2(x_i) = K(x_i) \bmod M = K(x_i) - M \lfloor K(x_i)/M \rfloor$$

где  $K(x_i)$  — числовой код  $l$ -граммы  $x_i$ ,

$M$  — оценка сверху разнообразия  $l$ -грамм в тексте  $T$  ( $M_1 < N - l + 1$ );

$\lfloor Z \rfloor$  означает целое, ближайшее снизу к  $Z$ .

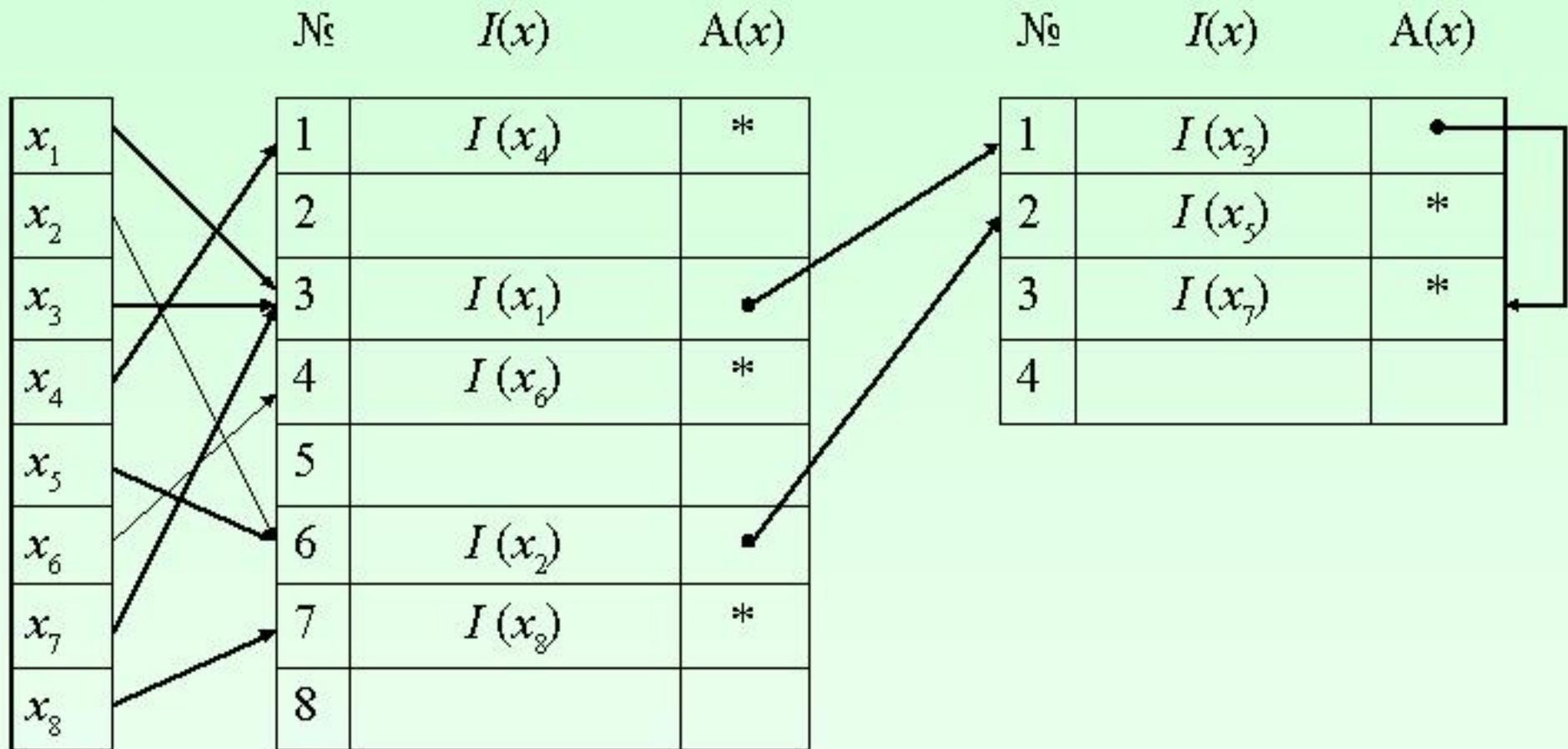
$M$  желательно выбирать в виде простого числа.

## Пример списковой схемы устранения наложений

Информационный массив

Расстановочное поле

Дополнительное поле (ДП)



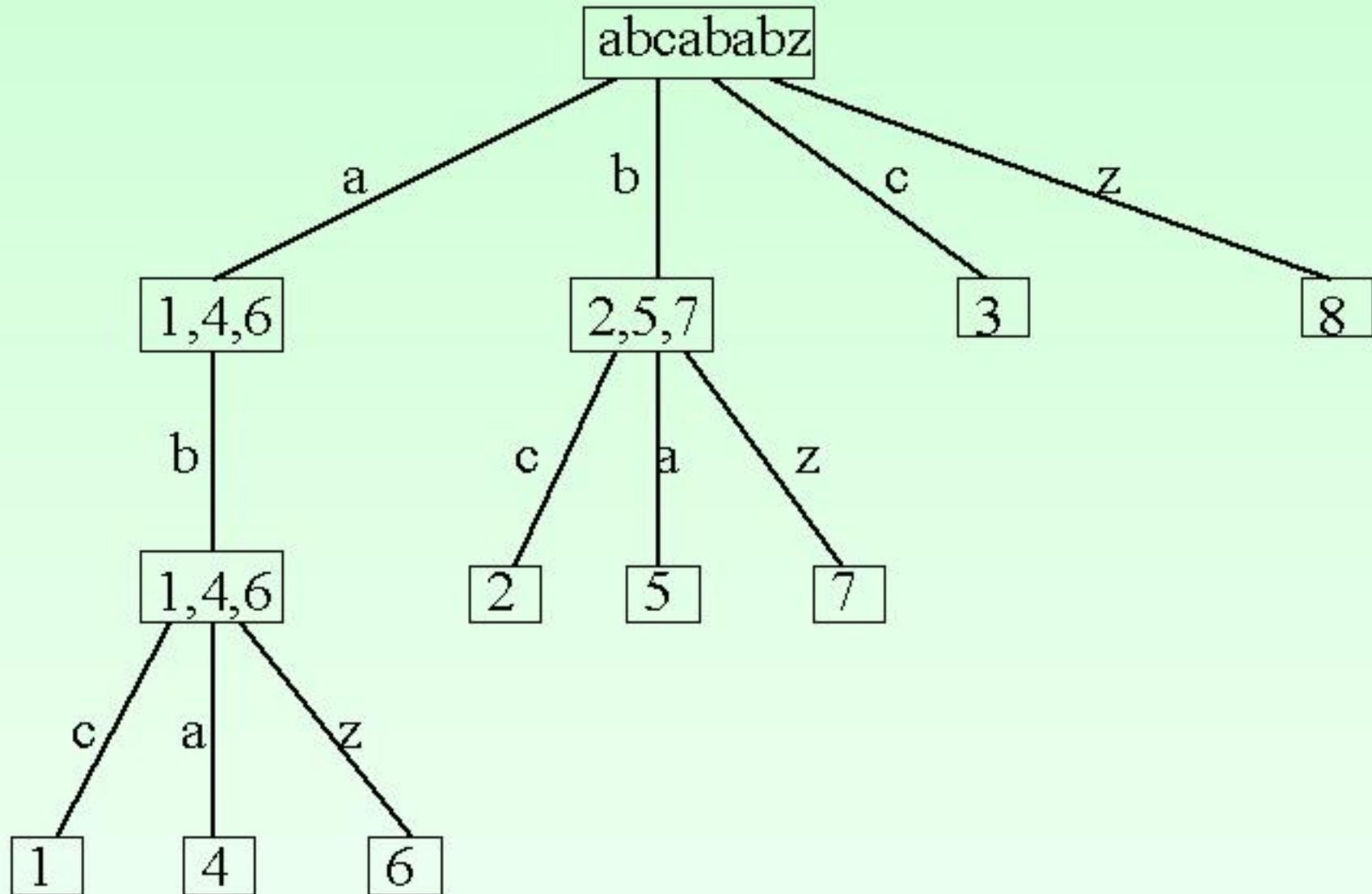
Здесь  $x = (x_1, x_2, \dots, x_8)$  — информационный массив, элементы которого хешируются в порядке их следования. Каждый элемент расстановочного поля делится на две части: информационную  $I(x)$  и адресную  $A(x)$ . В  $I(x)$  заносится информация о самом первом объекте, распределенном по данному адресу (например, имя объекта и счетчик числа его вхождений в информационный массив). При наличии повторного обращения по данному адресу увеличивается на 1 значение счетчика, если объекты (старый и новый) совпали; в противном случае в  $A(x)$  указывается адрес первой свободной позиции в **дополнительном поле**, куда помещается наложившийся объект. Так поступают со всеми наложившимися объектами в основном поле. При наличии трех – (и более высокой кратности) наложений в расстановочном поле (см. объекты  $x_1, x_3, x_7$ ) мы второй и все последующие объекты размещаем в дополнительном поле, связывая их отсылками (см. стрелки в ДП). Звездочка, стоящая в  $A(x)$  означает конец списка.

**6.4. Алгоритм Мартинеца** позволяет вычислить полный частотный спектр повторов с временными затратами  $O(N \log N)$  в среднем и  $O(N^2)$  в наихудшем случае. Алгоритм строит дерево из повторяющихся цепочек, склеивая их по общим начальным участкам. Проиллюстрируем процесс построения на примере последовательности  $Tz=abcbabz$  (здесь  $z$  – концевой маркер,  $z \notin \Sigma = \{a,b,c\}$ ).

На первом шаге проходим по тексту и сортируем его элементы по типам букв, связывая с каждым типом узел на первом уровне дерева, содержащий список позиций вхождений данного символа в текст. Если список состоит из одной позиции, то данная буква (а в общем случае цепочка символов, которая помечает путь из корня дерева в данный узел) однозначно идентифицирует указанную позицию текста (нет другой позиции с той же цепочкой). Соответствующий узел дальше не ветвится.

Если список состоит более чем из одной позиции (есть повторы), сортируем его по типам букв, следующих в тексте непосредственно за буквой (в общем случае – цепочкой), породившей данный список (сортировка биграмм). образуем для каждой биграммы узел на втором уровне дерева и т.д. Процесс заканчивается, когда все списки становятся одноэлементными. Алгоритм очень прост по своей логике, но требует значительных затрат памяти для хранения позиционной информации и больших временных затрат в наихудшем случае.

Алгоритм Мартиненса на примере последовательности  $Tz=abcababz$  (здесь  $z$  – концевой маркер,  $z \notin \Sigma = \{a,b,c\}$ ).



## 6.5. Оптимальные (линейные) алгоритмы вычисления полного частотного спектра.

Если цепочка символов  $v$  имеет вид  $xuz$ , т.е. представлена в виде конкатенации (сцепления) трех цепочек  $(x, y, z)$ , то  $x$  называют **префиксом**  $v$ ,  $z$  – **суффиксом**, а  $y$  – **подсловом** (подцепочкой). Соответственно, оптимальные алгоритмы отыскания совершенных повторов могут быть основаны на построении **префиксного дерева**, **суффиксного дерева** или **графа** всех **подслов** текста.

Первая конструкция принадлежит Вайнеру (Weiner P., 1973), вторая – Мак-Крейгу (McCreight, 1976), третья – коллективу авторов (A.Blumer, J.Blumer, A.Ehrenfeucht, et al., 1984). Все конструкции являются **функционально эквивалентными** и реализуются за линейное (в зависимости от длины текста) время с линейными затратами памяти. Префиксное и суффиксное дерево строятся в режиме "off-line", т.е. требуют сразу предъявления всего текста; граф подслов (или цепочек) строится в режиме "on-line", т.е. по мере поступления новых символов. Рассмотрим для иллюстрации конструкцию **префиксного дерева**.

Префикс-идентификатором  $t(i)$  позиции  $i$  в тексте  $T$  назовем кратчайшую цепочку, начинающуюся в позиции  $i$  и встречающуюся в  $T$  только один раз.

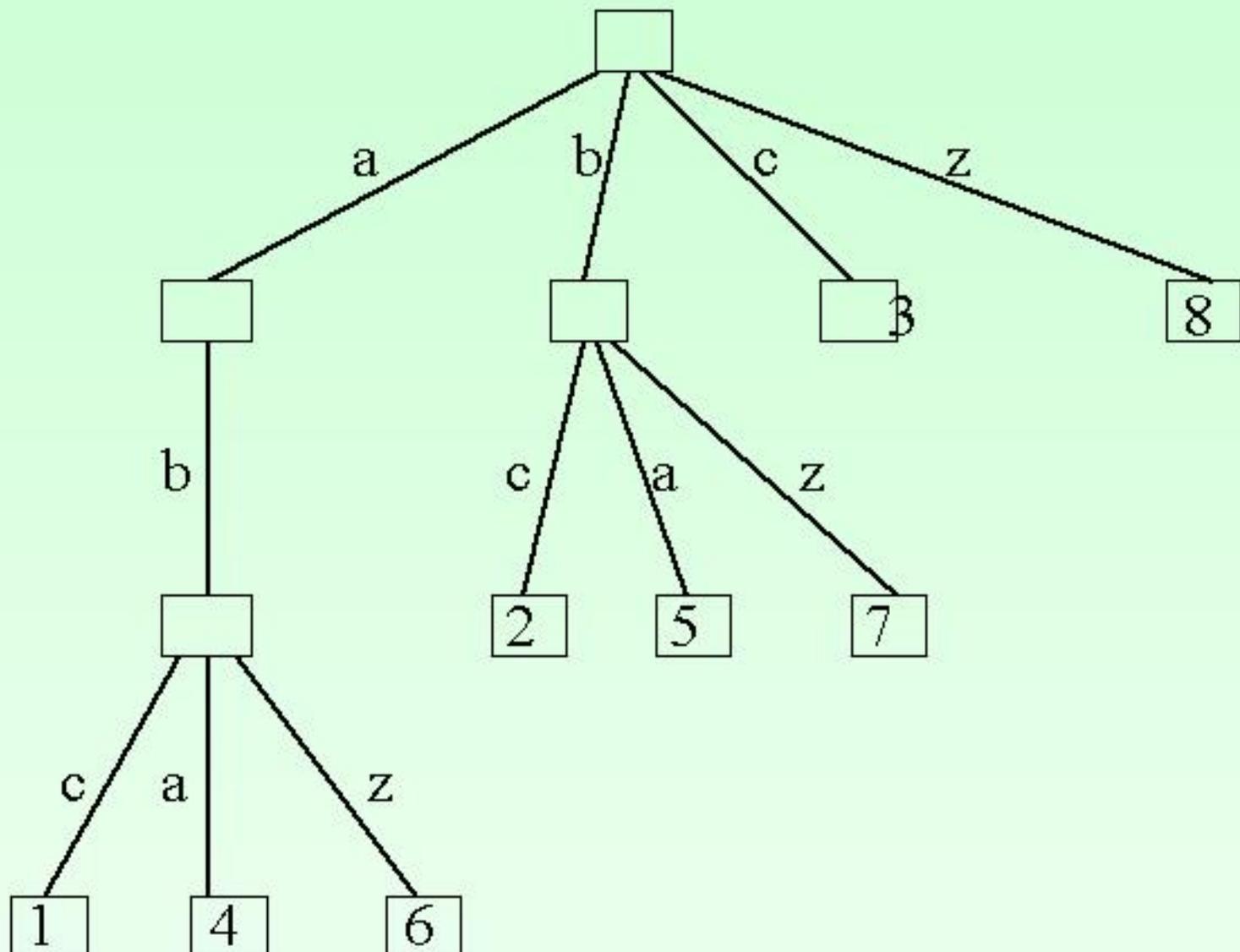
Чтобы  $t(i)$  был определен для заключительных позиций текста, его (текст) дополняют конечным маркером  $z = a_{N+1}$ , который не принадлежит алфавиту  $\Sigma$ .

Множество всех префикс-идентификаторов можно представить в виде *префиксного дерева*. Ребра его помечены символами из  $(\Sigma \cup z)$ , а листья – числами  $1, 2, \dots, N+1$ , однозначно соответствующими позициям в  $Tz$ .

Префикс-идентификатор  $t(i)$  определяется последовательностью реберных меток на пути из корня в лист с меткой  $i$ .

Пример дерева префикс-идентификаторов для цепочки  $Tz=abscababz$

$i$	$t(i)$
1	abc
2	bc
3	c
4	aba
5	ba
6	abz
7	bz
8	z



Нетрудно видеть, что **конструкция Мартинеца** полностью соответствует **префиксному дереву**, но в последнем отсутствует позиционная информация во внутренних узлах. Отличаются и схемы построения: Мартинец строит дерево "по уровням" (первый, второй и т.д.); Вайнер – по цепочкам (префикс-идентификаторам), просматривая текст справа – налево (режим off-line!) и добавляя на каждом шаге новую цепочку ( $t_8, t_7, t_6$  и т.д.).

В общем случае префиксное дерево может иметь  $O(N^2)$  узлов. К примеру, префиксное дерево для текста  $T = a^k b^k a^k b^k z$ , где  $a^k$  и  $b^k$  –  $k$ -кратные повторения символов  $a$  и  $b$  соответственно, содержит  $k^2 + 6k + 2$  узлов (показать). Поэтому временные затраты на его построение в наихудшем случае также будут иметь порядок  $N^2$ . Однако число узлов может быть уменьшено путем **компактизации** дерева, сводящейся к замене всех цепных (неразветвляющихся) участков одним ребром, помеченным теперь цепочкой символов (в приведенном выше примере ребра  **$a$**  и  **$b$**  вместе с разделяющим их узлом будут заменены одним ребром, помеченным цепочкой  **$ab$** ). Вайнер показал, что компактное префиксное дерево содержит не более  $3N - 2$  узлов и может быть построено с *линейными временными затратами*. Однако логика алгоритма Вайнера достаточно сложна, что ведет к существенному росту мультипликативных констант в оценках трудоемкости и памяти. Это означает, что более простые алгоритмы (типа Мартинеца), хотя и содержат нелинейность в оценке трудоемкости, могут тем не менее конкурировать с оптимальными алгоритмами в достаточно значительном диапазоне длин текстов.

## 7. Алгоритмы отыскания несовершенных повторов.

**Основная трудность:** техника, разработанная для отыскания совершенных повторов, имеет очень ограниченное применение для поиска несовершенных повторов.

**Пример.** Назовем *(l,k)-повтором* пару фрагментов текста длины  $l$ , отличающихся друг от друга точно по  $k$  позициям ( $k \ll l$ ).

Рассмотрим возможности сведения задачи отыскания несовершенных  $(l,k)$ -повторов к отысканию совершенных повторов.

**Первая возможность.** Пусть для определенности  $k = 1$  и размер алфавита  $n = |\Sigma|$  невелик. При  $k = 1$  две  $l$ -граммы, образующие  $(l,1)$ -повтор, будут иметь лишь пару несовпавших символов в одной из  $l$  позиций. Существует  $C_n^2$  возможных типов несовпадений (например, для ДНК-алфавита их 6:

А и G, А и С, А и Т, G и Т, G и С, Т и С).

Рассмотрим  $C_n^2$  вариантов агрегирования алфавита, "склеивающих" (делающих неразличимыми) пару элементов алфавита, не затрагивая других.

Применительно к ДНК-последовательностям это эквивалентно переходу к следующим 6 алфавитам из 3 элементов каждый:

$A=G, C, T;$      $A=T, G, C;$      $A=C, G, T;$      $G=T, A, C;$      $G=C, A, T;$   
 $T=C, A, G.$

Тем самым задача отыскания всех  $(l, 1)$ -повторов в тексте  $T$ , составленном из элементов алфавита размера  $n$ , сводится к решению  $C_n^2$  задач отыскания совершенных  $(l, 0)$ -повторов в текстах той же длины, но с алфавитом размера  $n - 1$ . Среди выявленных идеальных повторов отбираются лишь те, которые содержат *одну пару* несовпадающих символов (в исходном алфавите).

Нетрудно видеть, что с ростом параметра  $k$  (число допустимых несовпадений) метод быстро становится неэффективным (в частности, при  $k = 3$  и  $n = 4$  не работает уже сама идея агрегирования, поскольку две  $l$ -граммы с тремя несовпадениями типа  $A, T;$   $T, G;$   $G, C$  могут быть преобразованы в идеальный повтор лишь перекодировкой вида  $A = T = C = G$  при которой тождественными окажутся все  $l$ -граммы текста).

## Вторая возможность (алгоритмы "ядерного" типа).

Рассмотрим всевозможные варианты расстановки  $k$  несовпадений по  $l$  позициям в паре цепочек, образующих  $(l, k)$ -повтор. Даже при наихудшем (равномерном) варианте расстановки гарантируется наличие хотя бы одного неискаженного фрагмента ("ядра")

$$l_0 = \left\lceil \frac{l}{k+1} \right\rceil$$

, где  $\lceil x \rceil$  означает целое ближайшее к  $x$  сверху.

Так, к примеру, при  $l = 9$ ,  $k = 2$  гарантированный размер неискаженного ядра равен 3.

Отсюда вытекает *идея алгоритма*. По заданным  $l$  и  $k$ :

- 1) вычисляем **размер ядра  $l_0$** ;
- 2) находим в  $T$  все **совершенные повторы** длины  $l_0$ ;
- 3) **расширяем по тексту** каждую пару одинаковых ядер до размера  $l$ -слова в обе стороны (всего существует  $l - l_0 + 1$  допустимых вариантов расширения);
- 4) **проверяем каждый вариант** на число несовпадений, чтобы не превысить допустимый порог  $k$ .

Эффективность ядерного алгоритма тем выше, чем меньше отношение  $k/l$ .

Однако искусственное завышение размера ядра приводит к потере

значительной части  $(l, k)$ -повторов

**В общем случае** поиск участков локального сходства (локальной гомологии) осуществляется с помощью процедур **динамического программирования** (соответствующие подходы будут рассмотрены при обсуждении техники выравнивания последовательностей).

**Основной недостаток** этих методов: временные затраты и память **квадратичным** образом зависят от длины текста. Возможности ускорения связаны с опасностью потери части допустимых повторов.

**Общий вывод:** сколь-нибудь развитой классификации несовершенных повторов, по-видимому, не существует. Во многом это связано с тем, что интуитивная трактовка несовершенного повтора как "пары фрагментов близких в определенном смысле" зависит от используемой метрики (или меры близости), которых предложено очень много. Их сравнительный анализ, равно как и выделение отдельных "предметно-ориентированных" классов повторов, а также разработка эффективных алгоритмов их поиска представляют несомненный практический интерес.

## 8. Сложность символьных последовательностей.

### 8.1. Общий подход.

По мнению философов "**сложность** – это общенаучное понятие, приближающееся по своему статусу к философской категории". Применительно к символьной последовательности (тексту) плодотворной оказалась идея А.Н. Колмогорова (1965г) об оценивании ее сложности **длиной кратчайшей программы**, по которой эта последовательность может быть синтезирована. Если последовательность проста, т.е. обнаруживает какие-то регулярные закономерности (например, типа периодичностей) программа ее генерации может быть очень короткой. И, наоборот, если последовательность не обнаруживает каких-либо регулярных закономерностей, кратчайший способ ее генерации может свестись к выписыванию последовательности в явном виде.

Существует множество определений сложности (**энтропийные** меры сложности, **комбинаторная, аддитивная, грамматическая** сложность и др.) Наибольшую популярность получила мера сложности, предложенная **Лемпелем и Зивом** (1976г.), на основе которой реализованы многие программы сжатия текстов. Нас будет интересовать не столько сжатие, как таковое, сколько **выявление интегральных и локальных закономерностей**, на которых оно основано.

## 8.2. Сложность по Лемпелю и Зиву.

В соответствии со схемой Колмогорова Лемпель и Зив измеряют сложность последовательности **числом шагов порождающего ее процесса**. Допустимыми операциями при этом являются: **генерация** нового символа и **копирование** "готового" фрагмента из уже синтезированной части текста. Схема порождения последовательности  $S$  по Лемпелю и Зиву (или **сложностное разложение  $S$** ) может быть представлена в виде конкатенации фрагментов

$$H(S) = S[1:i_1] S[i_1 + 1:i_2] \dots S[i_{k-1} + 1:i_k] \dots S[i_{m-1} + 1:N]$$

где  $m_H(S)$  — фрагмент, синтезируемый на  $k$ -м шаге,  
 $k$  — число шагов процесса.

Из всевозможных схем порождения  $S$  выбирается минимальная по числу шагов. Таким образом сложность последовательности  $S$  по Лемпелю и Зиву:

Минимальность числа шагов обеспечивается выбором для копирования на каждом шаге максимально длинного прототипа из предыстории.

**Компоненты**  $H(S)$  трактуются как "**словарь**"  $S$ . Чтобы в нем не было повторяющихся цепочек, найденный максимальный прототип удлиняется еще на один элемент (генерация символа). Таким образом, **длина копируемого фрагмента** на  $k$ -м шаге

$$i_k - i_{k-1} - 1 = \max_{j \leq i_{k-1}} \{l_j : S[i_{k-1} + 1 : i_{k-1} + l_j] = S[j : j + l_j - 1]\}$$

а сам  **$k$ -й компонент**

$$S[i_{k-1} + 1 : i_k] = \begin{cases} S[j(k) : j(k) + l_{j(k)} - 1] S[i_k] & \text{при } j(k) \neq 0, \\ S[i_{k-1} + 1] & \text{при } j(k) = 0, \end{cases}$$

где  $j(k)$  — номер позиции, с которой начинается копирование на  $k$ -м шаге ( $j(k) = 0$ , если в позиции  $i_{k-1} + 1$  стоит ранее не встречавшийся символ),

$l_{j(k)}$  — длина копируемого фрагмента.

**Пример 1.** Пусть  $\Sigma = \{A, B\}$  и  $S = ABBAVAABVVAABVAVVA$ .

Схема порождения  $S$  имеет вид:  $H(S) = A \cdot B \cdot \underline{VA} \cdot \underline{VAA} \cdot \underline{VVA} \cdot \underline{VAVV} \cdot \underline{A}$ ,  
 $C_{LZ} = 7$ .

Здесь компоненты разложения отделены друг от друга точками, а копируемые фрагменты подчеркнуты снизу.

### 8.3. Модификации меры Лемпеля и Зива.

Мера  $C_1$  : к копируемому фрагменту не добавляется на каждом шаге еще один символ, т.е. операция генерации символа используется только для введения в текст не встречавшихся ранее элементов алфавита. Как следствие, в сложностном разложении фигурируют теперь "чистые" повторы.

**Пример 2.** Для рассмотренной в примере 1 последовательности  $S$  получаем следующее разложение:  
 $H_1(S) = A \cdot B \cdot B \cdot AB \cdot A \cdot ABBA \cdot ABA \cdot BBA$ ,  $C_1(S) = 8$ .

Заметим, что выбор указателя копирования для одного и того же компонента разложения может быть неоднозначным. Так, последний (восьмой) компонент  $BBA$  допускает два варианта копирования со значениями  $j(8) = 2$  и  $j(8) = 8$ . При выявлении структурных особенностей текста удобнее использовать **наибольший** из возможных указателей копирования. При этом копируемый фрагмент и его прототип оказываются максимально сближенными, что иногда свидетельствует об их совместном функционировании. Мы будем придерживаться последней из указанных стратегий.

## Два полезных свойства меры $C_1$ .

**Свойство 1. Расширяемость компонентов.** Компонент разложения и его прототип нерасширяемы вправо, но могут допускать расширение влево, трактуемое как удлинение повтора. Число добавляемых слева символов при этом строго меньше длины предыдущего компонента.

**Пример 3.** Пусть  $\Sigma = \{A, C, G, T\}$  и  $S = \text{ATAAGCTTAATTAAGCTTC}$ .

Схема порождения  $S$  имеет вид:

$$H_1(S) = \text{A} \cdot \text{T} \cdot \text{A} \cdot \text{A} \cdot \text{G} \cdot \text{C} \cdot \text{T} \cdot \text{TAA} \cdot \text{TAA} \cdot \text{GCTT} \cdot \text{C}, \quad C_1(S) = 11.$$

Здесь прототипом для предпоследнего (10-го) компонента является цепочка  $S[5 : 8]$ . Нетрудно видеть, что 10-й компонент и его прототип могут быть расширены влево на 3 символа, образуя более длинный повтор (см. подчеркнутые цепочки). Это означает, что мы имеем для  $S$  эквивалентные (по числу компонентов) разложения — приведенное выше и  $H'_1(S) = \text{A} \cdot \text{T} \cdot \text{A} \cdot \text{A} \cdot \text{G} \cdot \text{C} \cdot \text{T} \cdot \text{TAA} \cdot \text{T} \cdot \text{TAAGCTT} \cdot \text{C}$ ,  $C_1(S) = 11$ . В  $H'_1(S)$  9-й компонент редуцирован, т.е. получен не по оптимальной схеме, а 10-й удлинен ( $j(10) = 2$ ).

## Свойство 2. Обнаружение тандемных повторов.

Пусть текущий ( $k$ -й) порождаемый компонент начинается в позиции  $q_k$ , его длина —  $l_k$ , указатель копирования —  $j(k)$ . Если  $j(k) + l_k \geq q_k$ , т.е. прототип вплотную примыкает к порождаемому компоненту или накладывается на него, то имеет место тандемная повторность с длиной периода  $t = q_k - j(k)$  и кратностью повторений не меньшей, чем  $\text{entier}(l_k/t) + 1$ .

**Пример 4.** Схема порождения  $S$  имеет вид

$H_1(S) =$	G·T·A·	TA·	C·	CC·	G·	GTATA·	TATATA·	A·
№ комп.	1 2 3	4	5	6	7	8	9	10
$j(k)$	0 0 0	2	0	6	1	1	13	20

Здесь компоненты №№ 4 (TA), 6 (CC), 9 ((TA)<sup>3</sup>) копируются с прототипов, непосредственно примыкающих к ним (№ 4) или налагающихся на них (№ 6 и № 9). Так, прототипом для компонента № 9 ((TA)<sup>3</sup>), начинающегося в позиции  $q_9 = 15$ , является цепочка (TA)<sup>3</sup>, начинающаяся в позиции  $j(9) = 13$ . При этом длина периода  $t = q_9 - j(9) = 15 - 13 = 2$ , сам период — цепочка TA, кратность повторений — не меньше, чем  $\text{entier}(6/2) + 1 = 4$ . Реальная кратность равна 5.

Мера  $C_2$  — ДНК-ориентированный вариант меры сложности  $C_1$ .

Сложностное разложение текста и значение сложности зависят от типа используемой операции копирования. Так, если в мере  $C_1$  заменить операцию прямого копирования на **симметричное копирование**, получим для  $S$  из примера 2 следующее разложение:

$$\begin{array}{c} \longleftarrow \qquad \qquad \qquad \longrightarrow \\ H_1^{\text{сим}}(S) = A \cdot B \cdot BA \cdot BA \cdot A \quad BBA \cdot ABABBA, \quad C_1^{\text{сим}}(S) = 6, \end{array}$$

т.е. сложность уменьшилась на 2.

Отсюда возникает следующая **возможность обобщения меры  $C_1$** :

введем 4 операции копирования (прямое (1), симметричное (2), прямое комплементарное (3) и симметричное комплементарное (4)) в соответствии с 4 выделенными ранее типами повторов и будем выбирать на каждом шаге генерации текста ту операцию копирования, которой соответствует **максимальный прототип** в предыстории. Получим меру  $C_2$ . Каждый компонент разложения в ней снабжается (кроме указателя копирования) указателем способа копирования (или типа повтора)  $p(k)$ .

Пример разложения некодирующей последовательности  $S$  из генома дрожжей по мере  $C_2$ . Схема порождения  $S$  имеет вид:

$i$	1	5	10		20	25	30	35				
$H_2(S) =$	$\overrightarrow{A \cdot A \cdot G}$	$\overleftarrow{CTT}$	<u>TC</u>	<u>CTTT</u>	<u>TCCTTTT</u>	$\overrightarrow{GG}$	$\overleftarrow{CT}$	<u>GGTTTT</u>	$\overleftarrow{GC}$	$\cdot$	AGCCAAAA	
$k$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
$j(k)$	0	1	0	1	4	5	7	14	15	16	21	16
$p(k)$	-	1	-	4	2	2	1	3	1	2	1	4

$$C_2(S) = k_{\max} = 12.$$

Выделены наиболее характерные структуры: подчеркнут тандемный повтор, стрелками сверху отмечены симметричный повтор ( $\overleftarrow{\quad} \overrightarrow{\quad}$ ) и симметричный комплементарный повтор ( $\overrightarrow{\quad} \overleftarrow{\quad}$ ), образующий структуру шпилечного типа с симметричной петлей GTTTTG.

## 8.4. Режимы использования мер $C_1$ и $C_2$ . Возможные обобщения.

- 1) Число возможных подстановок (переименований элементов алфавита) составляет  $n!$ , где  $n = |\Sigma|$ . С учетом прямого и симметричного копирования можно зафиксировать  $2n!$  различных операций копирования и вычислить вектор из  $2n!$  значений сложности  $C_1$  (**векторная мера сложности** – еще один способ представления последовательностей).
- 2) Можно сформулировать меру  $C_3$  (уже не являющуюся предметно-ориентированной в отличие от  $C_2$ ), где на каждом шаге выбирается та из  $2n!$  допустимых операций копирования, которой соответствует максимальный прототип в предыстории (алгоритм реализован).
- 3) Вычисление мер  $C_1$  и  $C_2$  в скользящем окне размера  $D$  позволяет построить **сложностной профиль** последовательности и выявить фрагменты с аномально низкой сложностью, характеризующиеся наиболее регулярной структурой. Они часто оказываются функционально значимыми. Параметр  $D$  характеризует разрешающую способность анализа.
- 4) Можно получать сложностное разложение одной последовательности по другой, т.е. представлять одну последовательность в виде конкатенации фрагментов из другой. Эту процедуру можно распространить на группу текстов, что позволяет за один просмотр подборки выявить наиболее существенные взаимосвязи между текстами в виде повторов разного типа.

## Вопросы, упражнения, задачи.

1. Сформулируйте алгоритм случайного перемешивания текста с сохранением его биграммного состава.
2. Пусть в модульной функции расстановки  $h(x) = x \bmod N$  в качестве параметра  $N$  фигурирует четное число. Приведите пример информационного массива, состоящего из набора чисел  $x_1, x_2, \dots, x_m$ , для которых такой выбор  $N$  оказался бы неудачным.
3. Постройте дерево префикс-идентификаторов для цепочек  $S_1 = \text{baaaab}$  и  $S_2 = \text{abababa}$  в двух вариантах : а) некомпрессированное; б) компактное.
4. Покажите, что: а) если префикс-идентификатор  $t(i)$  имеет длину  $j$ , то длина  $t(i - 1)$  не превосходит  $j + 1$ ; б) никакой префикс-идентификатор не является собственным префиксом другого.
5. Покажите, что позиционное дерево для текста  $T = a^k b^k a^k b^k z$  содержит  $k^2 + 6k + 2$  узлов.

6. Опишите алгоритм поиска цепочки  $x = b_1 b_2 \dots b_p$  в тексте  $T = a_1 a_2 \dots a_n$ , для которого уже построено дерево префикс-идентификаторов.
7. Сформулируйте алгоритм отыскания  $(l, k)$ -повторов ( $k \ll l$ ) с кластеризованными (расположенными подряд) заменами.
- 8\*. Переформулируйте задачу 6 для случая цепочек, отличающихся друг от друга  $k$ -элементной блочной вставкой или делецией. Предложите алгоритм отыскания таких повторов.
- 9\*. Предложите алгоритм поиска в тексте фрагментов фиксированной длины с одинаковым  $l$ -граммным составом.
10. Пусть  $\Sigma = \{A, G, C, T\}$  – алфавит нуклеотидов. Напишите цепочку минимальной длины, содержащую: а) все возможные биграммы в данном алфавите; б) все триграммы. Единственное ли решение? Оцените сложность цепочек по мере  $C_1$ .
11. Приведите пример сложностного разложения по мере  $C_2$ , содержащего хотя бы один компонент, который может быть получен с использованием разных операций копирования.

12. Получите сложностные разложения по мере  $C_1$  и  $C_2$  для последовательностей :

а) TGTGTCACAGACACAGA (фрагмент эукариотического промотора)

б) CCAGTCCGTCGCCTGCCA (— // —)

в) TGTAACGAAAATTTCCAATGT (— // —)

Выделите стрелками, подчеркиванием выявляемые структуры.

13. Для последовательности CCAACAAGCAATGTTGG (фрагмент эукариотического промотора) получите 4 типа разложений по мере  $C_1$  с использованием, соответственно, одной из 4 операций копирования (прямое, симметричное, прямое комплементарное и симметричное комплементарное).

14. Приведите пример, когда однократная замена в НК-последовательности приводит:

а) к увеличению сложности по мере  $C_1$  ;

б) к уменьшению сложности по мере  $C_2$  .