病毒的 DNA

——— 剖析一道字符匹配问题解析过程

长沙长郡中学 饶向荣

题目描述

有一种奇特的病毒,它的 DNA 序列是环状的,而一般的生物的 DNA 都是线状的,且由科学家发现:生物被此种病毒侵袭的可能性与生物和病毒的 DNA 序列最大公共长度有关,由于病毒是环状的,所以它可以循环重复的匹配。科学家们经过大量的试验发现:如果生物和病毒 DNA 序列的最大公共部分的长度还没有病毒的 DNA 长,病毒是无法安身的,也就是说这个生物被侵染的几率是 0 ,否则,最长公共部分的长度和被侵染的几率满足下面的关系式:

生物被侵染几率=最大公共部分长度 / 生物 DNA 长

度。

任务

现在已知病毒的 DNA 序列和某生物的 DNA 序列,你必须求出此生物被侵染的几率是多少。

题目描述

数据范围

病毒的 DNA 序列长度 〈=1000 , 生物 DNA 序列长度 〈=105 。

样例

病毒的 DNA 序列 (环状)为 abc,生物的 DNA 序列为 abbcabcabb,那么它们的最长的公共长度为 7,最长公共部分为红色部分:bcabcab。

设A为病毒的环状DNA字串,A的长度为N。 设B为生物的线状DNA字串,B的长度为M。

那么题目所求: 环串 A 和线串 B 的最大可循环公共子串长度。

根据平时的解题经验,很容易想到用动态规划来解此类求公共最大长度的题目,而且稍加分析就可设计相应的动态规划:

设f[i,j] 表示以线串B的第i位和环串A的第j位结尾的最大公共子串的长度。

那么动态转移方程:

$$f[i,j] = \begin{cases} f[i-1,j-1]+1, & A[j] = B[i] \coprod 1 < j \le n \\ f[i,j] = \begin{cases} f[i-1,n]+1, & A[j] = B[i] \coprod j = 1 \\ 0 & A[j] \ne B[i] \end{cases}$$

最后的答案:

$$Ans = \max(f[i, j], 1 \le i \le m, 1 \le j \le n)$$

空间复杂度为 O(N)。

时间复杂度

时间复杂度: O(M*N)。 n<=1000,

 $m < =10^5$.

优化:

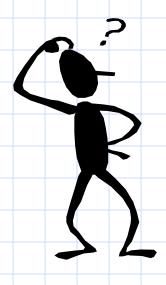
经过分析,不必求出依次所有的f[i,j],只有当B[i]=A[j]时,才有必要求f[i,j],其余的f值全为0。

又因为 A,B 中的字符只有

['a'..'z', 'A'..'Z'], 那么只需在开始时用链表记录'a'..'z', 'A'..'Z' 出现的位置, 动态规划的过程中就可以京观 法人化化

问题的结症没有解决:

算法的时间复杂度还是没有降低。



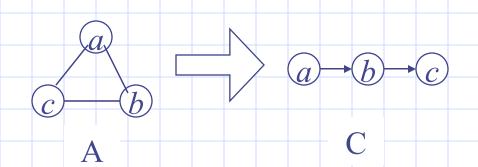
问题转化

动态规划未用到另一条件:

只有最大公共子串的长度大于等于 N 时,才有必要计算这个长度。

如传逸思路、叙怀汉发现:此题实际上比较类似一般字符匹配问题,不同点在于此题有环串存在!

因为环串的匹配起始位置是不定的,与一般的字符匹配问题是不同的。所以不妨先将环串 A 断开,设为线串 C。



求解的变换

$$abc \qquad 2 = L[i-1] \qquad \begin{array}{c} B[i-1] B[i] \\ \hline abbcabcabb \\ \hline C[n C[1] \\ \hline \end{bmatrix} bcabcab$$

那么如果求出从B的第i位和C的第一位起向后循环匹配的最大长度,记为R[i]。

再求出从B的第i-1位和C的最后一位起向前循环匹配的最大长度,记为L[i-1]。

$$Ans = \max(L[i-1] + R[i], 1 \le i \le M)$$

R[i] 的求解

R[i] 的初步求法为:

枚举B中位置i,和C向后匹配到不能匹配为止,显然匹配的长度可达到M,那么此法的复杂度为 $O(M^2)$,**复杂度有增无减**!

必须考虑避免不必要的匹配:

 $\begin{array}{ccc} abc & abb cabcabb \\ & & & & & & & & \\ R[i] & \xrightarrow{n} R[i+n] \end{array}$

如果从I开始往后逐字比较时,已匹配的长度已经达到了N,那么就没有必要再往后比较了,必然有R[i]=R[i+n]+n成立。

Q[i]的求解

定义 Q[i] 表示 B 从位置 i 开始和 C 非循环匹配的最大长度。那么求出 Q[i],就求出了 R[i] 了。

$$R[i] = \begin{cases} Q[i] & Q[i] < n \\ R[i+n] + n & Q[i] = n \end{cases}$$

R[i] 那么问题等价于求 Q[i] ,如何求 Q[i]?

一般的,到了这一步,我们希望可以通过字符匹配类问题中高效的 KMP 算法来求出 Q[i]。

但稍加分析就会发现:KMP的匹配过程是跳动的,不便于求出所有的Q[i]。

虽然直接运用KMP求Q[i]的计划落空,但是否还可以借鉴KMP的解题思路和特点来设计Q[i]的求法呢?

首先,要使复杂度尽量低,总的匹配次数也就应该尽量少。而KMP解题的一大特点就是:尽量的利用了前面的比较结果,达到了不重复比较被匹配串中已匹配字符的目的。

在 Q[i] 的计算上是否也可以做到这一点呢?

abc



K为求Q[1..i-1]的过程中,B中已被匹配到最大的位置。 J为匹配到K的起始位置。

为了不重复比较 B 中已匹配字符,最理想的情况下,我们期望可以直接从 k+1 位开始向后比较就能求出 Q[i]。

显然,如果能直接确定 Q[i]+i>=k 时,也就是从 i 位置起,可匹配到的最大位置不小于 k,就可以直接从 k+1 位开始往后逐字比较求 Q[i]。

但这样就存在两个问题:

- 1. 怎么确定 Q[i]+i>=k 呢?
- 2. 如果 Q[i]+i< k 时,又怎么办呢?

KMP 算法达到避免重复比较目的的关键点在于:

将匹配串和被匹配串对应起来考虑。

先考虑 B 串中 j 到 k 这一段。显然它和 C 串的 1 到 k-j+1 这段是完全一样的;同样,B 中的 i 位置,对应于 C 串中的 i-j+1 位置。

求出从C的第i-j+1位和C的第一位开始可匹配的最大长度,记为L。

abcdabddcdcdccbacabd dcdcdccbcabc *dcdcdccbcabc*

B abcdabddcdcdccbacabd

C dcdcdccbcabc dcdcdccbcabc

k-i+1

观察上图,可得出以下结论: ~

当 L < k-i+1 时 : Q[i] = L

当 L>=k-i+1 时: Q[i]+i>=k 。只需从 k+1 向后逐字比较,就可 求出 Q[i] 。

所以,关键在L的计算上。

B abcdabddcdcdccbacabd

L的值仅由 i-j+1和 C确定。

设T[x](1 < = x < = n),表示从C的x位置起和C匹配的最大长度。

那么求解R的过程中,对B中任何位置i和对应的j,T[i-j+1]就相当于要求的L。

T的求解

接下来, 求解 T:

其实 T 的 计算和 Q 的 计算本质 上是一样:都要求从一个字串的每个位置起和 C 可匹配的最大长度。

Q[i] 可通过 T[1..n] 和适当比较算出来,而 T[x] 则可通过 T[1..x-1] 和适当的比较求出来。

那么计算 T[x] 的时间复杂度: O(N)。

复杂度分析

此算法的总时间复杂度

= 匹配的时间复杂度+计算 T/x/的时间复杂度

=O(M+N) •

效率上得到了极大的提高。

问题圆满解决!

上面的解决方式,看起来与KMP十分的相似,但实际上透彻的理解后,还是有很大的区别的。此解法主要是借鉴KMP的思想和特点提出的,而不是生搬硬套。

回顾解题过程

下面回顾整个解题的过程:

- 1. 先考虑动态规划, 行不通!
- 2. 分析问题,发现问题要求长度不小于N的公共部分,这是此题 转化的关键条件。
- 3. 求解分解为 L[i] 和 R[i] 。
- 4. 精简 R[i] 的求解,求相应的 Q[i] 。
- 5. 灵活运用 KMP 解题思路和特点,设计出 T 数组,使得匹配的时间复杂度降为 O(M)。这部分是圆满解决此问题的关键。

总结

上面 Q[i] 的求解思路具有一定的可推广性,对于某些字符 串匹配问题可以类似的寻求问题的解决方法。

上面讲解的题目比较的简单,只是希望大家着重注意解题的思路,但愿能够给大家一点启发。从此题的解决上,也发现解题时要牢记以下几点:

需要全面分析问题,抓住问题的关键 要有一定的知识积累量,必须牢固掌握基础知识 要有灵活变通运用的能力

