

# Lab1 寻找样本DNA序列中的重复片段

---

姓名：季雨昊

学号：23300240010

## 实验内容

输入两个DNA序列（reference, query）。寻找query中相对于reference中重复的子序列。输出重复子序列在reference中的位置，重复次数和是否发生逆转。

## 算法伪代码

```
FIND-REPEATS-KMER(ref, qry, max_len, min_len)
1. Initialize repeats as empty list
2.  $m \leftarrow \text{length}(\text{qry})$ 
3. covered  $\leftarrow$  array of  $m$  elements initialized to False
4. for  $k \leftarrow \text{max\_len}$  downto  $\text{min\_len}$  do
5.     if  $k > \text{length}(\text{ref})$  or  $k > \text{length}(\text{qry})$  then continue
6.     hash_table  $\leftarrow$  BUILD-KMER-HASH-TABLE(ref,  $k$ ) //  $O(nk)$  time
7.      $j \leftarrow 0$ 
8.     while  $j \leq m - k$  do
9.         if covered[j] then
10.             $j \leftarrow j + 1$ 
11.            continue
12.         current_kmer  $\leftarrow$  qry[j..j+k-1] //  $O(k)$  time
13.         if current_kmer  $\in$  hash_table then
14.             ref_pos  $\leftarrow$  hash_table[current_kmer]
15.             rev_comp  $\leftarrow$  REVERSE-COMPLEMENT(ref[ref_pos - k..ref_pos - 1])
16.             is_reverse  $\leftarrow$  (current_kmer == rev_comp)
17.             repeat_count  $\leftarrow 1$ 
18.             next_j  $\leftarrow j + k$ 
19.             while next_j  $\leq m - k$  do
20.                 next_kmer  $\leftarrow$  qry[next_j..next_j+k-1]
21.                 if next_kmer == current_kmer then
22.                     repeat_count  $\leftarrow$  repeat_count + 1
23.                     next_j  $\leftarrow$  next_j + k
24.                 else break
25.             if repeat_count > 1 then
26.                 for pos  $\leftarrow j$  to next_j - 1 do covered[pos]  $\leftarrow$  True
27.                 Append (ref_pos, k, repeat_count, is_reverse, j) to repeats
28.              $j \leftarrow \text{next\_j}$ 
29.         else
30.             $j \leftarrow j + 1$ 
31. SORT repeats by start position (j) //  $O(r \log r)$  time
32. Adjust counts for overlapping repeats (e.g., subtract 1 if adjacent and conflicting)
33. Deduplicate repeats by (pos, length, is_reverse)
34. return unique repeats
```

```

BUILD-KMER-HASH-TABLE(S, k)
1. Initialize kmer_counts as empty dict
2. n ← length(S)
3. for i ← 0 to n - k do
4.     kmer ← S[i..i+k-1]
5.     rev_comp ← REVERSE-COMPLEMENT(kmer)
6.     if kmer ∉ kmer_counts then kmer_counts[kmer] ← i + k
7.     if rev_comp ∉ kmer_counts then kmer_counts[rev_comp] ← i + k
8. return kmer_counts

```

## 时空复杂度分析

### 时间复杂度的分析

1. **build\_kmer\_hash\_table** : 循环遍历整个reference链, 执行 $n - k + 1$ 次  $\approx O(n)$ 次, 每个单次循环需要提取反向序列, 需要 $O(k)$ 时间。总体时间复杂度为 $O(nk)$ 。
2. **find\_repeats\_kmer** :
  - 外层循环从max\_len到min\_len, 时间复杂度为 $O(\text{max\_len} - \text{min\_len})$ 。
  - 内层遍历query序列, 时间复杂度为 $O(m)$ 。
  - 每次遍历中调用**build\_kmer\_hash\_table**, 时间复杂度为 $O(nk)$ 。
  - 快速排序的平均时间复杂度为 $O(r \log r)$ , 其中 $r$ 是找到的重复序列的数量。
3. **总体时间复杂度** :  $O((\text{max\_len} - \text{min\_len}) * (nk + m) + r \log r)$ 。max\_len和min\_len可以视为常数, 总的时间复杂度能被进一步化简为 $O(n + m + r \log r)$ 。

### 空间复杂度的分析

由三部分构成：哈希表、已检测序列的标记数组covered、重复序列结果记录列表repeats, 空间复杂度为 $O(n + m + r)$ 。

## 运算结果

```

(base) PS D:\本科学习\25春\算法\algo_lab1> python kmer_dp.py
重复1: 位置=400, 长度=100, 重复次数=1, 反向=True
重复1: 位置=400, 长度=100, 重复次数=1, 反向=True
重复2: 位置=400, 长度=70, 重复次数=3, 反向=False
重复3: 位置=400, 长度=50, 重复次数=5, 反向=False

```

## 代码仓库

<https://github.com/LagunaKi/Fudan-Algorithm2025-lab1.git>