

代 号 007  
分 类 号 1-1(分类号)

学 号 1203121619  
密 级 公开

题 (中、英文) 目 基于压缩后缀数组的短读比对算法

A Short Read Aligment Algorithm with

Compressed Suffix Array

作 者 姓 名 李双江 指导教师姓名、职务 霍红卫教授

学 科 门 类 工科 学科、专业 计算机软件与理论

提交论文日期 二〇一四年十月

**Contributers:**

**HaoChen** write the statement page

**Olorin183795** bug report

**yzg3307** bug report

Author by Xue-Jilong ( xuejilong@gmail.com ) and Justin-Wong ( bigeagle@xdlinux.info )

Typeset by L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X 2<sub>ε</sub> and C<sub>T</sub><sub>E</sub>X and provide for Bachelor Thesis of Xidian University.

The first page will not appear in your final thesis paper. Take it easy for this copyright footnote. :-)

## 西安电子科技大学

### 学位论文独创性（或创新性）声明

秉承学校严谨的学风和优良的科学道德，本人声明所呈交的论文是我个人在导师指导下进行的研究工作及取得的研究成果。尽我所知，除了文中特别加以标注和致谢中所罗列的内容以外，论文中不包含其他人已经发表或撰写过的研究成果；也不包含为获得西安电子科技大学或其它教育机构的学位或证书而使用过的材料。与我一同工作的同志对本研究所做的任何贡献均已在论文中做了明确的说明并表示了谢意。

申请学位论文与资料若有不实之处，本人承担一切相关的法律责任。

本人签名：\_\_\_\_\_

日期\_\_\_\_\_

## 西安电子科技大学

### 关于论文使用授权的说明

本人完全了解西安电子科技大学有关保留和使用学位论文的规定，即：研究生在校攻读学位期间论文工作的知识产权单位属西安电子科技大学。学校有权保留送交论文的复印件，允许查阅和借阅论文；学校可以公布论文的全部或部分内容，可以允许采用影印、缩印或其它复制手段保存论文。同时本人保证，毕业后结合学位论文研究课题再撰写的文章一律署各单位为西安电子科技大学。（保密的论文在解密后遵守此规定）

本学位论文属于保密，在\_\_\_\_年解密后适用本授权书。

本人签名：\_\_\_\_\_

日期\_\_\_\_\_

导师签名：\_\_\_\_\_

日期\_\_\_\_\_



## 摘 要

本文介绍了西电版的  $\text{\LaTeX}$  本科毕业设计论文模板，该模板是基于  $\text{\CTeX}$  中文宏包开发，指在为西安电子科技大学的本科毕业生提供一个简单、专业、有效的排版工具，且该版本不打算加入研究生毕业论文和博士生毕业论文，因为定制模板也是一个很复杂的事情，如果有可能的话，后期可能继续单独写研究生和博士生的  $\text{\LaTeX}$  模板。作者本着为西电同学服务的原则开发，并不承担一切有关责任与义务，如维护、更新等，但欢迎提交 BUG。祝西安电子科技大学的同学前程似锦。

西安电子科技大学是以信息与电子学科为主，工、理、管、文多学科协调发展的全国重点大学，直属教育部，是国家“211 工程”立项建设的重点高校之一，是全国 56 所设有研究生院的高校之一，37 所示范性软件学院的高校之一，也是全国 20 所获批设立集成电路人才培养基地的高校之一。

1931 年诞生于江西瑞金的中央军委无线电学校，是毛泽东等老一辈革命家亲手创建的第一所工程技术学校。1958 年学校迁址西安，1966 年转为地方建制，1988 年定为现名。建校 79 年来，学校始终得到了党和国家的高度重视，是我国“一五”重点建设的项目之一，也是 1959 年中央首批批准的全国 20 所重点大学之一。20 世纪 60 年代，学校就以“西军电”之称蜚声海内外。毛泽东同志曾先后两次为学校题词：“全心全意为人民服务”、“艰苦朴素”。学校现建设有南北两个校区，总占地面积 4000 亩，校舍建筑面积 130 多万平方米，图书馆藏书近 420 万册<sup>[10]</sup>。

校现有各类在校生 3 万余人，其中博士研究生 1700 余人，硕士研究生 8100 余人，设有通信工程学院、电子工程学院、计算机学院、机电工程学院、技术物理学院、经济管理学院、理学院、人文学院、示范性软件学院、微电子学院、国际教育学院、生命科学技术学院、网络与继续教育学院以及长安学院等 14 个学院。

**关键词：** 西电，论文，毕业设计，模板



## ABSTRACT

This page is English abstract test.English is a West Germanic language that arose in the Anglo-Saxon kingdoms of England and spread into what was to become south-east Scotland under the influence of the Anglian medieval kingdom of Northumbria. Following the economic, political, military, scientific, cultural, and colonial influence of Great Britain and the United Kingdom from the 18th century, via the British Empire, and of the United States since the mid-20th century, it has been widely dispersed around the world, become the leading language of international discourse, and has acquired use as lingua franca in many regions. It is widely learned as a second language and used as an official language of the European Union and many Commonwealth countries.

This page is English abstract test.English is a West Germanic language that arose in the Anglo-Saxon kingdoms of England and spread into what was to become south-east Scotland under the influence of the Anglian medieval kingdom of Northumbria. Following the economic, political, military, scientific, cultural, and colonial influence of Great Britain and the United Kingdom from the 18th century, via the British Empire, and of the United States since the mid-20th century, it has been widely dispersed around the world, become the leading language of international discourse, and has acquired use as lingua franca in many regions. It is widely learned as a second language and used as an official language of the European Union and many Commonwealth countries.

This page is English abstract test.English is a West Germanic language that arose in the Anglo-Saxon kingdoms of England and spread into what was to become south-east Scotland under the influence of the Anglian medieval kingdom of Northumbria.

**Keywords:** Xidian, University, Thesis, Template





## 目 录

<b>第一章 绪论</b> .....	<b>1</b>
1.1 研究意义和背景介绍 .....	1
1.2 国内外研究现状 .....	2
1.3 本文的主要内容及组织结构 .....	2
<b>第二章 预备知识</b> .....	<b>5</b>
2.1 压缩索引 .....	5
2.2 序列比对 .....	6
2.2.1 DNA 序列格式 .....	6
2.2.2 单端测序和双端测序 .....	8
2.2.3 DNA 序列的预处理 .....	8
2.3 本章小结 .....	8
<b>第三章 压缩后缀数组的实现</b> .....	<b>9</b>
3.1 后缀数组和压缩后缀数组 .....	9
3.2 简明数据结构 .....	10
3.3 rank&select 操作 .....	12
3.3.1 RRR 方法的理论基础 .....	12
3.3.2 RRR 方法的实现 .....	14
3.3.3 RRR 方法实验结果 .....	15
3.4 压缩后缀数组和模式匹配 .....	18
3.4.1 CSA 前向搜索模式匹配算法 .....	18
3.4.2 CSA 后向搜索模式匹配 .....	19
3.5 压缩后缀数组和自索引 .....	20
3.6 本章小结 .....	21
<b>第四章 基于压缩后缀数组的序列比对算法</b> .....	<b>23</b>
4.0.1 精确匹配 .....	23
4.0.2 近似匹配 .....	23

---

<b>第五章 CSAA 的实现</b>	<b>29</b>
5.0.3 效率优化	29
5.0.4 使用 seed 提高精确度	30
5.1 实验测试	30
5.1.1 测试环境和数据	30
5.1.2 索引建立时间	31
5.1.3 模拟数据测试	31
5.1.4 真实数据测试	32
<b>第六章 总结与展望</b>	<b>33</b>
6.0.5 总结	33
6.0.6 进一步工作	33
<b>致 谢</b>	<b>35</b>
<b>参考文献</b>	<b>37</b>

## 第一章 绪论

### 1.1 研究意义和背景介绍

DNA(脱氧核糖核酸)是生物遗传信息的载体,其双螺旋结构的两个链互相补充,构成稳定结构。其中每个链都含有完备的遗传信息,这些遗传信息体现在构成DNA链的四种碱基——腺嘌呤(A),胸腺嘧啶(T),鸟嘌呤(C)和胞嘧啶(G)的排列顺序上。在现代生物科学研究中,为分析DNA的遗传表达等特性,需要特定对物种DNA进行测序。早期的sanger测序作为第一代测序手段在人类基因组计划中起到了巨大的作用。

随着生物学,医学等相关科学的发展,新的DNA测序技术不断涌现,其中,以Illumina/Solexa为代表的NGS(NEXT-GENERATION SEQUENCING DAT)技术以其低廉的测序成本和便捷快速的特点成为当前的主流DNA测序技术。基于这一新技术实现的测序机器每台工作一天就能产生数十亿的短读序列(short reads)<sup>[19]</sup>。NGS测序技术一般应用于两类测试场景,重测序(Resequencing)和从头测序(de novo sequencing),这也对应着产生了DNA分析领域的两个最核心的研究问题:比对(alignment)和重组(assembly)。若测序的目标物种的基因序列之前还从未被测序过,那么从头测序就是研究的第一步,这需要关注把短读以最优方式连接起来。若测序目标物种已经完成了测序,那么重测序关注的问题是如何把短读序列映射到已知的同物种基因组上,从而分析同源生物的个体基因差异,这个过程就是本文关注短读比对(short read alignment)。由于每一次测序实验都会得到大量的短读(short reads)序列(5亿到20亿个),同时生物个体基因之间的差异会导致基因序列存在差异,短读映射面临着基因的近似比对和快速高效比对两个难题。本文即提出一种基于压缩后缀数组索引算法的快速高效比对算法来解决这两个问题。

重测序得到的短读序列中每一个短读一般不超过1000个碱基(大多数情况下都是20到100个碱基的长度),但一次测序实验中短读数量都会超过一千万个。参考序列是已经经过准确测序,重组后的已知基因组序列,比如人类基因组序列就是合并出来的总长达2.8G的DNA序列。出于医疗,身份鉴别等原因会对某个具体的人进行再次DNA测序,这就是DNA重测序,此时测序得到的大量短读序列分析的第一步就是把这些短读映射到参考序列上,对人类而言,大多都是映射到人类基因组序列上,也可以映射到一个人工合成的参考序列上。映射的过程是对每一个短读在参考序列上查找的过程,即要在参考序列上找到一个合适的位置,使得从这个位置开始,短读是参考序列的一个子串。

综上所述,短读序列的比对问题可以抽象为一个模式查找问题:给定一个共有 $m$ 个模式的模式集合 $P = \{P_1, P_2 \dots P_m\}$ ,每个模式的长度已知分别为 $l_1, l_2 \dots l_m$ ,已知一个长为 $n$ 的参考序列 $T$ ,求得一个集合 $S = \{s_1, s_2 \dots s_n\}$ 使得

$P_i = T[s_i \dots s_i + l_i - 1]$ 。这个查找的过程即为短读到参考序列的比对映射。其中参考序列  $T$  和短读序列  $P_i$  都是由 DNA 测序中常用的碱基字符  $\{A, T, C, G, N\}$  构成的。

## 1.2 国内外研究现状

为实现快速且准确的短读序列映射，近年来出现了很多比对算法。所有这些算法都可以分为两类，一类是通过短读序列使用散列表等方法建立短读序列的索引，之后遍历整个参考序列。另一类是为参考序列建立索引，之后再对每个短读进行独立的比对。

第一类比对算法的代表是 MAQ, ZOOM, SHRiMP 等。MAQ<sup>[11]</sup> 基于散列技术，结合短读中每一个核苷酸的测序质量分数，实现了无空位 (ungapped) 比对。ZOOM<sup>[15]</sup> 使用了 space seeds 技术，提高了比对的精确率。而 SHRiMP<sup>[22]</sup> 则结合 space seeds 和 smith-water 算法得到了更高的精确率。

第二类算法为参考序列建立索引，通过索引后的数据可以实现快速的比对。如 SOAP, WHAM, BFAST 等。SOAP<sup>[12]</sup> 使用 seeds 技术和一个散列查询表加速比对，且可以处理较少的空位比对。WHAM<sup>[14]</sup> 对参考序列建立散列表，先通过散列表查找潜在的比对位置，再进一步比对确定最终结果。BFAST 则通过为参考序列建立多个索引来提高精确度。这几种方法使用的索引方法都需要很大的内存空间，所以比对时空间需求很大，尤其是在用类基因组这样的较大序列作为参考序列时。在第二类方法中以 SOAP2, Bowtie, BWA 为代表的基于 BW 变换 (Burrows-Wheeler transform, BWT)<sup>[2]</sup> 来创建参考序列索引的方法具有很大的空间优势。Bowtie<sup>[8]</sup> 使用 BWT 建立索引，采用回溯递归的搜索方法，再结合双端搜索实现了高速，空间高效的比对，是目前最快的比对软件之一，但缺陷是不能实现空位 (gap) 比对。BWA<sup>[9]</sup> 也是基于 BWT 的一种比对算法，比对速度较 Bowtie 慢，但可实现空位比对。SOAP2<sup>[13]</sup> 使用了 bidirectional BWT 来建立参考序列的索引，比对速度和 Bowtie 相当。基于 BWT 的这些方法都使用了后向搜索方法<sup>[16]</sup> 来加速查询。后向搜索可以在  $O(m)$  时间内实现长为  $m$  的字符串的计数查询，以及  $O(m \log n)$  时间复杂度的 query 查询。利用后向搜索的性质，Bowtie 实现了基于回溯法的非精确匹配算法，而 BWA 则采用前缀树搜索的方法实现非精确匹配。在实现非精确匹配的基础上，加上一些打分机制，既实现了短读序列到参考序列的匹配。

## 1.3 本文的主要内容及组织结构

本文提出一种采用压缩后缀数组 (COmpressed Suffix Array, CSA) 建立索引<sup>[3]</sup>，实现短读比对的算法:CSAA(csa alienment)。这一算法采用的是 CSA 的后向搜索特性，同时还使用了优先队列来保存所有可能的匹配位置，并为每个可能的匹配位置打分，在匹配过程中，通过分支限界抛弃所有低分搜索方向，降低搜索空间，

同时保证匹配结果最优。按照上一节中对短读比对算法的分类，该算法属于对参考序列进行索引的比对算法。



## 第二章 预备知识

序列比对领域常用的比对方法是对短读序列或者参考序列建立索引，除了前文所提到的通常的基于散列表的索引方法之外，最常使用的就是压缩索引算法。压缩索引一方面能对数据规模进行压缩，减少算法实现时对内存空间的需求；另一方面也起到索引的作用，加快对模式的搜索。如前文所述，DNA 数据经过处理后可以当作一个文本序列，而序列比对问题可以抽象为一个模式查找问题，因此，序列比对使用的索引方法本质上是文本索引算法。本章将介绍文本索引算法的一些概念，同时在第二部分对 DNA 数据格式处理做一些简述。

### 2.1 压缩索引

文本索引的目的是加快模式查询的速度。模式查询问题可以表述为：给定一个长为  $m$  的输入模式，找出  $P$  在长为  $n$  的文本  $T$  中的出现位置。在模式查询领域，KMP 提出了第一个时间复杂度为  $O(m+n)$  的线性查询算法，空间需求只有  $O(1)$ ，这是非索引方法所能达到的最优结果。之后为提高查询速度所涉及的搜索算法都是基于索引的方法。当前最优影响力的索引是倒排索引，但倒排索引是一种词索引，文本  $T$  必须是结构化的，可以分为词，以便构建单词集。而如 DNA 等数据，是没有明显的单词集的，其所查询的模式也可能出现在文本  $T$  的任何一个位置，即模式串  $P$  可以是  $T$  的任意子串。而后缀数组和后缀树以及类似 trie 树或者自动机都可用于 DNA 这样的无结构文本的模式查询，这种索引称为全文本索引 (full text index)。

后缀数组和后缀树由于其所需存储空间过大，在实践应用中存在诸多限制，而压缩索引的出现就是针对全文本索引空间复杂度过高的一个解决方案。最有名的两个全文本压缩索引就是压缩后缀数组和 FM 索引。这两个索引的优势还体现在其自索引性质上，即建立索引后，无需再保存原文本  $T$ ，CSA 或者 FM 本身即隐含了文本  $T$ ，这进一步使得索引的规模降到了文本的 0 阶经验熵。另一个问题是构建 CSA 或者 FM 时，都需要  $O(n \log n)$  位的辅助空间，这使得在构建较大规模的文本 (如本文中使用的类人类基因组) 索引时，对计算机内存的需耗很大，在常规 PC 上无法完成索引构建工作，对此，Hon, Sadakane 和 Sung 提出了逐步构建 CSA 和 FM，再归并的方法<sup>[7][4]</sup>，使得构造空间降低到了  $O(n \log |\Sigma|)$  位。

以 BWT 为代表的自索引算法近年来在序列比对领域多有出现，例如前文中提到的 Bowtie, BWA 等。本文提出的序列比对算法则使用另一种自索引算法：压缩后缀数组 (CSA)<sup>[3]</sup>。同 BWT 相比，CSA 的模式查询速度更快，应用于序列比对，相应的比对速度也会更快，提高整个比对的效率。

CSA 上的模式查询使用后向搜索算法 (backward searching), Sadakane 已经证明, 在 CSA 上的后向搜索实践复杂度是  $O(m)$ , 条件是字符集满足  $|\Sigma| = O(\text{poly log}(n))^{[24]}$ 。本文提出的 CSAA 比对算法中, 序列的查询也使用的是后向搜索算法。

## 2.2 序列比对

### 2.2.1 DNA 序列格式

在 DNA 序列分析领域, DNA 数据一般都来自国际知名的几大 DNA 数据库, 如 GenBanki, EMBL, DDBJ 等。不同的测序方法, 通常得到的序列数据也会有一些差异。对此, 为方便后续处理, 生物信息学定义了一些通用的序列存储格式, 如 Fasta, Fastq 等。通常 Illumina 测序数据都是 Fastq 格式, 所以本文中实现的软件 CSAA 也以 Fastq 作为标准输入格式。

Fastq 格式是 DNA 序列格式中常见的一种, Fastq 格式的序列一般都包含有四行, 第一行由 '@' 开始, 后面跟着序列的描述信息, 这点跟 Fasta 格式是一样的。第二行是序列的字符表示。第三行由 '+' 开始, 后面也可以跟着序列的描述信息, 和第一行信息相同, 通常可以省略。第四行是第二行序列的质量评价 (quality values, 是测序的质量评价), 字符数跟第二行的序列是相等的。下面是 Fastq 格式序列的一个序列示例。

```
@HWUSI-EAS100R:6:73:941:1973#0/1
GATTTGGGGTTCAAAGCAGTATRRRGYKKKMSTCAAATAGTAAATCCATTTGTTCAACT
+HWUSI-EAS100R:6:73:941:1973#0/1
!' '*((( (**+)) %%%++) (%%%) .1***-+*' ')) **55CCF>>>>>CCCCCCC6
```

Illumina 测序仪是按照荧光信号来判断所测序的碱基是哪一种的, 例如红黄蓝绿分别对应 ATCG, 但对每个结果都是有一定的误差的。最初 sanger 中心用 Phred quality score 来衡量该 read 中每个碱基的质量, 既  $Q = -10 \lg P$ , 其中  $P$  代表该碱基被测序错误的概率, 如果该碱基测序出错的概率为 0.001, 则  $Q = 30$ ,  $30+33=63$ , 63 对应的 ASCII 码为 "?", 则在第四行中该碱基对应的质量分数代表值即为 "?". 一般地, 碱基质量从 0-40, 既 ASCII 码为从 "!" (0+33) 到 "I" (40+33)。这上是 sanger 中心采用记录 read 测序质量的方法, Illumina 没有完全依照 sanger 中心的方法来定义测序质量, 而是把  $P$  换成了  $P/(1 - P)$ , 其他完全按照 sanger 的定义来做。可以看出当测序质量很高的情况下两种形式几乎没区别, 但低质量的碱基则有区别了。

在 Fastq 格式中还可能出现其他一些核苷酸符号, 具体含义如表2.1所述。

DNA 序列的标准保存格式是 Fastq 等格式, 同样的, 对序列比对的输出格式, 也有一个约定的标准数据格式: SAM 格式。SAM 的全称是 sequence alignment/map



表 2.1 Fastq 格式支持的核苷酸符号

核苷酸代码	意义
A	Adenosine
C	Cytosine
G	Guanine
T	Thymidine
U	Uracil
R	G A (puRine)
Y	T C (pYrimidine)
K	G T (Ketone)
M	A C (aMino group)
S	G C (Strong interaction)
W	A T (Weak interaction)
B	G T C (not A) (B comes after A)
D	G A T (not C) (D comes after C)
H	A C T (not G) (H comes after G)
V	G C A (not T, not U) (V comes after U)
N	A G C T (aNy)
X	masked
-	gap of indeterminate length

format，一般是文本形式的，也可以存为二进制形式文件，即 BAM 格式。SAM 由头文件和 map 结果组成，头文件由一行行以 “@” 起始的注释构成。而 map 结果是类似下面的文本：

```
C12FP66670 0      chr1  12805 1 42M4I5M * 0 0 TTGGATGCCCTC...
C12FP30032 272    chr1  13494 1 51M      * 0 0 ACTGCCTGGCGCT...
```

SAM 文件中每个 read 只占一行，被 tab 分成了很多列，一共有 12 列，分别记录了：read 名称，SAM 标记，chromosome 名称，5 端起始位置，MAPQ (mapping quality，描述比对的质量，数字越大，特异性越高)，CIGAR 字串 (记录插入，删除，错配信息)，mate 名称 (记录 mate pair 信息)，mate 的位置，模板的长度，read 序列，read 质量，程序用标记。

本文中重点关注的是第三列，chrome 名称，以及第四列，起始位置。通常作为参考序列的基因组是由多条染色体构成的，比对程序需要得到 read 在哪一条染色体上，以及在改染色体上的位置，即 5' 端起始位置。

### 2.2.2 单端测序和双端测序

目前的测序方法中，如 Solid，都有单端测序 (Single-read) 和双端测序 (Paired end) 之分。二者再测序方法上不同，得到的测序数据也有一些差异。主要区别在于文库的建立上。

无论是单端测序还是双端测序，第一步都是对 DNA 分子进行切割，这是通过切割酶来实现的。切割后，大 DNA 分子被切割成长为 300bp 左右的短序列 (fragments)。测序第二步是增值，通过对这些短序列进行复制，增值，提高 DNA 分子数量。第三部是加入引物，开始测序。单端测序时只在 DNA 短序列分子的一端加上引物，然后依次读取核苷酸，直到读完一个 read。通常一个 read 长为 80 到 1000bp，读取核苷酸时，因为越往后读取错误率越高，所以一般 read 序列也是越往后，可靠性越低。双端测序时，会在 DNA 短序列两端都加上引物，然后分别读取核苷酸。所以，双端测序得到的是一个 DNA 短序列分子的两个 read，这两个 read 读取的是 DNA 链的两个不同的链，并且因为只读取两端的前 100bp 左右的核苷酸，所以，这两个 read 序列并不一定重合，二者之间有一定的距离 (distance)，distance 的长度为短序列 (fragment) 的长度减去两个短读序列的长度之和。反映到在参考 DNA 序列上，distance 为两个序列映射位置之差的绝对值。

### 2.2.3 DNA 序列的预处理

DNA 序列的输入格式是 Fastq，需要首先对其做一些预处理工作，将序列数据转成结构化的文本数据，以便使用 CSA 建立索引和比对。预处理包括两部分数据的处理。处理方法类似。

首先建立索引时需要把参考序列处理成一个单串，因为参考序列会有多条序列组成，需要把这多条序列连接成一条序列，然后再建立索引。预处理参考序列时要保存序列的辅助信息，这需要一个辅助的数据结构来完成。此外因为比对时的输入短读序列也需要保存其辅助信息，所以预处理 reads 时一样要把核心的碱基序列提取出来，并用辅助数据结构保存 reads 的辅助信息。

## 2.3 本章小结

本章分为两个部分，对本文用到的一些先验知识做了一些简述。第一部分简述了索引，全文索引，自索引等概念，并对本文要用到的索引算法：压缩后缀数组做了简介，描述了其特性，以及后向搜索。第二部分是对生物信息学领域序列比对的一些基本概念的解释。包括 DNA 序列数据格式和单端测序，双端测序的概念。

## 第三章 压缩后缀数组的实现

### 3.1 后缀数组和压缩后缀数组

压缩后缀数组 (CSA) 是由 Grossi 和 Vitter<sup>[3]</sup> 最早提出的第一种实现全文索引的压缩索引数据结构, 是对后缀数组 (SA)<sup>[18]</sup> 占用空间过大的改进, 并且实现了自索引特性。

设长为  $n$  的文本序列  $T$ , 字符集为  $\Sigma$ , 本文中假设  $T$  有一个特殊的结尾符号  $\$$ ,  $\$$  不在  $\Sigma$  中并且字典序小于  $\Sigma$  中的所有符号。假设  $T$  存储在一个数组  $T[0 \dots n-1]$  中。对任何的整数  $i$ , 假设

- $T[i]$  为  $T$  中从左往右 0 开始的第  $i$  个字符;
- $T_i$  为  $T$  的第  $i$  个后缀, 即  $T_i = T[i]T[i+1] \dots T[n-1]$ 。

的后缀数组  $SA[0 \dots n-1]$  定义为  $T$  的  $n$  个后缀按字典序排序后的序列, 由  $\{0, 1, \dots, n-1\}$  的一个排列构成, 满足  $T_{SA[0]} < T_{SA[1]} < \dots < T_{SA[n-1]}$ 。即  $SA[i]$  表示  $T$  的  $n$  个后缀中第  $i$  小的后缀的开始位置。如表3.1所示。后缀数组占用空间  $n \log n$ , 给定文本  $T$  和其后缀数组  $SA[0 \dots n-1]$ ,  $T$  中的任何模式  $P$  可以在  $O(|p| \log n + occ)$  时间复杂度内求出其出现位置<sup>[18]</sup>, 并且不需要读原文本  $T$ 。其中  $occ$  是模式的出现次数。

对于任意的整数  $i \in [0 \dots n-1]$ , 定义  $SA^{-1}[i] = j$  使得  $SA[j] = i$ , 很明显  $SA^{-1}[i]$  为  $T_i$  在  $T$  的所有后缀中的排名, 即  $T$  的后缀中比  $T_i$  小的后缀的数量。

表 3.1 *acaaccg\$* 的后缀数组和  $\Phi$  数组

$i$	$T[i]$	$T_i$	$SA[i]$	$T_{SA[i]}$	$\Phi[i]$	$T[SA[i]]$
0	a	acaaccg\$	7	\$	2	\$
1	c	caaccg\$	2	aaccg\$	3	a
2	a	aaccg\$	0	acaaccg\$	4	a
3	a	accg\$	3	accg\$	5	a
4	c	ccg\$	1	caaccg\$	1	c
5	c	cg\$	4	ccg\$	6	c
6	g	g\$	5	cg\$	7	c
7	a	\$	6	g\$	0	g

$$\Phi[i] = j \quad \text{if } SA[j] = (SA[i] + 1) \bmod n^{[5]} \quad (3-1)$$

序列  $T$  的压缩后缀数组 (Compressed Suffix Array, CSA) 是对后缀数组 (SA) 空间复杂度过大的一个改进。其本身也是一个包含  $n$  个整数与后缀数组  $SA$  大小相同且由  $SA$  的近邻函数变换而来的数组  $\Phi$ 。近邻函数定义如3-1, 由于  $T[n-1] = \$$ , 所以  $\Phi[0] = SA^{-1}[0]$ 。另一个角度来看, 若后缀  $T_k$  在  $T$  的后缀中排名为  $i$ , 则  $\Phi[i]$  为后缀  $T_{k+1}$  在  $T$  的后缀中的排名。同时, 可以看到  $SA^{-1}[1] = SA^{-1}[SA[SA^{-1}[0] + 1]] = \Phi[\Phi[SA[SA^{-1}[0]]]] = \Phi[\Phi[0]]$ , 同理可以得到  $SA^{-1}[2] = \Phi[\Phi[\Phi[0]]]$ 。以此类推, 即可根据  $\Phi[0 \dots n-1]$  迭代求出  $SA^{-1}[0 \dots n-1]$ , 由  $SA^{-1}[0 \dots n-1]$  可快速求出  $SA[0 \dots n-1]$ 。由此可得出, 从后缀数组  $SA[0 \dots n-1]$  到数组  $\Phi[0 \dots n-1]$  的变换是可逆的。

$\Phi[0 \dots n-1]$  包含  $n$  个整数, 显示存储时, 也需要  $n \lceil \log n \rceil$  位的存储空间, 同后缀数组  $SA$  相同。然而, 观察表3.1 可以发现  $\Sigma[1 \dots n-1]$  可以分解为  $|\Sigma|$  个严格递增的序列, 这使得压缩后缀数组可以用简明数据结构存储。而  $\Sigma[1 \dots n-1]$  的递增属性则是基于以下引理。

**引理 3.1.** 对于任意的整数  $i < j$ , 若  $T[SA[i]] = T[SA[j]]$ , 则  $\Phi[i] < \Phi[j]$ 。

**证明.** 当  $i < j$  时, 则  $T_{SA[i]} < T_{SA[j]}$  一定成立, 反之亦然。这等价于当  $T[SA[i]] = T[SA[j]]$  时,  $T_{SA[i]+1} < T_{SA[j]+1}$ , 即  $T_{SA[\Phi[i]]} < T_{SA[\Phi[j]]}$ , 所以可以得到  $\Phi[i] < \Phi[j]$ 。即引理3.1成立。  $\square$

对任意一个  $\Sigma$  中的字符  $c$ , 定义  $\alpha(c)$  为  $T$  的后缀中首字符小于  $c$  的后缀的数目, 定义  $\beta(c)$  为  $T$  的后缀中首字符为  $c$  的后缀的数目。则有以下结论:

**推论 3.2.** 对于  $\Sigma$  中的任意一个字符  $c$ ,  $\Phi[\alpha(c)], \Phi[\alpha(c) + 1] \dots \Phi[\alpha(c) + \beta(c) - 1]$  是一个严格递增序列。

**证明.** 对于任意的字符  $c$ ,  $T[SA[\alpha(c)]] = T[SA[\alpha(c) + 1]] = \dots = T[SA[\alpha(c) + \beta(c) - 1]] = c$ , 由引理3.1可知,  $\Phi$  在  $\Phi[\alpha(c) \dots \alpha(c) + \beta(c) - 1]$  上严格递增。  $\square$

根据以上结论,  $\Phi$  可以划分为  $|\Sigma|$  个递增序列, 这个递增性质是压缩后缀数组可压缩性的本质保证。Grossi 和 Vitter<sup>[3]</sup> 据此提出了一种压缩模式来存储  $\Phi$ , 使得可以在  $O(n(H_0 + 1))$  位的空间内存储  $\Phi$  数组, 其中  $H_0 \leq \log |\Sigma|$ , 是文本  $T$  的 0 阶经验熵。这种存储模式就是下文中所叙述的简明数据结构。

## 3.2 简明数据结构

简明数据结构 (Succinct Data Structure) 是对整数序列进行简明编码, 达到压缩存储的效果并实现常数时间解码的一类数据结构的总称。本节中将以 Vitter 原始论文中使用的 Rice 编码为例阐述简明数据结构的存储原理。实际上, 除了 Rice 编码, 简明数据结构还可以使用很多编码形式, 如 Elias 编码<sup>[25]</sup> 等。

在介绍简明数据结构之前, 我们需要先定义 *rank* & *select* 两个操作。

**定义 3.1.** 在一个 01 二元序列  $B$  上,  $rank_0(i)$  操作定义为  $B$  表中前  $i$  位中 0 的个数; 而  $select_0(i)$  定义为  $B$  表中第  $i$  个 0 的下标位置。类似的  $rank_1(i)$  和  $select_1(i)$  则定义为  $B$  表中前  $i$  位中 1 的个数, 和第  $i$  个 1 在  $B$  表中的下标。

设有  $s$  个升序的整数, 每一个整数有  $w$  位,  $s < 2^w$ 。简明数据结构的原理是把这  $s$  个整数分为两部分, 分别存储在两个表  $Q, R$  里。取出每个整数的前  $z = \lfloor \log s \rfloor$  位组成一个新的整数, 设为  $q_i$ , 明显有  $0 \leq q_h \leq q_{h+1} < s$ , 其中  $1 \leq h < s$ 。设各个整数中去除前  $z$  位后剩下的部分组成的整数为  $r_1, r_2, \dots, r_s$ 。

由于  $q_1 \leq q_2 \leq \dots \leq q_s$ , 所以采用一元编码 (unary representation) 表示  $q_i$ 。对于任意的整数  $i \geq 0$ , 其一元编码为  $0^i 1$ , 即  $i$  个 0 后紧随一个 1。在此构建  $Q$  表采用一元编码表示:  $q_1, q_2 - q_1, \dots, q_s - q_{s-1}$ 。由此, 表  $Q$  是一个二进制表。加上辅助数据结构  $select$  操作, 可以在常数时间内获得表  $Q$  二进制串中第  $h$  个 1 出现的位置。为获取  $q_h$ , 只需调用  $select(h)$  获得第  $h$  个 1 出现的位置  $j$ , 再通过  $j - h$  计算出二进制串中前  $j$  位中 0 的个数, 很明显, 串中 0 的个数  $j - h$  即为  $q_h$ 。

表  $Q$  由两部分组成, 表示  $q_i$  的二进制串和辅助数据结构。总共有  $s$  个数, 所以二进制串中至少有  $s$  个 1;  $q_i$  中最大的数为  $2^z$ , 所以最多有  $2^z$  个 0, 所以二进制串的内存空间为  $s + 2^z \leq 2s$  位。而支持  $select$  操作的辅助数据结构的空间复杂度是  $O(s/\log \log s)$  位, 所以  $Q$  表总的空间复杂度是  $2s + O(s/\log \log n)$ 。查询时间为常数时间。

对于  $R$  表, 可以简单的当作普通数组存储即可, 总共需要  $s(w - \lfloor \log s \rfloor)$  位, 查询时间也为常数时间。

最后, 为查询升序整数序列中任意一个整数  $s_h$ , 只需查询  $Q$  表和  $R$  表分别获取  $q_h$  和  $r_h$ , 而后返回  $q_h \cdot 2^{w-z} + r_h$  即为所查询的  $s_h$ 。时间复杂度为常数时间。

综上所述, 可得以下结论:

**推论 3.3.** 对于  $s$  个升序的整数组成的序列, 设每一个整数最多  $w$  位且  $s < 2^w$ , 使用 Rice 编码, 可以把这  $s$  个整数存储在最多  $s(2 + w - \lfloor \log s \rfloor) + O(s/\log \log s)$  位的空间内, 且查询任意整数的时间复杂度为  $O(1)$ 。

以上是使用 Rice 编码  $\Phi[0 \dots n - 1]$ , 若使用 Elias delta 编码, 压缩效率会更高。假设一个整数  $p$  的二进制表示为  $b(p)$ , 那么  $p$  的 Elias delta 编码为  $1^{|b(p)|} 0 b(r) b(p)$ , 这里  $r = \lfloor \log p \rfloor$  是  $p$  的二进制表示的位数。该编码的长度是  $\log(2 \log p + 1) + 1 + \log p = \log p(1 + o(1))$ 。对于  $\Phi[\alpha(c), \alpha(c) + 1 \dots \alpha(c) + \beta(c) - 1]$ , 因为是一个递增序列, 所以对其前后差值编码。所以对于  $\Phi$  的一个递增区间, 用 alias delta 编码的总长度为  $\sum_{i, i-1 \in \{\alpha(c), \alpha(c)+1 \dots \alpha(c)+\beta(c)-1\}} (1 + o(1)) \log(\Phi[i] - \Phi[i-1])$  位。这在最坏情况下为  $\beta(c)(1 + o(1)) \log(n/\beta(c))$ 。因此整个  $\Phi[0 \dots n - 1]$  用 Alisa delta 编码的总长度为:

$$\sum_{c \in \Sigma} \beta(c)(1 + o(1)) \log(n/\beta(c)) = nH_0(1 + o(1)) \quad (3-2)$$

现在考虑如何解码 Elias delta 编码, 如上文所示, 首先需要找到第一个 0 的位置, 并计算 0 之前 1 的个数。这一步操作可以使用 *rank&select* 操作在常数时间内完成, 即先解码  $1^{|b(r)|}0$ , 得到  $|b(r)| = \text{select}_0(1)$ , 再解码  $b(r)$ , 最后得到  $b(p)$ , 完成解码。对应到 CSA 的  $\Phi$  数组上, 因为是差分存储, 所以需要逐步解码  $\Phi$ , 在实际应用中可以分块采样加速解码  $\Phi$ 。

综上两种简明数据结构, 要实现对  $\Phi$  数组的压缩存储的基础都是 *rank&select* 操作。下一小节对 *rank&select* 操作给出详细介绍。

### 3.3 rank&select 操作

根据上一小节的论述, 简明数据结构实现的基础是 *rank&select* 操作, 本节即详细介绍这两个操作的实现方法。Jacobson 在论文<sup>[6]</sup>中阐述了这两种操作的经典采样分割实现方法。由于经典方法存在空间复杂度较低的问题, 本文采用了更高效的 RRR 方法实现 *rank&select* 操作。

RRR 方式是由 R.Raman, V.Ramna 以及 S.Srinivasa Rao 等人于 2002 年提出的一种静态的字典结构<sup>[21]</sup>。通过这种结构可以实现对 01 二元序列的常数时间的 *rank&select* 操作, 并且采用同一方法可扩展到对多符号序列的常数时间的 *rank&select* 操作。在二元 01 序列上, RRR 方法实现 *rank* 操作只需要  $nH_0 + o(n)$  位的空间, 而常用的 Jacobson 的 *rank&select* 方法则需要  $n + O(n \log \log n / \log n)$  位的空间<sup>[6]</sup>。可以看到在 01 序列中, 如果 0 和 1 的几率相等时, 二者的空间占用相差不大, 而若 0 和 1 出现的几率并不相等, 其中一个出现的几率远大于另一个时, RRR 方法的空间占用将小于  $n$  比特。而在压缩后缀数组  $\Phi[0 \dots n-1]$  的简明存储中, 需要维持一个由 01 序列构成的采样点的字典结构, 该字典需要实现 *rank&select* 操作, 且字典中的 0 远多于 1, 在这一应用场景中, 采用 RRR 方法要优于 Jacobson 的方法。

#### 3.3.1 RRR 方法的理论基础

RRR 方法和 Jacobson 的方法在目录结构上类似, 都采用了分块的方法和两层目录结构。具体做法是首先把长为  $n$  的二元串  $B$  分成长为  $s = \log n^2$  的大块  $S_1, S_2 \dots S_{n/s}$ 。之后每一个大块再分成长为  $b = \log n/2$  的小块  $B_i(j)$ 。这两种划分方法在 RRR 中和 Jacobson 的方法是一致的, 所不同的是之后的处理。对于每一个小块  $B_i(j)$ , 在 Jacobson 的方法中是显式直接存储的, 而在 RRR 方法中则采用了一个  $(c, o)$  对替代  $B_i(j)$ , 其中  $c$  表示  $B_i(j)$  这个小块中的 1 的个数, 即这个小块的类别, 而  $o$  表示  $B_i(j)$  在所有的有  $c$  个 1 的长为  $b$  位的证数中的名次。显然, 对于第  $c$  类, 总共有  $\binom{b}{c}$  个。而  $c$  的最大值为  $b$ , 所以一个  $(c, o)$  对需要的存储空间是  $\log c + 1 + \log \binom{b}{c}$  位。从这里可以看出, 相对于原来的  $b$  位的原始串, 采用一个  $(c, o)$  对替代后, 所需空间是随原始串中 1 的个数变化的, 1 的个数越少 (即  $c$  越

小), 所需要的存储空间也会相应的变小, 而就整体而言, 一个  $(c, o)$  对所占的空间也是小于  $b$  位的。这就是 **RRR** 方法的优势所在。对于每一类  $c$  中的每一个  $(c, o)$  对, 都可以预先处理得到这个  $(c, o)$  对对应的长为  $b$  的 01 串的每一位的  $rank$  值, 并保存为  $G_c$  表, 总共需要  $b \log(c+1)$  位的空间。所有的  $G_c$  表组合起来就构成了我们预处理得到的表  $G$ , 总共需要  $\sum_{c=0}^b b \log(c+1) \binom{c}{b} = O(\sqrt{n} \text{poly} \log n)$  位的空间。

通过上面叙述的方法, 可以把每一个小块  $B_i(j)$  变换成一个  $(c, o)$  对, 表示为  $D_i(j)$ , 并且  $D_i(j)$  总共需要  $\log(c+1) + \log \binom{c}{b}$  位的空间, 累加所有的小块对应的  $(c, o)$  对所需要的空间, 前面一项累加后为  $O(\log \log n)$  位, 后面一项累加起来为  $nH_0$  位。把所有的变长的  $D_i(j)$  连接起来构成一个单独的表, 即  $D$  表, 所需空间为  $nH_0 + O(\log \log n)$  位。

对于每一个大块  $S_i$ , 对应存储一个指针  $P_i$  指向这个大块的第一个小块对应的  $(c, o)$  对在  $D$  表中的位置, 即  $P_i = D_i(0)$ , 并且指针  $R_i$  存储这个大块对应的第一位的  $rank$  值, 即  $R_i = rank((i-1)*s)$ 。  $P$  表和  $R$  表总共需要的空间是  $O(n/\log n)$  位。同样的, 对应每一个属于大块  $S_i$  的小块  $B_i(j)$ , 也存储一个指向其  $(c, o)$  对在  $D$  表中的位置的指针  $L_i(j)$ , 只是  $L_i(j)$  是该位置相对于所在大块位置的相对位置, 即  $L_i(j) = D_i(j) - P_i$ 。类似的, 保存每一个小块  $B_i(j)$  的第一位的  $rank$  值  $Q_i(j)$ , 当然也是相对于所在大块的  $rank$  值, 即  $Q_i(j) = rank((i-1)*s) + (j-1)*b - R_i$ 。由于这些相对量的最大值都是  $\log n$ , 所以  $L$  表和  $Q$  表总共需要  $O(n \log \log n / \log n)$  位的空间。

在求解任意的  $rank(p)$  时, 首先计算第  $p$  位对应的大块的编号  $i = p/s$ , 以及小块编号  $j = (p - (i-1)*s)/b$ , 之后, 加上所在的大块对应的  $rank$  值  $R_i$  和小块对应的相对  $rank$  值  $Q_i(j)$ 。再根据  $P_i$  和  $L_i(j)$  的值可得到这个小块对应的  $(c, o)$  对的值  $D_i(j)$ , 通过访问  $D$  表的  $D_i(j)$  位置, 即可得到第  $p$  位所在小块的每一位的  $rank$  值, 加上前面得到的相对  $rank$  值即可得到最终的  $rank$  值。

上面所述即为 **RRR** 方法的原理, 总共需要保存  $D, P, R, L, Q$  五个表, 总的空间需求是  $nH_0 + O(n \log \log n / \log n)$  位, 可以在常数时间内实现  $rank$  操作<sup>[17]</sup>。

**RRR** 方法的  $select$  操作的实现是基于  $rank$  的实现的, 查找  $rank[j] = i$ , 并且  $rank[j-1] = i-1$ , 则有  $select[i] = j$ 。所以, 只需在一直  $rank$  时, 进行简单的二分查找即可实现求解  $select$  操作, 且不需要任何的额外的辅助空间, 时间复杂度是  $rank$  操作时间复杂度的  $\log n$  倍。该方法的优点是实现简单, 不需要额外的空间, 但却并没有很好的利用 **RRR** 方法的性质。从上一小节的叙述中可知, 为了实现 **RRR** 的  $rank$  操作, 特意存储了两个目录表,  $R$  表和  $Q$  表, 其中  $R$  表是第一级目录, 即大块儿的初始位置的  $rank$  值, 而  $Q$  表是第二级目录, 即各个小块儿的初始位置相对所在大块儿的起始位置的相对  $rank$  值。利用这一性质,  $select$  操作可以更高效的完成, 原理依然是二分搜索, 但无需对整个序列的  $rank$  进行二分操作, 而是在两层目录上分别进行二分搜索, 逐层的缩小搜索的范围, 最后实

现 *select* 操作。具体的计算  $select[j]$  的算法过程如下：

---

**算法 3.1** RRR  $select(j)$  算法

---

**Input:**  $R, Q, P, L, D, s, j$

**Output:**  $select(j)$

- 1: 首先搜索  $R$  表, 得到一个位置  $i$ , 使得  $R[i] < j < R[i + 1]$ , 即可确定  $i * s < select[j] < (i + 1) * s$ 。
  - 2: 再搜索  $Q$  表中的  $Q[i * s, i * s + 1 \dots (i + 1) * s]$  得到  $k$  使得  $R[i] + Q[k] < j < R[i] + Q[k + 1]$ , 即可确定  $k * b < j < (k + 1) * b$ 。
  - 3: 有了前两部的范围, 实际上即得到了对应的第三次查询的需要的的大块儿的编号  $i$  和小块儿的编号  $k$ , 查询  $P[i]$  和  $L[j]$  即得到了对应的  $(c, o)$  对在  $D$  表中的位置, 接下来查询  $D$  表即可得到该  $(c, o)$  对对应的局部  $rank$  值。
  - 4: 线性查询第 3 步中得到的  $D$  表中的  $rank$  序列, 使得  $rank[m] = j - R[i] - Q[k]$ , 则  $select[j] = i * s + k * b + m$ , 即为最终查询结果。
- 

上述的 *select* 方法基于二分实现, 时间复杂度是三次查询时间复杂度之和, 即  $\log n/s + \log s/b + \Theta(b)$ 。

### 3.3.2 RRR 方法的实现

上一小结介绍了 RRR 的理论实现方法, 这种方法有比较好的理论基础, 但实际上过于复杂, 并不适合具体的实现。两层目录, 四个表最终在实际环境中所占的空间会很大, 空间效率并不是很具优势。故在实际应用实现中一般会做一些简化处理, 从而得到更好的空间效率。下面论述的既是一种高效的具有实际应用效果的实现方法。

首先, 不同于理论中需要随输入数据规模可变的块长, 实现时只要一层目录, 且把小块的长度  $b$  固定为 15, 这样每一个  $c$  都恰好只需一个 4 位的整数来表示,  $o$  的保存方法不变, 对于  $D$  表, 只需要把所有的 15 位的整数重新按类别  $c$  排序, 同一类的数放在一个桶内, 所有的桶链接成一个表, 这个表实际上存储了 215 个 16 位的整数, 总共只需要 64KB 的空间。 $D$  表放弃了保存每一个  $b$  位长的整数的每一个  $rank$  值, 这导致最终需要平均 4 次操作才能得到任意一个位的  $rank$ , 相对于原始论文中的方法, 时间效率有所下降。但空间效率得到了改善。同样的为了减少空间占用, 我们把两层目录改为单层目录, 每一个大块的长度可为 15 的整数倍  $k$ , 即每一个大块中包含  $k$  个小块, 对每一个小块保存两个表,  $R$  和  $S$ 。其中  $R$  表保存每一个小块的类别  $c$ , 即这个小块有多少个 1;  $S$  表保存每一个小块对应的  $o$  值, 即这个小块在所述类别中的位置。明显的  $R$  表总共需要  $4n/15 = 0.25n$  位的空间, 而  $S$  表总共需要  $\log(\frac{15}{c_1}) + \log(\frac{15}{c_2}) + \dots + \log(\frac{15}{c_{n/15}})$  位。有了  $R$  和  $S$  表, 只需顺序访问  $R$  表即可得到对应小块对应的  $c$ , 经过累加计算访问  $S$  表可得到  $o$ , 再根据  $(c, o)$  对访问  $D$  表即可得到对应小块的真实 01 序列。但要求得任意位置的



$rank$  值, 则还需加上两个辅助结构,  $sumR$  和  $sumS$  表。其中  $sumR[i]$  保存的是第  $i$  个大块的第一位所在位置的  $rank$  值, 即  $sumR[i] = rank(i \cdot 15 \cdot k - 1)$ ,  $S$  表保存每一个大块的第一个小块对应的  $(c, o)$  对的  $o$  值所在在  $S$  表中的偏移量。

对于要解码的任意的  $rank[p]$ , 首先计算其所在大块的编号  $i = p / (k \cdot 15)$ , 再计算其所在小块的编号  $j = p / 15$ 。之后我们即可计算出  $p$  所在小块的第一位的  $rank$  值为  $sumR[i] + \sum_{t=i \cdot k}^{j-1} R[t]$ , 其中  $R[t]$  为第  $t$  个小块对应的  $c$  值, 这个值可以在  $R$  表上常数时间内得到。有了这个相对值, 借助于  $sumS[i] + \sum_{t=i \cdot k}^{j-1} (\frac{b}{R[t]})$  即可得到对应小块的  $o$  值在  $S$  表上的偏移量, 访问  $S$  表即可得到  $o$  值, 接着利用得到的  $(c, o)$  对去访问  $D$  表就可以得到这个小块的原始 01 序列, 再借助  $popcount$  指令, 可以在常数时间内获得这个小块内任意位置的  $rank$  值, 和之前的相对  $rank$  值相加即为最终的  $rank$  值。总的时间开销会大于 Jacobson 的方法, 比原始 RRR 论文中的方法也稍慢, 但总的空间效率则得到了极大的提高。

对应于  $rank$  的实现方法,  $select$  的实现方法也要和理论方法稍有不同。但本质的方法是相同的, 依然是在每一层上进行二分搜索。具体的求解  $select[j]$  的算法如下:

---

#### 算法 3.2 $select$ 实现

---

**Input:**  $sumR, R, sumS, D, j$

**Output:**  $select(j)$

- 1: 首先在  $sumR$  表上二分搜索  $i$ , 使得  $sumR[i] < j < sumR[i + 1]$ , 则可以判定  $i \cdot 15 < select[j] < (i + 1) \cdot 15$ 。
  - 2: 接着在  $R$  表的  $R[i \cdot 15 \dots i \cdot (15 + 1)]$  上线性搜索, 使得  $sumR[i] + \sum_{t=i \cdot 15}^k R[t] < j < sumR[i] + \sum_{t=i \cdot 15}^{k+1} R[t]$ 。此时可以判定  $k \cdot 15 < select[j] < (k + 1) \cdot 15$ 。
  - 3: 接着需要根据  $R[k]$  和  $sumS[i] + \sum_{t=i \cdot 15}^{k-1} (\frac{b}{R[t]})$  得到对应的  $(c, o)$  对, 从而查询  $D$  表得到对应的 15 位 01 串。
  - 4: 根据 3 中得到的 01 串, 线性搜索这个 01 串, 使得  $sumR[i] + \sum_{t=i \cdot 15}^k R[t] + P(m) = j$ , 其中  $P(m)$  为 3 中所得 01 串上前  $m$  位的  $popCount$  值, 则可得最终的结果为  $select(j) = k \cdot 15 + m$
- 

由上述算法描述可以看到,  $select$  的实现是在 1 次二分搜索和若干次线性搜索的基础上完成的。总的时间复杂度是三次搜索时间复杂度之和, 即:  $\log(\frac{n}{15 \cdot k}) + \Theta(k) + O(1)$ , 其中  $k$  为整数, 意义是每一个大块儿中所包含的小块儿的数目。

#### 3.3.3 RRR 方法实验结果

综上所述, 可以看出 RRR 方法空间效率是其优势所在, 所以这一小节, 我们通过实验着重测试 RRR 方法的空间占用, 并且和 Jacobson 的方法在同一测试平台上进行实验结果对比。测试数据是随机构造的 01 序列, 其中 1 的出现几率为

10%。数据的规模是 64M 到 1G 的 01 序列。测试环境是在普通 PC 机上，拥有 4G 的内存和双核奔腾 CPU。结果如表3.2所示，而 Jacobson 的方法在同样测试条件下的效果在表3.3。

表 3.2 RRR 方法的时间效率和空间效率

数据规模 (MB)	rank&select 结 构大小 (Byte)	Bit Per Symbol	rank 时间 (us)	get 时间 (us)
64	5557352	0.6625	1.46	1.46
128	11064000	0.6595	1.47	1.45
256	22092224	0.6584	1.47	1.46
512	44178496	0.6583	1.52	1.46
1024	88410688	0.6583	1.52	1.46

表 3.3 Jacobson 方法的时间效率和空间效率

数据规模 (MB)	rank&select 结 构大小 (Byte)	Bit Per Symbol	rank 时间 (us)	get 时间 (us)
64	1.927e+7	2.297	0.536	0
128	3.6148e+7	2.297	0.536	0
256	7.22991e+7	2.1546	0.543	0
512	1.446e+8	2.155	0.543	0

表中的 rank&select 结构大小指最终需要存储的支持 rank&select 操作的辅助数据结构的大小。bit per symbol 表示经过算法处理建立的索引中，每个 0 或者 1 需要占的位数，实际就是压缩率。Rank 时间指在索引结构上完成一次 rank 操作的平均时间，get 指获取任意原始串的任意位的值的时间。从上表中的实验结果可以看到随着数据规模的增大，两种方法的压缩率都趋于平缓，RRR 方法保持在 0.66 左右，而 Jacobson 的方法则保持在 2.155。对于 rank 而言，RRR 的方法因为有过多的累加操作，平均求值时间几乎是 Jacobson 的 3 倍，但相对的，RRR 方法的空间占用也比 Jacobson 的方法减少了 2 倍多，达到了真正的压缩效果。而 Jacobson 则很明显的只是达到了求 rank&Select 的目的，其索引结构空间占用比原输入序列还要大，没有压缩效果。

从3.3.1理论阐述中可知 RRR 方法的空间压缩性能是随着输入序列中 0 和 1 的比例，也即输入序列的熵值变化的。 $nH_0 + O(n \log \log n / \log n)$  的空间复杂度是渐进空间占用，具体应用时所能达到的压缩效果会随实际输入序列的经验熵而变化。通过固定输入序列的大小为 512MB，随机生成的 01 序列中 1 的比例从 5% 到 50% 变化，测试这样一组数据的 RRR 方法的空间占用，实际结果如图3.3.3所示。

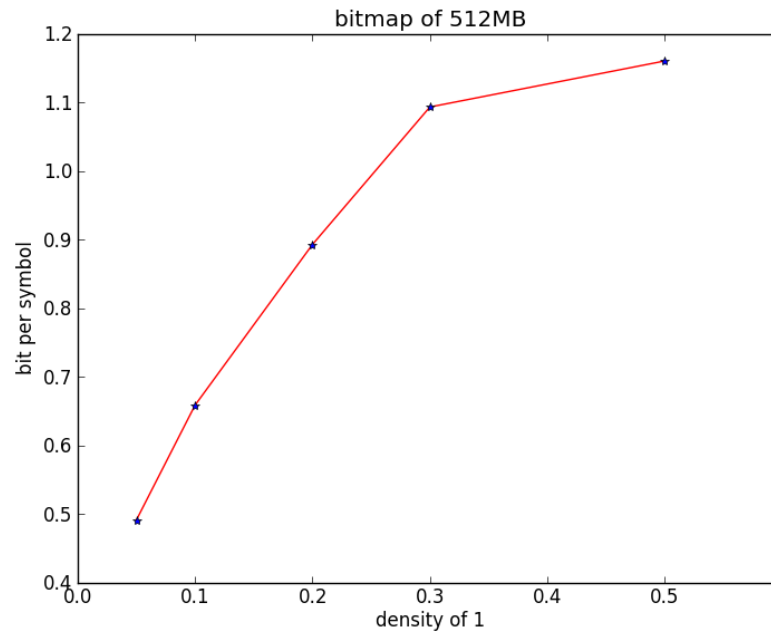


图 3.1 RRR 方法压缩率随序列经验熵的变化曲线

从图中数据不难看出，很明显的，随着 01 分布的变化，RRR 数据结构大小变动也很大，bit per symbol 在 1 的密度是 5% 时只有 0.48，但在 1 的和 0 的密度相等时，bit per symbol 则达到了 1.16，已经超过了 1，没有压缩效果了。由此可见，在选择 RRR 方法作为 bitmap 上的 rank&select 结构时，首先要考虑的既是输入序列中 01 的分布情况，即输入序列的经验熵。

除了经典的 RRR 方法之外，近年来还出现了一些很有效的 rank&select 数据结构实现<sup>[20]</sup>，其中 esp,recrank,vcode 以及 sdarray 都是类似于 RRR 方法，bit per symbol 有可能达到小于 1 的实现。这些方法的性能表现在文献<sup>[1]</sup>和文献<sup>[20]</sup>中都有详尽的叙述，这里只展示在空间占用上 RRR 方法和这几种方法的对比。

表 3.4 RRR 方法和其他几种方法的压缩效率对比

数据结构	Bit Per Symbol
rrr	0.48
sdarray	2.05
recrank	1.25
esp	0.50

表3.4中列出了几种方法和 RRR 方法的 bit per symbol 的大小对比，数据来源是论文<sup>[1]</sup>，其测试数据是 500M 的 01 序列，1 的比例是 5%。在这一条件下，可以看到 RRR 方法具有明显的空间优势，其压缩率是最高的。

通过对 RRR 方法实现并和 Jacobson 的方法做实验对比，可知，在 01 序列并

不均匀时, 采用 **RRR** 方法具有明显的空间优势。而压缩后缀数组的实现中所用得到的支持 **rank** 操作的字典则都是 01 序列不均匀分布的, 所以在 **CSA** 中采用 **RRR** 方法实现 **rank** 操作会有更好的空间效果。**Select** 操作的实现是在 **rank** 的基础上实现的, 总的时间复杂度可以看作 **rank** 操作的整数倍。在 **select** 操作相对于 **rank** 操作较少时, 具有较好的表现。**RRR** 方式总体的效果是比较理想的, 尤其是在空间占用上具有很大的优势, 在实际应用中, 若 01 序列的分布是很悬殊的, 则 **RRR** 将是很可取的一种 **rank&select** 操作实现。

### 3.4 压缩后缀数组和模式匹配

#### 3.4.1 CSA 前向搜索模式匹配算法

从上一节对 **CSA** 性质的介绍中, 我们知道后缀  $T_{SA[\alpha(c)]}, T_{SA[\alpha(c)+1]} \dots T_{SA[\alpha(c)+\beta(c)-1]}$  的首字符都是  $c$ 。设需要搜索的模式为  $P[0 \dots m-1]$ , 首先对于字符  $P[0]$ , 明显的其对应的在  $T$  中出现的位置为  $SA[\alpha(c)], SA[\alpha(c)+1] \dots SA[\alpha(c)+\beta(c)-1]$ , 这个位置集可以表示为  $SA[\alpha(c) \dots \alpha(c)+\beta(c)-1]$ , 计为  $(l, r)$ , 称为后缀范围 (suffix range)。下一步搜索  $P[1]$ , 即检测  $T[SA[\alpha(P[0])]+1], T[SA[\alpha(P[0])+1]+1], \dots, T[SA[\alpha(P[0])+\beta(P[0])-1]+1]$  是否等于  $P[1]$ 。由后缀数组的性质可知, 这一步的结果得到的后缀数组的下标依然是连续的。以此类推, 直到模式串中最后一个字符搜索完毕, 即可得到匹配结果。

近一步观察上面的比较, 可以发现, 比较  $T[SA[\alpha(P[0])]+1], T[SA[\alpha(P[0])+1]+1], \dots, T[SA[\alpha(P[0])+\beta(P[0])-1]+1]$  是否等于  $P[1]$  时并不需要比较字符串。因为  $P[1]$  对应的也有一个序列  $SA[\alpha(P[1])], SA[\alpha(P[1])+1], \dots, SA[\alpha(P[1])+\beta(P[1])-1]$ , 所以只要求出  $SA[\alpha(P[0])]+1, SA[\alpha(P[0])+1]+1, \dots, SA[\alpha(P[0])+\beta(P[0])-1]+1$  和  $SA[\alpha(P[1])], SA[\alpha(P[1])+1], \dots, SA[\alpha(P[1])+\beta(P[1])-1]$  的交集即为模式串  $P[1]P[2]$  出现的位置。

在上面的迭代过程中要求  $SA[\alpha(P[0])]+1, SA[\alpha(P[0])+1]+1, \dots, SA[\alpha(P[0])+\beta(P[0])-1]+1$  和  $SA[\alpha(P[1])], SA[\alpha(P[1])+1], \dots, SA[\alpha(P[1])+\beta(P[1])-1]$  的交集。实际计算中无需求出相应的  $SA$  值, 只需求出其对应后缀范围的交集即可, 此时可以利用压缩后缀数组的性质  $SA[i]+1 = SA[\Phi[i]]$ , 所以在计算中只需计算  $\alpha(P[1]), \alpha(P[1])+1, \dots, \alpha(P[1])+\beta(P[1])-1$  和  $\Phi[\alpha(P[0])], \Phi[\alpha(P[0])+1], \dots, \Phi[\alpha(P[0])+\beta(P[0])-1]$  的交集即可。以此类推, 可得到模式串  $P$  的后缀数组范围。

具体的算法描述如算法3.3。

算法3.3的搜索过程和基于后缀数组的模式匹配算法是等价的。只是这里利用了  $\Phi$  数组的特性, 总的时间复杂度依然是  $O(m \log n)$ 。

**算法 3.3** 前向搜索模式匹配**Input:**  $P, \Phi, \alpha, \beta$ **Output:**  $(l, r)$ 


---

```

1: function FORWARDSEARCH( $P, \Phi, \alpha, \beta$ )
2:    $m \leftarrow \text{size}(P)$ 
3:    $n \leftarrow \text{size}(CSA)$ 
4:    $(l, r) \leftarrow (\alpha(P[0]), \alpha(P[0]) + \beta(P[0]) - 1)$ 
5:   for  $i \leftarrow 1$  to  $m - 1$  do
6:      $(l_{tmp}, r_{tmp}) \leftarrow (\alpha(P[i]), \alpha(P[i]) + \beta(P[i]) - 1)$ 
7:     for  $j \leftarrow l$  to  $r$  do
8:       if  $\Phi[j] \in (l_{tmp}, r_{tmp})$  then
9:          $l \leftarrow j$ 
10:        break
11:    for  $j \leftarrow r$  down to  $l$  do
12:      if  $\Phi[j] \in (l_{tmp}, r_{tmp})$  then
13:         $r \leftarrow j$ 
14:      break
15:    if  $l > r$  then
16:      return  $\emptyset$ 
17:  return  $(l, r)$ 

```

---

## 3.4.2 CSA 后向搜索模式匹配

压缩后缀数组上的后向搜索模式匹配算法是由 Sadakan 最早提出来的<sup>[24]</sup>。如上文所述, 我们用  $(l, r)$  表示一个模式串在  $T$  上的后缀位置, 模式匹配的目的正是要找到  $P$  的  $(l, r)$ 。首先, 计算  $P[m]$  的后缀位置, 很明显  $(\alpha(P[m]), \alpha(P[m]) + \beta(P[m]) - 1)$  就是。假设一般情况, 我们已经知道  $P[i+1 \dots m-1]$  的后缀数组位置为  $(l_{P_{i+1}}, r_{P_{i+1}})$ , 那么  $P[i \dots m-1]$  的后缀数组位置  $(l_{P_i}, r_{P_i})$  必定是由  $P[i]$  的后缀数组位置的一部分组成的, 设  $P[i]$  的后缀数组位置为  $(l_{P[i]}, r_{P[i]})$ , 那么对于  $l_{P[i]} \leq k \leq r_{P[i]}$  只要  $SA^{-1}SA[k] + 1$  在  $(l_{P_{i+1}}, r_{P_{i+1}})$  中,  $k$  一定在  $(l_{P_i}, r_{P_i})$  中。也就是说  $P[i \dots n-1]$  的出现位置一定是  $P[i]$  的出现位置后面紧跟着  $P[i+1 \dots m-1]$  的出现位置。加上  $\Phi[i] = SA^{-1}[SA[i] + 1]$ , 所以我们可以得到公式3-3。

$$k \in (l_{P_i}, r_{P_i}) \iff k \in (l_{P[i]}, r_{P[i]}) \wedge \Phi[k] \in (l_{P_{i+1}}, r_{P_{i+1}}) \quad (3-3)$$

由于在简明数据结构存储下  $\Phi$  可以在常数时间内获得, 并且其值在  $(l_{P_{i+1}}, r_{P_{i+1}})$  上是递增的, 所以, 可以用二分搜索来搜索  $\Phi[k]$  是否在  $(l_{P_{i+1}}, r_{P_{i+1}})$  上, 时间复杂度是  $O(\log n)$ 。重复上述过程  $m$  次, 即可在 CSA 上用  $O(m \log n)$  时间复杂度找到模式  $P[0 \dots m-1]$  的后缀数组范围  $(l, r)$

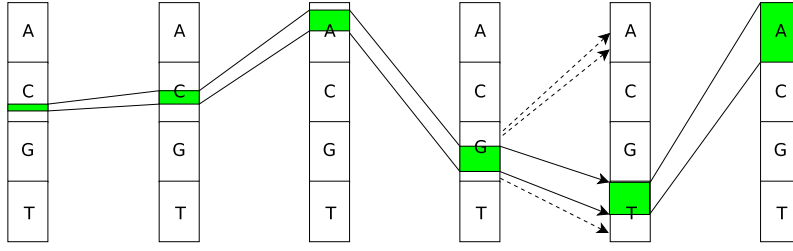


图 3.2 CSA 上的后向搜索

算法3.4给出了 CSA 上的后向搜索的伪代码。而图3.2给出了一个采用算法3.4的例子，搜索模式  $P = CCAGTA$ 。每一个方块儿对应一个字符的后缀数组区域，灰色的区域表示对应  $P$  的一个后缀在  $T$  的后缀数组上的位置范围。在右起第二步，计算新的区域时，根据下一个字符  $G$  的后缀范围，计算其  $\Phi$  值，查看这个  $\Phi$  是否落在当前模式  $TA$  的后缀范围内，由于  $\Phi$  的递增特性，很容易用二分搜索方法找到新的区域的上下界。

---

**算法 3.4** 后向搜索

**Input:**  $P, \Phi, \alpha, \beta$ 
**Output:**  $(l, r)$ 


---

```

1: function BACKWARDSEARCH( $P, \Phi, \alpha, \beta$ )
2:    $l_m \leftarrow 0; r_m \leftarrow n - 1$ 
3:   for  $i \leftarrow m - 1$  down to 0 do
4:      $l_i \leftarrow \min\{k \in [\alpha(P[i]), \alpha(P[i]) + \beta(P[i]) - 1], \Phi[k] \in [l_{i+1}, r_{i+1}]\}$ 
5:      $r_i \leftarrow \max\{k \in [\alpha(P[i]), \alpha(P[i]) + \beta(P[i]) - 1], \Phi[k] \in [l_{i+1}, r_{i+1}]\}$ 
6:     if  $l > r$  then
7:       return  $\emptyset$ 
8:   return  $(l_0, r_0)$ 

```

---

### 3.5 压缩后缀数组和自索引

压缩后缀数组优于后缀数组的另一性质是其自索引性。在上一小节的模式匹配算法中，可以看到并不需要原文本  $T$  即可完成匹配，基于这个原理，只要给压缩后缀数组添加一个辅助数组即可实现压缩后缀数组的自索引算法。

考虑已知  $\Sigma$  中任意字符  $c$  的  $\alpha(c)$  值，则  $\beta(c) = \alpha(c + 1) - \alpha(c)$ ，所以只需保存  $\alpha(c)$  即可完成无需原文本的模式匹配，基于此在压缩后缀数组基础上增加一个辅助数组  $\alpha$  即可实现自索引。

考虑下面的性质  $T[SA[\alpha(c)]] = T[SA[\alpha(c) + 1]] = \dots = T[SA[\alpha(c) + \beta(c) - 1]] = c$ ，所以对于  $T$  中任意位置  $i$  处的字符，只要求出其对应后缀  $T_i$  的名次，即  $j = SA^{-1}[i]$ ，便可在  $\alpha$  数组中搜索其所在区间使得对某个字符  $c$  存在

$\alpha(c) \leq j < \alpha(c+1)$ , 即得到  $T[SA[j]] = c$ , 所以即可知  $T[i] = c$ 。而由前文中可所述  $\Phi$  的性质可知后缀数组的逆数组  $SA^{-1}$  是可以在线性时间内得到的。

按照上面叙述的方法可以很方便的恢复出文本  $T$  的任意字符, 进而恢复出  $T$  的任意长的子串  $T_{i,j}$ 。在实际运算中考虑到压缩后缀数组的性质  $SA^{-1}[i+1] = \Phi[SA^{-1}[i]]$ , 所以在已知  $SA[i]$  求出  $T[i]$  的情况下求  $T[i+1]$  时, 不必再求  $SA^{-1}[i+1]$ , 直接返回  $\Phi[SA^{-1}[i]]$ , 这个计算是常数时间的, 而不是线性时间<sup>[23]</sup>。

具体算法如算法3.5。

---

#### 算法 3.5 CSA 自索引

---

**Input:**  $\Phi, \alpha, i, j$

**Output:**  $T[i \dots j]$

```

1: for  $k \leftarrow i$  to  $j$  do
2:   if  $k=i$  then
3:      $rank \leftarrow SA^{-1}[k]$ 
4:      $prev \leftarrow rank$ 
5:   else
6:      $rank \leftarrow \Phi[prev]$ 
7:    $T[k] \leftarrow \text{BINARYSEARCH}(rank, \alpha)$ 
8: return  $T[i \dots j]$ 

```

---

上述算法总共执行  $m = j - i + 1$  步, 每一步执行一次  $|\Sigma|$  上的二分搜索, 且要求  $SA$ , 所以时间复杂度为  $O(\log |\Sigma| + \log \log n)$ , 所以总的时间复杂度为  $O(m(\log |\Sigma| + \log \log n))$ 。

### 3.6 本章小结

本章主要在前面阐述的后缀数组和压缩后缀数组性质的基础上提出了基于压缩后缀数组的文本索引和自索引算法。并详细介绍了上实现压缩后缀数组的基本数据结构:RRR 算法。之后介绍了两种 CSA 上的  $O(m \log n)$  时间复杂度的模式匹配算法: 前向搜索和后向搜索。为下一章的 DNA 序列比对算法给出实现基础。最后还介绍了 CSA 的自索引性质, 并给了由压缩后缀数组恢复原文本序列的算法。





## 第四章 基于压缩后缀数组的序列比对算法

CSA 短读比对算法 (CSAA) 采用 CSA 索引参考序列, 利用 CSA 的后向搜索完成匹配过程。CSA 的后向搜索是一种精确匹配算法, 由于 DNA 序列存在变异, 以及测序技术有一定的错误率, 所以不能简单的使用精确搜索算法。本文提出了两种策略来实现短读比对中的非精确匹配要求。一是在后向搜索过程中引入了搜索树, 使得在搜索过程中可以随时对短读序列进行插入, 删除, 替换等操作。另一种策略是采用类似优先队列的数据结构, 这一数据结构结合打分机制保证在后向搜索的每一步中都是沿着最优的搜索方向前进, 并且采用分支限界的策略适时淘汰很差的搜索方向。

### 4.0.1 精确匹配

精确匹配是后向搜索的具体实现。设  $T$  为长为  $n$  的参考序列,  $P$  为测序得到的短读序列中的一个短读, 长为  $m$ 。将  $P$  映射到  $T$  上的方法如算法4.1所示。

---

#### 算法 4.1 精确匹配

---

**Input:**  $T, csa, P$

**Output:**  $(l, r)$

```

1: function EXACTMATCH( $csa, P$ )
2:    $l \leftarrow csa.\alpha(P[m - 1])$ 
3:    $r \leftarrow csa.\alpha(P[m - 1]) + \beta(P[m - 1]) - 1$ 
4:   for  $i = m - 2 \rightarrow 0$  do
5:     if  $l > r$  then
6:       return  $\phi$ 
7:      $(l, r) \leftarrow \text{BACKWARDSEARCH}(l, r, P[i], csa.\alpha, csa.\beta)$ 
8:   return  $(l, r)$ 

```

---

算法4.1采用后向搜索把短读精确匹配到参考序上, 返回短读的后缀数组位置  $(l, r)$ , 再利用 CSA 可以求得  $(l, r)$  对应的  $T$  上的真正位置, 完成映射。由于是精确匹配, 就只有两种结果, 要么匹配上, 要么没匹配上, 就无需打分机制。这种匹配方式是完全匹配, 但并不适合大多数存在变异和测序误差的短读序列。本文提出的 CSAA 算法是建立在非精确匹配的基础上的。

### 4.0.2 近似匹配

由于同一物种之间存在的个体差异以及测序技术存在的误差, Resequencing 技术得到的短读序列和该物种的标准参考序列之间必然存在着不同, 这会造成即

使同一种基因序列也无法完全比对映射到参考序列上。所以对短读和参考序列之间的比对仅仅精确比对映射是远远不够的，这会造成大量的短读因为相差一两个碱基而不能映射到参考序列上，而这一两个碱基很可能是测序误差或者生物个体之间的 **SNP** 造成的，不应当认为二者是不能匹配的。所以，采用合适的非精确比对算法是必须的。本文提出的非精确匹配算法中，支持对短读进行替换 (substitute)，插入 (insert)，删除 (delete) 三种变换操作，通过这三种变换可以保证变异的或者发生测序错误的短读序列依然能正确匹配到参考序列的合适位置上。

考虑一个给定的长为  $m$  的短读序列  $P$ ，采用后向搜索，当搜索到第  $i+1$  个位置时，得到序列  $P_{i+1}$  的后缀数组位置  $(l_{i+1}, r_{i+1})$ ，依照精确匹配的算法下一步应当在  $(l_{i+1}, r_{i+1})$  的基础上搜索字符  $P[i]$ ，从而得到一个新的后缀数组位置  $(l_i, r_i)$ 。在此，如果我们不搜索  $P[i]$ ，而是搜索另一个符号  $c \neq P[i]$ ，得到另一个后缀数组位置  $(l'_i, r'_i)$ 。接着在  $(l'_i, r'_i)$  基础上继续搜索  $P[0 \dots i-1]$ ，那么最终得到后缀数组位置  $(l_0, r_0)$  将不再是序列  $P$  的一个后缀数组位置了，而是将  $P[i]$  替换为  $c$  后的新字符串的后缀数组位置。称这个新位置为  $P$  的一个替换近似串的后缀数组位置，计为  $(l_0, r_0, m, P(S_i))$ ，即长为  $m$  的序列  $P$  在  $i$  位置进行一次替换后可以映射到参考序列的后缀数组位置  $(l_0, r_0)$ 。

图4.1给出了把短读序列中的一个符号  $T$  替换为  $A$  时的搜索过程，实线为精确匹配的过程，虚线是替换后的搜索过程。

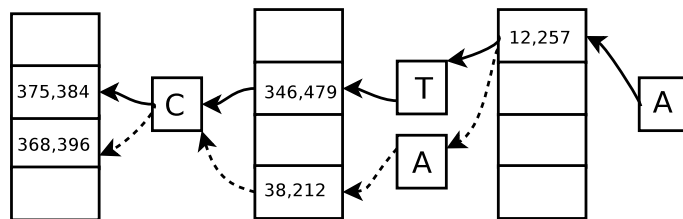


图 4.1 替换操作示例

不同于替换操作，如果在搜索到  $P[i]$  时，放弃搜索  $P[i]$  符号，直接在  $(l_{i+1}, r_{i+1})$  的基础上搜索序列  $P[0 \dots i-1]$ ，那么最终得到的后缀数组位置  $(l_0, r_0)$  将是  $P$  删除  $P[i]$  后的近似串在参考序列上的后缀数组位置，计为  $(l_0, r_0, m, P(D_i))$ ，即长为  $m$  的序列  $P$  在  $i$  位置进行一次删除后可以映射到参考序列的后缀数组位置  $(l_0, r_0)$ 。

如图4.2所示为删除短读序列中的一个符号后的搜索过程。

对于插入操作，在搜索到  $P[i]$  时，不直接搜索  $P[i]$ ，而是在  $l_{i-1}, r_{i-1}$  的基础上搜索符号  $c$ ，得到  $(l'_i, r'_i)$ ，接着在此基础上搜索序列  $P[0 \dots i]$ ，最终得到的后缀数组位置  $(l_0, r_0)$  将是  $P$  在  $i$  位置插入符号  $c$  后的近似序列的后缀数组位置。计为  $(l_0, r_0, m, P(I_i))$ ，即长为  $m$  的序列  $P$  在  $i$  位置插入一个符号后可以映射到参考序列的后缀数组位置  $(l_0, r_0)$ 。

如图4.3所示为插入一个符号‘A’前后的短读序列中的一个符号后的搜索过程。

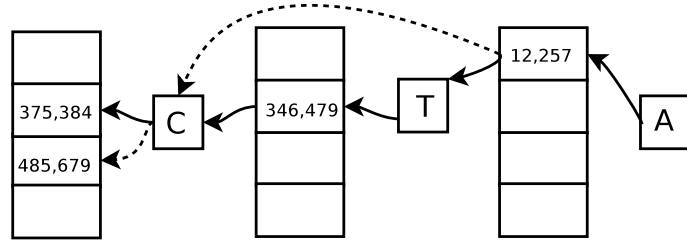


图 4.2 删除操作示例

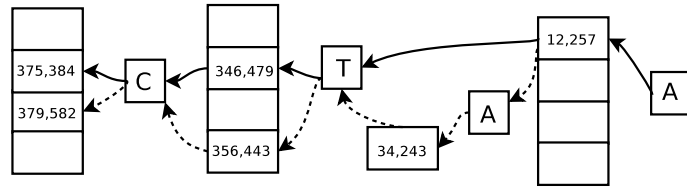


图 4.3 插入操作示例

#### 4.0.2.1 搜索树

按照上文中描述的用后向搜索实现替换，删除，插入操作的方法，要实现短读序列的近似匹配，在不知道具体的替换，删除以及插入位置时，需要在每一次后向搜索一个符号时都分别做一次替换，删除，插入操作。而每一次操作实际上都导致了一个新的近似序列的产生，在未完成整个序列的搜索时，最终哪一个近似序列能够较好的映射到参考序列上依然是未知的，这就要求我们在搜索过程中保留每一个可能的近似序列。

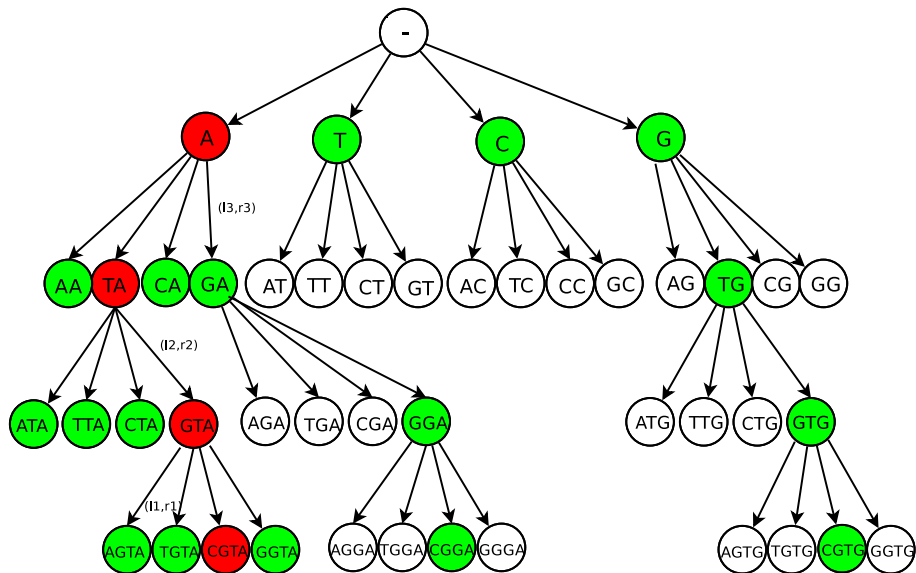


图 4.4 近似匹配示例

实际上，每一次的替换，删除或者插入操作导致的新的近似序列可以看作一个树上的遍历过程。如图4.4所示，对于一个长为4的短读  $P = \text{'CGTA'}$  的搜索过程，简化起见，省略了删除和插入操作。首先通过 CSA 查询  $P[3] = \text{'A'}$  在参考序

列上的后缀数组位置。接着把  $P[3] = 'A'$  分别替换为 'T', 'C', 'G', 在 CSA 上查找替换后的后缀数组位置。图中红色路径标志的是到当前搜索深度没有替换操作的近似串, 而绿色标记的则是到当前深度有一次替换操作的近似串, 无色的是有两次以上替换操作的近似串搜索路径。可以看到, 随着搜索深度的增加, 搜索的方向急剧扩大, 加上还有未画出的删除和插入操作, 可能的搜索方向会更多。

搜索树的本质是对每一个可能的近似序列都进行搜索, 假设一个短读序列的长度为  $m$ , 因为每一个位置都有 4 种替换, 4 种插入和 1 种删除方法, 则总共有  $9^m$  个近似串。考虑到  $m$  一般在 20 到 70 之间, 如果直接采用搜索树来进行近似匹配, 搜索规模会非常大而难以在有效时间内实现。实际上也无需比对所有的近似串, 对于某些替换, 删除或者插入操作过多的近似串, 应该提前抛弃掉, 即采用分支限界法来对搜索树进行剪枝。

#### 4.0.2.2 分支限界

搜索树的规模是指数级增长的, 因此必须进行适当的剪枝, 抛弃一些没有价值的搜索方向。传统的 DNA 序列比对中用到了编辑距离, 汉明距离等来度量两个序列的相似度。在此我们也可以使用类似的方法做分支限界, 比如采用编辑距离做分支限界。给定一个最大编辑距离  $maxdistance$ , 当在短读序列  $P$  上后向搜索进行到第  $i$  步时, 在某个搜索方向上的一个近似序列为  $P'$ , 计算  $P$  和  $P'$  之间的编辑距离, 若距离大于预先定义的  $maxdistance$ , 则抛弃这个搜索方向, 否则, 继续。汉明距离做分支限界的方法和编辑距离方法类似。

采用编辑距离和汉明距离的方法必须对每一个得到的近似序列和短读序列计算距离, 这会导致算法效率的降低。实际上, 可以采用罚分机制取代每次都计算编辑距离的开销。在搜索树上向前搜索时, 每一次替换, 删除或者插入操作都会产生一个新的近似序列, 这个序列做了多少次变换操作是已知的, 预定义每一个 **indel** 操作的罚分, 每一次操作都会对这个近似序列增加相应的罚分, 当罚分达到一个预定义的最大罚分  $maxpenalty$  时, 即认为这个近似序列已经和短读序列相似度太小, 没有必要再搜索下去了。通过这样的罚分机制, 可以去除较差的近似序列, 而无需每次都计算编辑距离。

在生物信息学领域, 一个 **indel** 称为一个空位, 对应的罚分称为空位罚分。通常连续的空位的罚分不能简单的做线性增加来处理。Affine gap penalties 是生物信息学领域常用的一种罚分机制, 假设有一个连续 **gap** 长为  $x$ , 则这个 **gap** 的罚分为  $-(\rho + \sigma x)$ , 其中  $\rho > 0$ ,  $\sigma$  是每一个 **indel** 操作的罚分。

除了罚分机制, 在论文<sup>[9]</sup>中, 作者还提出了一种新的高效的分支限界策略, 称之为  $D(.)$  数组。在论文作者实现的短读比对软件 *BWA* 中也使用了这一策略来限制搜索空间增长。 $D(.)$  数组是一个和序列串  $P$  等长的一个整数数组,  $D[i]$  取决于序列串  $P$  的后缀  $P_i$  是否是参考序列  $T$  的一个子串, 是的话则增加, 不是则归 0。具体过程如算法 4.2 所示。

**算法 4.2** 计算  $D(\cdot)$  数组**Input:**  $T, csa, P$ **Output:**  $D(\cdot)$ 


---

```

1: function CALCULATED( $csa, P$ )
2:    $z \leftarrow 0$ 
3:    $j \leftarrow 0$ 
4:   for  $i \leftarrow 0$  to  $|P| - 1$  do
5:     if  $P[j \dots i]$  is not a substring of  $T$  then
6:        $z \leftarrow z + 1$ 
7:        $j \leftarrow i + 1$ 
8:      $D[i] \leftarrow z$ 

```

---

$D(\cdot)$  数组的作用，是结合每一个近似序列的一个辅助值  $z$  来分支限界的。开始搜索时，序列  $P$  的  $z$  值是  $D[m - 1]$ ，由算法4.2可知，此时的  $z$  值是  $D(\cdot)$  数组中最大的值，并且反映了整个序列  $P$  有多少个连续子串是参考序列的子串。其后在搜索中每进行一次替换，删除或者插入操作， $z$  值都会减小。当搜索到第  $i$  个位置导致  $z < D[i]$  时，这个搜索方向将被抛弃。采用  $D(\cdot)$  数组能够进一步的缩小搜索空间，提高效率。本文实现的 CSAA 软件中也把  $D(\cdot)$  数组作为一个重要的分支限界条件来使用，并取得了较好的结果。

综上所述，本文提出的结合  $D(\cdot)$  数组和罚分机制做分支限界的搜索树近似匹配算法如下：

**算法 4.3** 近似匹配**Input:**  $T, csa, P, maxpenalty$ **Output:**  $\{(l, r)\}$ 


---

```

1: function APPROMATCH( $P, i, l, r, z, penalty$ )
2:   if  $z < D[i]$  then
3:     return  $\phi$ 
4:   if  $penalty > maxpenalty$  then
5:     return  $\phi$ 
6:   if  $i < 0$  then
7:     return  $(l, r)$ 
8:    $S \leftarrow \phi$ 
9:    $S \leftarrow S \cup \text{APPROMATCH}(P, i - 1, l, r, z - 1, penalty + delPenalty)$ 
10:  for all  $b \in \{A, T, C, G\}$  do
11:     $(l, r) \leftarrow \text{BACKWARDSEARCH}(l, r, b, csa.\alpha, csa.\beta)$ 
12:    if  $l \leq r$  then
13:       $S \leftarrow S \cup \text{APPROMATCH}(P, i, l, r, z - 1, penalty + insPenalty)$ 
14:      if  $b = P[i]$  then
15:         $S \leftarrow S \cup \text{APPROMATCH}(P, i - 1, l, r, z, penalty)$ 
16:      else
17:         $S \leftarrow S \cup \text{APPROMATCH}(P, i - 1, l, r, z - 1, penalty + subPenalty)$ 
18:  return  $S$ 

```

---

算法4.3是本文提出的 CSAA 算法的核心，采用两种分支限界策略，减小搜索空间，能够完成替换，插入和删除三种变换操作，实现近似搜索。算法4.3同时使用了后向搜索算法3.4。该算法只是一个理论形式，具体实现中必须做一些修改。

## 第五章 CSAA 的实现

上文中给出了 CSAA 的算法过程，实际实现中 CSAA 采用了一些优化措施，进一步提高程序的效率。这些措施主要是从提高执行效率和准确度两个方面来考虑的。CSAA 主要包括三个子程序:build index,alignment,output。build index 子程序完成对参考序列  $T$  建立压缩后缀数组索引，对同一个参考序列只需建立一次索引即可。alignment 子程序是 CSAA 的核心，完成对短读序列到参考序列  $T$  的映射，输出 CSAA 自定义的一种 SAI 格式文件。最终 SAI 格式文件通过 output 子程序转为标准比对结果文件 SAM(Sequence Alignment/Map format)。

### 5.0.3 效率优化

在实际应用中，每一个短读一般有 20 到 70 个 bp，若直接采用递归算法实现，递归深度过深会严重影响程序的执行效率。所以在 CSAA 中使用了一种改进的优先队列数据结构来替代递归，把递归转为迭代形式。

优先队列的每一项保存一个近似匹配的序列，按照每个近似序列的质量得分排列。质量得分是对每一个近似序列的评分。初始评分是对应短读序列不做任何变换时的评分，定义为一个常数，由程序预先定义的最大失配数量，最大 gap open 数目，最大 gap extension 数目决定。这里参照序列比对领域的一些标准定义，对序列做一个替换称为一次失配，一次单独的插入或者删除称为一个 gap open。若已经在已经 gapopen 的位置连续执行了一次删除或者插入操作，称为增加了一个 gap extension。在 CSAA 中可以定义程序执行时的最大可允许的失配,gap open 和 gap extension 数量，以保证近似序列和短读序列之间的近似程度在合理范围之内。CSAA 同样的对理论上的罚分机制也做了一些修正，罚分不再针对替换，插入和删除操作，而是针对近似序列的失配,gap open,gap extension 数量罚分。三种操作具有不同的罚分标准。可以在执行程序时输入，也可以使用默认的罚分标准。每一个短读序列的质量得分也由罚分后的得分决定。

优先队列使用了最大堆来实现，这可以保证较高的效率，另一方面，也可以通过限制优先队列的容量来保证搜索空间在短序列时不会太大。通过优先队列，可以把算法4.3描述的深度优先的搜索方向变为广度优先，加上优先队列的大小限制，可以较好的节省内存空间。保证在较低内存下依然可以运行。

CSAA 在实现时考虑到 CSA 查询后缀数组位置的速度较快，而由后缀数组位置查询实际的映射位置比较慢，同时因为在做近似匹配的过程也无需具体的映射位置，所以 CSAA 定义了一个 SAI 文件，该文件是 CSAA 的中间输出文件，所存内容为短读序列的近似匹配结果，包括每一个短读序列的近似匹配后的后缀数组位置，质量得分，变换操作位置，类型等信息。最终通过 CSAA 的一个子程序结合

参考序列  $T$  完成 SAI 文件到标准的比对文件 SAM 文件的输出。

#### 5.0.4 使用 seed 提高精确度

在 DNA 测序技术中，单端测序和双端测序都存在测序质量的问题。离结合位点越近的位置，测序结果准确率越高，而越远的位置，测序准确率越低。根据这一现象，关于 Bowtie 实现的论文<sup>[8]</sup>中提出了 seed 的概念，针对短读序列中准确率较高的部分采用较高的限制。在算法4.3中，定义当  $z > 0$  时才停止搜索，在 CSAA 中实际上是分为两部分的，seed 部分当  $z > \text{minDifference}$  时就会抛弃这个搜索方向。而在非 seed 部分，默认情况下  $\text{minDifference} = 0$ 。同样的在 seed 部分，失配, gap open 和 gap extension 的数量限制也相较非 seed 部分较大。通过这样的策略，可以有效提高搜索的精度。至于 seed 的具体长度，可以根据不同的测序技术来给定。默认情况下，Bowtie 的 seed 长度是 28，随本文发布的 CSAA 中 seed 的默认长度是 32。

因为 seed 的限制条件较高，所以如果能首先对 seed 进行匹配，可以尽早抛弃掉一些不满足 seed 部分匹配要求但满足非 seed 部分匹配要求的序列。但因为 seed 是在短读序列的前缀部分，而我们使用 CSA 索引的后向搜索时是从后往前搜索的，最后才搜索 seed 部分。所以在 CSAA 中无论是建立索引还是，还是短读匹配都是对短读的 reverse 序列进行匹配的。这同 BWA 的做法一致。

### 5.1 实验测试

为测试 CSAA 的性能，本文同时测试了 MAQ<sup>[11]</sup>, Bowtie<sup>[8]</sup> 和 BWA<sup>[9]</sup> 这三个比对工具，和 CSAA 进行比较。分别对比这几个工具在不通规模数据上建立索引时的时间，需要的内存；以及在模拟数据上和真实数据上的比对能力。MAQ 为所有的短读序列建立 hash 表，进而遍历整个参考序列来实现比对。Bowtie 和 BWA 是用基于 BWT 的索引建立的比对工具，其中 Bowtie 采用了回溯法实现替换操作，但不支持 inset 和 delete 操作，即上文中所论述的 gap alignment。BWA 采用了本文类似的算法，但在建立索引时，采用了分段建立索引的方法，建立索引的速度比较慢，且需要保存参考序列  $T$ 。

#### 5.1.1 测试环境和数据

在对 CSAA 的测试中，使用 gcc 4.6.3 编译链接，并且使用了 -O3 优化。系统环境为 ubuntu 12.04 amd64，运行在一台具有 18G 内存的工作站上。测试使用的数据是标准的人类基因组序列 hg18.fa，来自 1000 Genome Project 的 NCBI build 36，模拟数据也是在该数据上生成。所有测试数据均使用默认选项运行。



### 5.1.2 索引建立时间

表5.1中对比了 bowtie,BWA 和 CSAA 三种工具分别建立索引时所需要的时间和内存消耗对比情况,表中数据分别对应几个工具在索引 512M,1024M 和 2048M 的数据时所需要的时间和内存。

表 5.1 建立索引的时间空间对比

Program	Time(s)			Memory(M)		
	512M	1024M	2048M	512M	1024M	2048M
Bowtie	1311	2720	5581	987	1109	1210
BWA	531	1101	2445	1890	1902	2006
CSAA	413	843	2065	2483	5325	11435

从表5.1中的测试结果可以看到, CSAA 相对其他两个不对工具在索引时间上具有较大优势,这是由于 BWA 和 Bowtie 都同时给 **inverted reference** 建立了索引,用时会较长。其中 Bowtie 建立索引时是分块建立索引的,最终再合并成一个索引,时间效率最差,但需用内存空间最小。

### 5.1.3 模拟数据测试

本文使用 SAMtools 工具包中的 wgsim 工具从人类基因组序列中随机生成模拟的短读序列。然后,分别用四种比对工具对这些模拟的 **short** 短读 s 序列进行比对,然后对比结果。因为这些模拟数据在参考序列上的映射位置是已知的,所以就可以计算出各个工具的比对结果的精确率。

表5.2所示为四个测试工具的比对结果展示,参考序列是人类基因组序列,模拟短读序列的长度为 70bp,总共有 1000000 个短读,所有序列均为 **single end** 序列。

表 5.2 模拟数据比对测试

Program	Time(s)	Memory(M)	Conf(%)	Err(%)
Bowtie	1701	2911	86.3	0.2
BWA	1519	3116	90.7	0.12
CSAA	2241	2905	89.9	0.13

表5.2中的实验的模拟数据使用 wsgi 程序在人类基因组上生成的长为 70bp,生成过程中,单核苷酸变异 (SNP) 的概率是 0.09%, indel 变异的概率是 0.01%, indel 的长度是满足正太分布  $N(500, 50)$ 。对比结果中 conf 是有确定的比对结果

的短读的比率，指的是所有短读中比对程序可以比对到映射位置的短读所占比例。而 **Err** 错误率是指在所有的有确定映射位置的短读中的比对位置错误的短读的比率。从中可以看出，在长为 70bp 的 100 万个短读的映射中，**CSAA** 相对于 **BWA** 和 **Bowtie** 在查询时更节省内存，在确定率和错误率上和 **BWA** 持平，优于 **Bowtie**。出现这样的结果是因为 **BWA** 和 **CSAA** 都支持 **indel** 操作，而 **Bowtie** 则只支持 **substitution** 操作，当短读序列比较长时其比对效果就会下降。

#### 5.1.4 真实数据测试

为测试 **CSAA** 在真实数据上的表现，本文从网络上下载了 12.2 million 个长为 51bp 的短读数据。这些数据来自 **European Read Archive(AC:ERR000589)**，是 1000 **Genomes Project** 的一个名男性基因组测序，由 **Illumina** 测序技术完成测序。参考序列选的是人类基因组，测序编号 **NCBI build 36**。

表 5.3 实际数据比对测试

Program	Time(m)	Memory(M)	Conf(%)
Bowtie	303	3122	84.6
BWA	221	3887	88.4
CSAA	409	3313	86.5

表5.3中的测试结果显示，在实际数据中 **CSAA** 也具有较高的准确性，86% 的短读序列都能映射到参考序列上，基本性能和 **BWA** 接近，相对 **BWA** 使用更少的内存空间。

## 第六章 总结与展望

### 6.0.5 总结

### 6.0.6 进一步工作



## 致 谢

毕业论文暂告收尾，这也意味着我在西安电子科技大学的四年的学习生活即将结束。回首既往，自己一生最宝贵的时光能于这样的校园之中，能在众多学富五车、才华横溢的老师们的熏陶下度过，实是荣幸之极。在这四年的时间里，我在学习上和思想上都受益非浅。这除了自身努力外，与各位老师、同学和朋友的关心、支持和鼓励是分不开的论文的写作是枯燥艰辛而又富有挑战的。

数学是理论界一直探讨的热门话题，老师的谆谆诱导、同学的出谋划策及家长的支持鼓励，是我坚持完成论文的动力源泉。在此，我特别要感谢我的导师 xxx 老师。从论文的选题、文献的采集、框架的设计、结构的布局到最终的论文定稿，从内容到格式，从标题到标点，她都费尽心血。没有 xxx 老师的辛勤栽培、孜孜教诲，就没有我论文的顺利完成。

感谢数学系的各位同学，与他们的交流使我受益颇多。最后要感谢我的家人以及我的朋友们对我的理解、支持、鼓励和帮助，正是因为有了他们，我所做的一切才更有意义；也正是因为有了他们，我才有了追求进步的勇气和信心。

时间的仓促及自身专业水平的不足，整篇论文肯定存在尚未发现的缺点和错误。恳请阅读此篇论文的老师、同学，多予指正，不胜感激！ .....

谨把本文献给我最敬爱的父母亲以及所有关心我的人！



## 参考文献

- [1] Francisco Claude and Gonzalo Navarro. Practical rank/select queries over arbitrary sequences. In *String Processing and Information Retrieval*, pages 176–187. Springer, 2009.
- [2] Paolo Ferragina and Giovanni Manzini. Indexing compressed text. *Journal of the ACM (JACM)*, 52(4):552–581, 2005.
- [3] Roberto Grossi and Jeffrey Scott Vitter. Compressed suffix arrays and suffix trees with applications to text indexing and string matching. *SIAM Journal on Computing*, 35(2):378–407, 2005.
- [4] Wing-Kai Hon, Tak-Wah Lam, Kunihiro Sadakane, and Wing-Kin Sung. Constructing compressed suffix arrays with large alphabets. In *Algorithms and Computation*, pages 240–249. Springer, 2003.
- [5] Hongwei Huo, Longgang Chen, Jeffrey Scott Vitter, and Yakov Nekrich. A practical implementation of compressed suffix arrays with applications to self-indexing. In *Data Compression Conference (DCC), 2014*, pages 292–301. IEEE, 2014.
- [6] Guy Jacobson. Space-efficient static trees and graphs. In *Foundations of Computer Science, 1989., 30th Annual Symposium on*, pages 549–554. IEEE, 1989.
- [7] Tak-Wah Lam, Kunihiro Sadakane, Wing-Kin Sung, and Siu-Ming Yiu. A space and time efficient algorithm for constructing compressed suffix arrays. In *Computing and Combinatorics*, pages 401–410. Springer, 2002.
- [8] Ben Langmead, Cole Trapnell, Mihai Pop, Steven L Salzberg, et al. Ultrafast and memory-efficient alignment of short dna sequences to the human genome. *Genome Biol*, 10(3):R25, 2009.
- [9] Heng Li and Richard Durbin. Fast and accurate short read alignment with burrows-wheeler transform. *Bioinformatics*, 25(14):1754–1760, 2009.
- [10] Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan, Nils Homer, Gabor Marth, Goncalo Abecasis, Richard Durbin, et al. The sequence alignment/map format and samtools. *Bioinformatics*, 25(16):2078–2079, 2009.

- 
- [11] Heng Li, Jue Ruan, and Richard Durbin. Mapping short dna sequencing reads and calling variants using mapping quality scores. *Genome research*, 18(11):1851–1858, 2008.
  - [12] Ruiqiang Li, Yingrui Li, Karsten Kristiansen, and Jun Wang. Soap: short oligonucleotide alignment program. *Bioinformatics*, 24(5):713–714, 2008.
  - [13] Ruiqiang Li, Chang Yu, Yingrui Li, Tak-Wah Lam, Siu-Ming Yiu, Karsten Kristiansen, and Jun Wang. Soap2: an improved ultrafast tool for short read alignment. *Bioinformatics*, 25(15):1966–1967, 2009.
  - [14] Yinan Li, Jignesh M Patel, and Allison Terrell. Wham: a high-throughput sequence alignment method. *ACM Transactions on Database Systems (TODS)*, 37(4):28, 2012.
  - [15] Hao Lin, Zefeng Zhang, Michael Q Zhang, Bin Ma, and Ming Li. Zoom! zillions of oligos mapped. *Bioinformatics*, 24(21):2431–2437, 2008.
  - [16] Ross A Lippert. Space-efficient whole genome comparisons with burrows-wheeler transforms. *Journal of Computational Biology*, 12(4):407–415, 2005.
  - [17] Veli Mäkinen and Gonzalo Navarro. Implicit compression boosting with applications to self-indexing. In *String Processing and Information Retrieval*, pages 229–241. Springer, 2007.
  - [18] Udi Manber and Gene Myers. Suffix arrays: a new method for on-line string searches. *siam Journal on Computing*, 22(5):935–948, 1993.
  - [19] Michael L Metzker. Sequencing technologies—the next generation. *Nature Reviews Genetics*, 11(1):31–46, 2009.
  - [20] Daisuke Okanohara and Kunihiko Sadakane. Practical entropy-compressed rank/select dictionary. In *ALENEX*. SIAM, 2007.
  - [21] Rajeev Raman, Venkatesh Raman, and S Srinivasa Rao. Succinct indexable dictionaries with applications to encoding k-ary trees and multisets. In *Proceedings of the thirteenth annual ACM-SIAM symposium on Discrete algorithms*, pages 233–242. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2002.
  - [22] Stephen M Rumble, Phil Lacroute, Adrian V Dalca, Marc Fiume, Arend Sidow, and Michael Brudno. Shrimp: accurate mapping of short color-space reads. *PLoS computational biology*, 5(5):e1000386, 2009.



- 
- [23] Kunihiro Sadakane. Compressed text databases with efficient query algorithms based on the compressed suffix array. In *Algorithms and Computation*, pages 410–421. Springer, 2000.
  - [24] Kunihiro Sadakane. Succinct representations of lcp information and improvements in the compressed suffix arrays. In *Proceedings of the thirteenth annual ACM-SIAM symposium on Discrete algorithms*, pages 225–232. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2002.
  - [25] Ian H Witten, Alistair Moffat, and Timothy C Bell. *Managing gigabytes: compressing and indexing documents and images*. Morgan Kaufmann, 1999.