パラメタ化 Burrows-Wheeler 変換の拡張

Eric M. Osterkamp and Dominik Köppl

概要

Burrows-Wheeler 変化 (BWT) はパターン照合のための簡潔な索引構造として知られている。今回は、パターン照合の2つの特殊な場合に注目する:複数の文字列にたいして円形のパターン照合とパラメタ化のパターン照合である。前者は拡張 BWT (extended BWT),後者はパラメタ化 BWT (parameterized BWT)と呼ばれる BWT の変種で効率的に行うことができる。自然な拡張は2つのパターン照合の混合である。その斬新な照合問題で,eBWT と pBWT とそれぞれの問題に対している索引構造の合体 epBWT を考案し,パラメタ化円形の照合について,epBWT の性質を解析する.

キーワード: 拡張 BWT , パラメタ化のパターン照合 , 円形のパターン照合

1 序論

大規模データで検索を効率的に行うため,簡潔な索引構造がよく利用される.簡潔な索引構造の中では、FM-index [4] はよく知られている.FM-index は Burrows-Wheeler 変換 (BWT) から成る.パターン対して,FM-index でパターンの出現の個数を検索できる.count のため, BWT を rank/select データ構造で索引しても十分であるが,count は BWT の中の区間で出現の個数を表現する.必要な道具が少ないため,FM-index の性質は簡潔なデータ構造として相応しい.しかし,FM-index は単純なパターン照合だけ対応できる.

円形のパターン照合は生命情報学と幾何学的計算でよく利用されている [6] . 例えば,様々なウイルスの遺伝子のデータは円形の文字列で表現できる. 円形の照合とは,テキストの端が繋いでいると考えて,任意の接尾字と接頭辞をパターンの出現の候補と見なす. 簡潔な領域を考えて, Mantaci et al. [9] は複数の文字列を提案した拡張 BWT (extended BWT) で索引し,円形のパターン照合を行うことができた. 拡張 BWT は複数の問題で応用され [11, 12],効率的な構築が研究された [2, 3].

その一方で,遺伝子の RNA 解析のために,パラメタ化照合 [1] というパターン照合が必要であると考えられる [13].また BWT に基づいた索引構造が提案され [5], パラメタ化 BWT (parameterized BWT) と呼ばれる.Mendivelso et al. [10] はパラメタ化のデータ構造を纏めた.近年,Iseri et al. [7] は pBWT の効果的な構築を提案した.

パラメタ化照合は以下のようにパラメタ化一致で定義された.パターンはテキストの部分文字列 S とパラメタ化一致するとは文字の全単射でパターンを S に写像できること.

より詳細には,固定するアルファベットを Σ_s ,置き換えを考えるアルファベットを Σ_p とする.また,パラメタ化文字列を $\Sigma_s \cup \Sigma_p$ 上の文字列とする.パラメタ化一致するとは,二つのパラメタ化文字列 S_s 7に対し, Σ_p から Σ_p への全単射が存在することをいう.

例 1. $\Sigma_s:=\{a,b\}, \Sigma_p:=\{A,B\}$ とし,S:= aABAbB,T:= aBABbA の二つのパラメタ化文字列を考える. $A\mapsto B$, $B\mapsto A$ との全単射を考えると $S\mapsto aBABbA=T$ となるのでSとT はパラメタ化一致している.

パラメタ化照合のため,様々の索引が考案されたが $;O(n\lg n)$ ビット領域以下の領域を持つ少メモリーの索引であれば pBWT に限りと考えられる.

¹Mendivelso et al. [10] はパラメタ化のデータ構造を纏めた.

2 予備知識

 Σ をアルファベットとし, Σ^* の要素を文字列と呼ぶ.文字列 V の長さを |V| と表記する.文字列 V=XYZ について X,Y,Z をそれぞれ文字列 V の接頭辞,部分文字列,接尾辞と呼ぶ.V[i] は V 中の i 文字目の文字,V[i...j] は V の i 文字目から j 文字目までの部分文字列を表す.j=|V| のとき,V[i...j] は開始位置 i を持つ接尾辞であり,V[i...] とも書く. ϵ は空文字列を示す.

文字列 V に対して, $V=U^k$ を書くと必ず V=U と k=1 である場合,V を原始的 (primitive) と呼ぶ.任意の文字 V に対して,唯一の原始的な文字列 U と唯一整数 k が $V=U^k$ を満たす.そのとき, U と k をそれぞれ $\mathrm{root}(V)$ と $\mathrm{exp}(V)$ で示す.任意の文字列 V に対して, V^ω は V の無限の連結を示す,すなわち, $V^\omega=VVVV\cdots\in\Sigma^\omega$ である.

2.1 パラメタ化文字列

```
egin{cases} V[i] \ V[i] \in \Sigma_s \quad \mathcal{O}とき\infty \ V[i] \in \Sigma_p \wedge V[i] \neq V[j] \ \forall j \in [1..i-1] \ \mathcal{O}ときi - \max\{j \in [1..i-1] : V[j] = V[i]\} , その他 .
```

この論文では , ∞ はすべて整数とアルファベット記号よる大きい記号を示し , $(\{\infty\} \cup \mathbb{N}) \cap \Sigma_s = \emptyset$ を満たす , ただし \mathbb{N} は整数の照合を示す .

2.2 ω 順序のペラメタ化

円形のパターン照合を行うため,Mantaci et al. [9] は文字列の ω 順序を定義した.文字列の ω 順序を以下のように,パラメタ化文字列に対して拡張できる.

各パラメタ化文字列 V に対して, $\langle V^\omega \rangle := \langle V \rangle \cdot \left(\langle V \rangle [|V|+1..|VV|] \right)^\omega$ と $\llbracket V^\omega \rrbracket := \llbracket V \rrbracket^\omega$ を定義する.任意のパラメタ化文字列 U と W, $U \leq_\omega W$ の時かつその時に限り $\langle U^\omega \rangle < \langle W^\omega \rangle$ または $\mathrm{root}(\llbracket U \rrbracket) = \mathrm{root}(\llbracket W \rrbracket)$. \leq_ω はパラメタ化文字列照合 $(\Sigma_s \cup \Sigma_p)^*$ の順序に成り立つ. $U =_\omega W$ の意味は, $U \leq_\omega W$ かつ $U \neq_\omega W$ となる.

2.3 計算設定

入力は複数の文字列 T_1,\cdots,T_d と設定する.ただし d は入力文字列の個数と n は入力文字列の長さの総和を示す. $T:=T_1\cdots T_d$ は入力文字列を連結, $\mathrm{ENC}_T:=[\![T_1]\!]\cdots[\![T_d]\!]\in \left(\Sigma_s\cup[1...|\Sigma_p|\!]\right)^n$ はそれぞれのテキストの prev 符号の連結を示す.

以下の2つの写像を定義する.

写像 $C:[1..n] \to \{T_j[k..|T_j|]T_j[1..k-1]: k \in [1..|T_j|], j \in [1..d]\}$ は T の位置 $p \in [1..n]$ を循環文字列 $T_j[k..|T_j|]T_j[1..k-1]$ に写像する,ただし $T_j[k..]$ は T[p..] の接頭辞,厳密に言えば $\sum_{x=1}^{j-1}|T_x| を満たす.$

写像 $\mathbf{R}_T:[1..n] \to [1..n]$ は以下の条件を満たす.すべての異なる $i,j \in [1..n]$ に対して, $\mathbf{R}_T(i) < \mathbf{R}_T(j) \Leftrightarrow C(i) <_\omega C(j) \lor (C(i) =_\omega C(j) \land i < j)$. \mathbf{R}_T は順序ランク $\in [1..n]$ を T の位置 $\in [1..n]$ に写像する順列である.

i	C(i)	$ENC_T[i]$	$\langle C(i)^{\omega} \rangle [8]$	$R_T^{-1}(i)$	$\varphi_T(\mathbf{R}_T^{-1}(i))$	$L_T[i]$	$\langle C(\mathbf{R}_T^{-1}(i))^{\omega} \rangle [8]$
1	AB	2	∞∞222222	7	6	1	ab∞ab3ab
2	BA	2	∞∞222222	8	7	a	b∞ab3ab3
3	AbB	2	∞b∞3b33b	4	3	2	b∞∞b33b3
4	bBA	b	b∞∞b33b3	6	8	b	∞ab3ab3a
5	BAb	2	∞∞b33b33	3	5	2	∞b∞3b33b
6	Aab	1	∞ab3ab3a	10	9	2	∞1∞13131
7	abA	a	ab∞ab3ab	12	11	2	∞1∞13131
8	bAa	b	b∞ab3ab3	5	4	b	∞∞b33b33
9	ABBA	2	∞∞131313	9	10	1	∞∞131313
10	BBAA	1	∞1∞13131	11	12	1	∞∞131313
11	BAAB	2	∞∞131313	1	1	2	∞∞222222
12	AABB	1	∞1∞13131	2	2	2	∞∞222222

図 1: 文字列集合 {AB, AbB, Aab, ABBA} の epBWT.

2.4 BWT の backward search でパターン照合

任意のパラメタ化文字列 P 対して,P 区間 とは以上の条件を満たす最大の区間 $[\ell..r]$.各 $i \in [\ell..r]$ に対して $\langle P \rangle$ は $\langle C(\mathbf{R}_T^{-1}(i))^\omega \rangle$ の接頭辞であるような区間のことをいう.ただし, ε 区間は [1..n] とする.

P または T がパラメタ化文字列とすると , BWT のように epBWT で LF 写像に基づいて , P 区間を計算できる .

3 索引構造の定義

提案する epBWT が 3 つの構造 \mathcal{L}_T , \mathcal{F}_T と $\mathcal{L}\mathrm{CP}_T^\omega$ で成り立つ.定義のため, ENC_T が複数の原始的な文字列から成り立つように書き換える.

$$ENC_T = root(\llbracket T_1 \rrbracket)^{exp(\llbracket T_1 \rrbracket)} \cdots root(\llbracket T_d \rrbracket)^{exp(\llbracket T_d \rrbracket)}.$$

各構造が下記のように定義されている.

- 1. パラメタ化文字列 $\mathcal{L}_T \in \left(\Sigma_s \cup [1..|\Sigma_p|]\right)^n$ は $\mathcal{L}_T[i] := \mathrm{ENC}_T[\varphi_T(\mathsf{R}_T^{-1}(i))]$ をすべて $i \in [1..n]$ に対して満たす文字列.ただし, $\varphi_T : [1..n] \to [1..n]$ は以下の 2 つ条件を満たす.
 - (a) 任意の ENC_T 位置 $i \in [1..n]$ に対して,i から ℓ 番目の $\mathrm{root}([\![T_k]\!])$ が始まる (すなわち, $i = 1 + \sum_{k=1}^{k-1} |T_x| + \sum_{\nu=1}^{\ell-1} |\mathrm{root}([\![T_k]\!])|$ と, $\varphi_T(i) := i + |\mathrm{root}([\![T_k]\!])| 1$.
 - (b) そうでなければ , $\varphi_T(i) := i 1$ とする .
- 2. $F_T \in (\Sigma_s \cup [1..|\Sigma_p|])$ は $F_T[i] := ENC_T[R_T^{-1}(i)]$ で定義され, $F_T[LF_T(i)] = L_T[i]$ をすべて $i \in [1..n]$ に対して満たす.
- 3. 構造は以下の整数配列 LCP_T^ω である $\mathrm{.LCP}_T^\omega \in \left([0..\left|\Sigma_p\right|]\right)^n$ は以下の状況を満たす $\mathrm{.LCP}_T^\omega[1] := 0$ とすべて $i \in [2..n]$ に対して ,

$$\mathrm{LCP}_T^{\omega}[i] := \mathrm{lcp}_{\omega}^{\infty} \left(C \left(\mathbf{R}_T^{-1}(i-1) \right), C \left(\mathbf{R}_T^{-1}(i) \right) \right) \ .$$

ただし,任意のパラメタ化文字列 U と W に対して, $\mathrm{lcp}_\omega^\infty(U,W)$ は $\langle U \rangle$ と $\langle W \rangle$ の最長共通接頭辞で出現する記号 ∞ の個数を出力する.

例 2. 図 1 は例 T_1 = AB, T_2 = AbB, T_3 = Aab, と T_4 = ABBA に対して以上の定義さるたデータ構造を示す.ただし $\Sigma_s:=\{a,b\},\Sigma_p:=\{A,B\}$.

定義したデータ構造において, FM-index のように検索を行うことができ, count を答えられる.

定理 3. L_T , F_T , LCP_T^ω とのデータ構造があるとする.任意の文字 $c \in \Sigma_s \cup \Sigma_p$, P 区間 を cP 区間に更新できる.P は最短の入力テキストより短い場合、計算時間は FM-index の計算時間に等しい。

謝辞

本研究は JSPS 科研費 JP23H04378 と JP21K17701 の助成を受けたものです.



参考文献

- [1] B. S. Baker. A Theory of Parameterized Pattern Matching: Algorithms and Applications. In *Proceedings of ACM*, pages 71–80. Association for Computing Machinery, 1993.
- [2] H. Bannai, J. Kärkkäinen, D. Köppl, and M. Piatkowski. Constructing the Bijective and the Extended Burrows-Wheeler Transform in Linear Time. In *Proceedings of CPM*, volume 191 of *LIPIcs*, pages 7:1–7:16, 2021.
- [3] C. Boucher, D. Cenzato, Z. Lipták, M. Rossi, and M. Sciortino. Computing the Original eBWT Faster, Simpler, and with Less Memory. In *Proceedings of SPIRE*, volume 12944 of *LNCS*, pages 129–142. Springer, 2021.
- [4] P. Ferragina and G. Manzini. Opportunistic data structures with applications. In *Proceedings of FOCS*, pages 390–398, 2000.
- [5] A. Ganguly, R. Shah, and S. V. Thankachan. pBWT: Achieving Succinct Data Structures for Parameterized Pattern Matching and Related Problems. In *Proceedings of SODA*, pages 397–407, 2017.
- [6] C. S. Iliopoulos and M. S. Rahman. Indexing circular patterns. In *Proc. WALCOM*, volume 4921 of *LNCS*, pages 46–57, 2008.
- [7] K. Iseri, T. I, D. Hendrian, D. Köppl, R. Yoshinaka, and A. Shinohara. Breaking a Barrier in Constructing Compact Indexes for Parameterized Pattern Matching. *arXiv CoRR*, abs/2308.05977, 2023.
- [8] S.-H. Kim and H.-G. Cho. Simpler FM-index for parameterized string matching. *Information Processing Letters*, 165:106026, 2021.
- [9] S. Mantaci, A. Restivo, G. Rosone, and M. Sciortino. An extension of the Burrows-Wheeler Transform. *Theoretical Computer Science*, 387(3):298–312, 2007.
- [10] J. Mendivelso, S. V. Thankachan, and Y. Pinzón. A brief history of parameterized matching problems. *Discrete Applied Mathematics*, 274:103–115, 2020.

- [11] N. Prezza, N. Pisanti, M. Sciortino, and G. Rosone. SNPs detection by eBWT positional clustering. *Algorithms for Molecular Biology*, 14, 2019.
- [12] A. Salgado, F. Fernandes, and A. T. Freitas. CSA-MEM: Enhancing Circular DNA Multiple Alignment Through Text Indexing Algorithms. In *Proceedings of ISBRA*, volume 14248 of *LNBI*, pages 509–517, 2023.
- [13] T. Shibuya. Generalization of a Suffix Tree for RNA Structural Pattern Matching. *Algorithmica*, 39(1):1–19, 2004.