

ビットパラレル手法によるアライメントアルゴリズム

馬場 謙介[†] 于 雲 青[†] 村上 和 彰[†]

近似文字列照合問題は、2つの文字列と閾値が与えられて、片方の文字列の部分文字列のうち、もう一方の文字列との編集距離が閾値以下となるものを見つける問題である。この問題をビットパラレルと呼ばれる手法により高速に解くアルゴリズムが Myers により提案されているが、出力として編集距離だけでなくアライメントも求める場合には適用できない。本論文では、近似出現に対するアライメントについての正規形概念を導入し、Myers のアルゴリズムを近似文字列照合に対するアライメント問題へ拡張する。

An Alignment Algorithm by Bit-parallelism

KENSUKE BABA,[†] YUNQING YU[†] and KAZUAKI MURAKAMI[†]

Approximate matching problem is, given two strings and a parameter, to find all substring of a string whose edit distance with the other string is at most the parameter. Myers introduced an efficient algorithm based on bit-parallelism for approximate matching problem. However, if alignment of strings is required as the answer of the problem, the algorithm can not be applied straightforwardly. In this paper, an idea of normalization of alignment is introduced and the algorithm by Myers is expanded to alignment problem.

1. 序 論

ヒトゲノムの解読をはじめとして、分子生物学が対象とする膨大な生命情報の理解を、文字列の解析というアプローチによって深めようとする研究が世界中で行われている。その中でも重要な概念は、2つの文字列が似ているかどうかということである。一致する文字の多い部分等の文字列間の類似性を見つけることは、相同性検索（ホモロジーサーチ）と呼ばれ、たとえば、遺伝子の構造を予測したり、進化による関係を解析したりするために用いられる。2つの文字列が似ているかどうかを考えるための指標として、文字列間の類似度、あるいは距離を定義することが求められる場合がある。本論文では、最も基本的なものとして「片方の文字列からもう一方の文字列を得るために、文字の編集操作（置換、挿入、削除）を最低何回行えばよいか」を表す編集距離¹³⁾について考える。編集距離は、編集の種類や文字の種類について重み付けを行うことによって、より一般的なものへの拡張が可能である。

編集距離を考える際、「片方の文字列中のある文字を、もう一方の文字列中のどの文字と比較するか」を

表すのがアライメント⁴⁾であり、編集距離を求める計算は、考えうるすべてのアライメントに対応する編集操作の数のうち、最小のものを見つけるものである。文献 13) 中で、長さ m と n の文字列の間の編集距離を $O(mn)$ 時間で求めるアルゴリズムが導入されているが、本質的なアイデアは、生物学の分野で知られる動的計画法に基づくアルゴリズム⁹⁾と同じものである^{3),8)}。このアルゴリズムでは、対象となる2つの文字列のそれぞれの接頭辞についての編集距離を各要素とする行列（DP 行列）を再帰的に求めることで、計算の重複を避けている。また、DP 行列の各要素を計算する際に、再帰的な計算の1つ前の段階のどの値を元にしたかを覚えておくことで、アライメントを簡単に求めることができる。動的計画法に基づくアルゴリズムで、距離を計算する対象を2つの文字列の任意の部分文字列に拡張したもの¹¹⁾は、分子生物学の分野で多く利用されている検索システムの基礎になっている^{1),10)}。

近似文字列照合問題は、2つの文字列と閾値が与えられて、片方の文字列の部分文字列のうち、もう一方の文字列との編集距離が閾値以下となるものを見つける問題である。これは、2つの文字列間の編集距離を求める問題をより一般的にしたもので、動的計画法に基づくアルゴリズムの簡単な拡張により解くことがで

[†] 九州大学大学院システム情報科学研究院
Graduate School of Information Science and Electrical
Engineering, Kyushu University

きる．Myers⁷⁾は、近似文字列照合問題を解くための DP 行列の計算を、ビットパラレル²⁾と呼ばれる手法により高速に行うアルゴリズムを提案した．ビットパラレル手法は、文字列間の類似度を二値の論理式の演算によって表すことで、DP 行列の成分のうち最大 w 個の値を並行して計算するものであり、このアルゴリズムの計算時間は、 w をコンピュータのワード長として、 $O(\lceil m/w \rceil n)$ 時間で抑えられる（この手法に関する研究については文献 8) で詳しく述べられている）．しかし、ビットパラレル手法では、DP 行列の要素のうち明示的に値が求められるのは最後の行のみであり、前述の動的計画法についての手法でアライメントを求めるために必要な情報を得ることができない．アライメントを求めるための計算を新たに加えると、高速化が効果的でない場合がある．

本論文では、Myers のアルゴリズムをアライメント問題へ拡張する．これによって、近似文字列照合問題に対するアライメントを高速に求めるアルゴリズムを得る．同様のアルゴリズムとして、Hyyrö⁵⁾は、編集操作によって異なる 3 種類の距離について、ビットパラレル手法によるアライメントアルゴリズムを提案している．このアルゴリズムは、ある文字列の対について距離を計算するものであり、近似文字列照合問題の場合は複数の文字列の対についての距離を考えなければならない、直接適用することはできない．また、ある文字列の対についても編集距離に対応するアライメントが複数存在しうることから、求められるアライメントがそのうちのどのようなものかを示す必要があり、アルゴリズムの正しさも自明ではない．我々は、近似出現に対するアライメントについての正規形概念を導入することで、アルゴリズムによって求められるアライメントを厳密に表現し、アルゴリズムの正当性を証明する．また、プログラムとして実装を行い、動的計画法に基づく単純なアライメントアルゴリズムとの計算時間の比較を行う．

2. 準備

Σ を文字の有限集合とし、これをアルファベットと呼ぶ． Σ 上の文字列全体からなる集合を Σ^* で表し、空文字列を ε で表す．また、 $\Sigma^+ = \Sigma^* - \{\varepsilon\}$ の表記を用いる．

ある文字列 s について、 s の長さを $|s|$ で表し、 s の i 番目の要素を s_i で表す．ただし、 $1 \leq i \leq |s|$ である．文字列 $s_i s_{i+1} \cdots s_j$ を s の部分文字列と呼び、 $s_{i,j}$ で表す．特に、 $i = 1$ のとき接頭辞、 $j = |s|$ のとき接尾辞と呼ぶ．便宜上、 $j < i$ のとき $s_{i,j} = \varepsilon$ とす

る．また、 $s^{-1} = s_{|s|} s_{|s|-1} \cdots s_1$ とする．

2 つの文字列間の編集距離とは、片方の文字列から他方の文字列を得るために必要な編集操作のうち最小の回数である．ただし、編集操作としては文字の「挿入」、「削除」および「置換」を許すものとする．2 つの文字列 $p, t \in \Sigma^+$ の間の編集距離を $d(p, t)$ で表す．たとえば、下のように、文字列「entry」から「empty」を得るためには、少なくとも 3 回の編集操作を行わなければならないので、2 つの文字列間の編集距離は 3 である．

一致	置換	挿入	一致	削除	一致
e	n		t	r	y
e	m	p	t		y

2 つの文字列 $p, t \in \Sigma^+$ および、ある閾値 $\delta < |p|$ が与えられて、 t の部分文字列 t' が p の近似出現であるとは、 $d(p, t') \leq \delta$ であることである．近似文字列照合問題とは、テキスト t 中のパターン p の近似出現をすべて見つける問題である．

編集転写とはアルファベット $\{I, D, R, M\}$ 上の文字列であり、各文字は、それぞれ、3 つの編集操作と「一致」を表している．つまり、ある文字列に対する編集転写は、対応する編集操作を順番に行うことで、その文字列を他の文字列に転写するものである．たとえば、下のように、前述の編集距離の例に対応する編集転写は $MRIMDM$ である．

M	R	I	M	D	M
e	n		t	r	y
e	m	p	t		y

3. 近似出現に対するアライメント

近似文字列照合問題は、2 つの文字列間の編集距離を求める問題をより一般的にしたものである．単純に編集距離を求める場合には、実際の応用として編集距離の値が重要であることが多いが、近似文字列照合問題の場合、出現位置やアライメントと呼ばれる文字どうしの対応が必要なことがある．本章では、アライメントを編集転写によって表し、近似文字列照合問題に対するアライメントを定義する．

近似文字列照合問題に対するアライメントは自明ではない．その理由の 1 つは、ある近似出現に対応する編集転写が複数存在しうることである．たとえば、前節の例に対応する編集転写は、 $MRIMDM$ の他に $MIRMDM$ や $MRRRM$ もある．ここで、編集転写の正規形を以下のように定義する．

定義 1 文字列 $p \in \Sigma^+$ から $t \in \Sigma^+$ への正規編集転写とは, p と t の間の編集距離に対応する編集転写のうち, $I < R < D < M$ の順による辞書式順序で最大のものである.

近似文字列照合問題に対するアライメントが自明でないもう 1 つの理由は, 近似文字列照合問題の解となる近似出現が複数ありうることである. 近似出現の定義に従うと, 互いに重なり合わない出現のほかに, 厳密には以下のような出現の区別がある. t の部分文字列 t' が, 閾値 δ についての p の近似出現であるとき, t' を部分文字列として真に含み, $|t'' - |t'| \leq \delta - d(p, t')$ である t の部分文字列 t'' は p の近似出現である. また, t' の部分文字列として真に含まれ, $|t'| - |t''| \leq \delta - d(p, t')$ である t の部分文字列 t'' も p の近似出現である. このような出現の区別は, 一見冗長に思えるが, 単純な方法でこれらを同一視すると, 閾値が大きい場合, 本来区別すべき出現についても同じと見なしてしまう恐れがある. たとえば, $t = abababa$, $p = aba$, $\delta = 2$ のとき, p の近似出現として $t_{1,3}$ と $t_{5,7}$ を同一視してよいかどうかは, その応用に依存するべきである.

本論文では, 近似出現の長さに着目し, 各位置ごとの近似出現の代表の概念を導入する.

定義 2 ある位置についての代表近似出現とは, その位置から始まる近似出現のうち, 対応する編集距離が最も小さく, 長さが最も短いものである.

この近似出現の代表は, 編集転写の正規形の導入に用いた順序によって決定することができる. これは, 一致を表す M を最も優先して選んだ編集転写が編集距離に対応することと, ある文字列からの編集距離が等しい文字列は, 正規編集転写中の D の数が多く, I の数が少ないほど短くなることから分かる.

補題 1 ある位置についての代表近似出現に対する正規編集転写は, その位置から始まり, 対応する編集距離が最小となる近似出現に対する正規編集転写のうち, $I < R < D < M$ の順による辞書式順序で最大のものである.

本論文では, 近似文字列照合問題に対するアライメントを次のように定義する.

定義 3 近似文字列照合問題に対するアライメントアルゴリズムとは, 文字列 $p, t \in \Sigma^+$ と閾値 δ が与えられて, t 中の p のすべての代表近似出現の正規編集転写を返すものである.

4. アルゴリズム

4.1 動的計画法に基づく単純なアルゴリズム

長さ m と n の 2 つの文字列についての編集距離

		e	m	p	t	y
	0	→ 1	→ 2	→ 3	→ 4	→ 5
e	↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓
	1	→ 0	→ 1	→ 2	→ 3	→ 4
n	↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓
	2	→ 1	→ 1	→ 2	→ 3	→ 4
t	↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓
	3	→ 2	→ 2	→ 2	→ 2	→ 3
r	↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓
	4	→ 3	→ 3	→ 3	→ 3	→ 3
y	↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓	↘ ↓
	5	→ 4	→ 4	→ 4	→ 4	→ 3

図 1 動的計画法で用いる表の例

Fig. 1 An example of the table for an algorithm based on the dynamic programming approach.

は, 動的計画法により $O(mn)$ 時間で求めることができる. このアルゴリズムでは, 概念的に, 図 1 のような表が用いられる. この表のうち, 要素の部分は DP 行列と呼ばれ, p, t を 2 つの文字列とすると, 以下の (i, j) 成分を持つ $(m + 1) \times (n + 1)$ 行列として定義される.

$$C[i, j] = \min \begin{cases} C[i - 1, j - 1] + W(p_i, t_j), \\ C[i - 1, j] + 1, \\ C[i, j - 1] + 1 \end{cases}$$

ただし, $i = 0$ のとき $C[0, j] = j$, $j = 0$ のとき $C[i, 0] = i$ とする. また, $a, b \in \Sigma$ について $W(a, b)$ は $a = b$ のとき 0, $a \neq b$ のとき 1 をとるものとする. 図 1 の例においては, $t = \text{empty}$, $p = \text{entry}$ である. このとき, 図 1 の表における矢印は, 縦, 横, 斜めのものが, それぞれ, p からみた削除, 挿入, 置換または一致に対応している. つまり, τ を文字列 $p_{1,i}$ から $t_{1,j}$ への編集距離に対応する編集転写とすると,

- ρ_1 を $p_{1,i-1}$ から $t_{1,j-1}$ への編集距離に対応する編集転写として, $\tau = \rho_1 M$ または $\tau = \rho_1 R$,
- ρ_2 を $p_{1,i-1}$ から $t_{1,j}$ への編集距離に対応する編集転写として, $\tau = \rho_2 D$, または,
- ρ_3 を $p_{1,i}$ から $t_{1,j-1}$ への編集距離に対応する編集転写として, $\tau = \rho_3 I$

のいずれかが成り立つので, $1 \leq i \leq m$ と $1 \leq j \leq n$ について, $C[i, j]$ は $p_{1,i}$ と $t_{1,j}$ の間の編集距離であることが分かる.

このアルゴリズムは, DP 行列の初期条件を, $i = 0$ のとき $C[0, j] = 0$, $j = 0$ のとき $C[i, 0] = i$ とすることで, 近似文字列照合問題へ拡張することができる.

Procedure Naive Alignment Algorithm

```

inputs:  $p = p_1 \cdots p_m \in \Sigma^+$ ,
         $t = t_1 \cdots t_n \in \Sigma^+$ ,  $\delta$ ;
outputs:  $\tau_1, \dots, \tau_k \in \{I, D, R, M\}^+$ ;

for  $i = 0, \dots, m$  do  $C[i, 0] = i$ ;
for  $j = 0, \dots, n$  do  $C[0, j] = 0$ ;
for  $i = 1, \dots, m$  do {
  for  $j = 1, \dots, n$  do {
     $C[i, j] =$ 
    min  $\left\{ \begin{array}{l} C[i-1, j-1] + W(p^{-1}_i, t^{-1}_j), \\ C[i-1, j] + 1, \\ C[i, j-1] + 1 \end{array} \right.$ 
  }
}
 $i = m$ ;  $k = 1$ ;
for  $j$  s.t.  $C[i, j] \leq \delta$  do {
   $\tau = \varepsilon$ ;
  while  $(i, j \geq 1)$  {
    if  $(p^{-1}_i = t^{-1}_j)$  {
       $i = i - 1$ ;  $j = j - 1$ ;  $\tau = \tau M$ ;
    } else if  $(C[i, j] = C[i-1, j] + 1)$  {
       $i = i - 1$ ;  $\tau = \tau D$ ;
    } else if  $(C[i, j] = C[i-1, j-1] + 1)$  {
       $i = i - 1$ ;  $j = j - 1$ ;  $\tau = \tau R$ ;
    } else {
       $j = j - 1$ ;  $\tau = \tau I$ ;
    }
  }
   $\tau_k = \tau^{-1}$ ;  $k = k + 1$ ;
}

```

図 2 動的計画法に基づく単純なアライメントアルゴリズム

Fig. 2 Naive alignment-algorithm based on the dynamic programming approach.

つまり、 $C[i, j]$ は $p_{1,i}$ と、位置 j で終わる t の部分文字列との間の編集距離のうち最も小さいものであるから、次が明らかである。

補題 2 $C[i, j]$ は、 t^{-1} 中の位置 $n - j + 1$ での $p^{-1}_{1,i}$ の代表近似出現に対応する編集距離である。

アライメントを求める場合、DP 行列を計算した後、各成分が最大値としてどの成分からの値をとったかをたどることで、対応する編集転写を求めることができる。これは、図 1 の矢印が、文字の編集操作に対応していることから容易に分かる。一般に、DP 行列からアライメントを求める作業はトレースバックと呼ばれる。この手法による、近似文字列照合に対するアライメントアルゴリズムを図 2 に示す。このアルゴリズムにおいて、DP 行列を求めるには、 $(m+1) \times (n+1)$ 個の成分について最大値を求める計算を行うので、 $O(mn)$ 時間が必要である。また、トレースバックに要する時間は単純な方法でも $O(m+n)$ 時間であるから、 $O(mn)$ 時間で解くことができる。

4.2 ビットパラレル手法によるアルゴリズム

Myers⁷⁾ は、近似文字列問題を解くために、ビット

Procedure Bit-Parallel Algorithm

```

inputs:  $p = p_1 \cdots p_m \in \Sigma^+$ ,
         $t = t_1 \cdots t_n \in \Sigma^+$ ,  $\Sigma$ ;
outputs:  $C[m, 0], \dots, C[m, n]$ ;

for  $i = 1, \dots, m$  do {
  for  $s \in \Sigma$  do {
    if  $(p_i = s)$  {
       $Peq(s)[i] = 1$  else  $Peq(s)[i] = 0$ ;
    }
  }
}
 $P_v = 1^m$ ;  $M_v = 0^m$ ;  $C[m, 0] = m$ ;
for  $j = 1, \dots, n$  do {
   $Eq = Peq(t_j)$ ;  $X_v = Eq \mid M_v$ ;
   $X_h = ((Eq \& P_v) + P_v) \wedge Eq$ ;
   $Ph = M_v \mid \sim(X_h \mid P_v)$ ;
   $M_h = P_v \& X_h$ ;

  if  $(Ph \& 10^{m-1}) C[m, j] = C[m-1, j] + 1$ ;
  else if  $(M_h \& 10^{m-1})$  {
     $C[m, j] = C[m-1, j] - 1$ ;
  }

   $Ph \ll 1$ ;  $M_h \ll 1$ ;
   $P_v = M_h \mid \sim(X_v \mid Ph)$ ;
   $M_v = Ph \& X_v$ ;
}

```

図 3 ビットパラレル手法により DP 行列を求めるアルゴリズム

Fig. 3 Bit-parallel algorithm to compute a DP-matrix.

パラレル手法により DP 行列を計算するアルゴリズムを提案した。このアルゴリズムの計算時間は、 w をコンピュータのワード長として、 $O(\lceil m/w \rceil n)$ 時間で抑えられている。ここで用いられているビットパラレル手法は、文字列間の類似度を二値の論理式の演算によって表すことで、DP 行列の成分のうち最大 w 個の値を並行して計算するものである。このアルゴリズムの概要を図 3 に示す。ただし、ここで用いられている記号 $\mid, \&, \wedge, \sim, \ll$ は、それぞれ、ビット列に対する OR, AND, XOR, NOT, およびシフトの演算を表している。

以下、アルゴリズムの詳細を述べる。

$0 \leq i \leq m$ と $1 \leq j \leq n$ に対して、

$$\Delta h[i, j] = C[i, j] - C[i, j-1]$$

と表す。また、 $1 \leq i \leq m$ と $0 \leq j \leq n$ に対して、

$$\Delta v[i, j] = C[i, j] - C[i-1, j]$$

と表す。ここで、次の命題が成り立つことが知られている¹²⁾。

命題 1 任意の i と j について、 $\Delta v[i, j], \Delta h[i, j] \in \{-1, 0, 1\}$ である。

任意の j に対して $C[0, j] = 0$ であるから、 $C[m, j]$ は第 m 行目までの隣り合う成分の差の列 $\Delta v_j = (\Delta v[0, j], \dots, \Delta v[m, j])$ からただちに求めることが

できる．この Δv_j を定数時間で計算するために， i 番目に以下の要素を持つビット列 Eq_j, Pv_j, Mv_j を用意する．

$$Eq_j[i] = \iota(p_i = t_j)$$

$$Pv_j[i] = \iota(\Delta v[i, j] = 1)$$

$$Mv_j[i] = \iota(\Delta v[i, j] = -1)$$

ただし， ι は引数の式が真のときに 1，偽のときに 0 を返す関数である． $Eq_j[i]$ は文字 p_i と t_j が一致するかどうかを表している． $Pv_j[i]$ と $Mv_j[i]$ は，第 i 行目について，第 j 列目の要素から第 $j-1$ 列目の要素を引いたものが 1 か -1 かを表している．この値が 0 のとき， $Pv_j[i] = 0$ かつ $Mv_j[i] = 0$ である．命題 1 から， Pv_j と Mv_j によって DP 行列を表すことができることが分かる．

DP 行列の隣り合う 4 つの成分 $C[i-1, j-1], C[i, j-1], C[i-1, j], C[i, j]$ を 1 つのブロックとして考える． $\Delta v_{out} = \Delta v[i, j], \Delta v_{in} = \Delta v[i, j-1]$ とし，また，DP 行列の行についても列と同様の概念を用いて， $\Delta h_{out} = \Delta h[i, j], \Delta h_{in} = \Delta h[i-1, j]$ とする．このとき，

$$\Delta v_{out} = \min\{-Eq_j[i], \Delta v_{in}, \Delta h_{in}\} + (1 - \Delta h_{in})$$

および

$$\Delta h_{out} = \min\{-Eq_j[i], \Delta v_{in}, \Delta h_{in}\} + (1 - \Delta v_{in})$$

である．ここで，

$$Xv = Eq_j[i] \vee \iota(\Delta v_{in} = -1),$$

$$Xh = Eq_j[i] \vee \iota(\Delta h_{in} = -1)$$

とすると， Pv および Mv と，同様に定義される Ph および Mh について次が成り立つ．

$$Pv_{out} = Mh_{in} \vee \neg(Xv \vee Ph_{in})$$

$$Mv_{out} = Ph_{in} \wedge Xv$$

$$Ph_{out} = Mv_{in} \vee \neg(Xh \vee Pv_{in})$$

$$Mh_{out} = Pv_{in} \wedge Xh$$

ただし， $A \vee B$ は $A = 1$ または $B = 1$ のとき 1，その他のとき 0 を， $A \wedge B$ は $A = 1$ かつ $B = 1$ のとき 1，その他のとき 0 を， $\neg A$ は $A = 0$ のとき 1，その他のとき 0 をとるものとする．

また， p_i がどの文字であるかを参照するための表

$$Peq(s)[i] = \iota(s = p_i)$$

を作成しておく．ただし， $1 \leq i \leq m$ かつ $s \in \Sigma$ である．

本アルゴリズムは大きく 2 つの段階から構成される．初期条件により， $1 \leq i \leq m$ について $Pv_0[i] = 1$ かつ， $1 \leq j \leq n$ について $Ph_j[0] = Mh_j[0] = 0$ である．

(1) $(Ph_j[i], Mh_j[i])$ を， $(Pv_{j-1}[i], Mv_{j-1}[i])$ と

$$Xh_j[i] = \begin{cases} 1 & (Peq(t_j)[i] = 1) \\ 0 & (Mh_j[i-1] = 1) \end{cases}$$

から， $Ph_j[i] = Mv_{j-1}[i] \vee \neg(Xh_j[i] \vee Pv_{j-1}[i])$ および $Mh_j[i] = Pv_{j-1}[i] \wedge Xh_j[i]$ によって求める．これを用いて $C[m, j]$ の値を

$$C[m, j] = C[m, j-1] + \begin{cases} 1 & (Ph_j[m] = 1) \\ -1 & (Mh_j[m] = 1) \end{cases}$$

によって更新する．

(2) $(Pv_j[i], Mv_j[i])$ を， $(Ph_j[i], Mh_j[i])$ と

$$Xv_j[i] = \begin{cases} 1 & (Peq(t_j)[i] = 1) \\ 0 & (Mv_{j-1}[i] = 1) \end{cases}$$

から， $Pv_j[i] = Mh_j[i-1] \vee \neg(Xv_j[i] \vee Ph_j[i-1])$ および $Mv_j[i] = Ph_j[i-1] \wedge Xv_j[i]$ によって求める．

ここで， Xv_j は $Peq(t_j)$ と 1 つ前の列から得られる Mv_{j-1} から求めることができるが， Xh_j を求めるには Mh_j が必要であり，また， Mh_j を求めるには Xh_j が必要となる．そこで， Xh_j を， Pv_{j-1} と $Peq(t_j)$ から

$$\begin{aligned} Xh_j &= (((Peq(t_j) \wedge Pv_{j-1}) + Pv_{j-1}) \text{ xor } Pv_{j-1}) \\ &\quad \vee Peq(t_j) \end{aligned}$$

によって求める．ただし， $A \text{ xor } B$ は $A \neq B$ のとき 1，その他のとき 0 をとるものとする．

ある要素についての OR, AND, XOR, および, NOT の演算は，ビット列についての演算として並行して行うことができる．DP 行列の計算の帰納的な部分は，行については段階 2 においてシフト演算によって行われ，列については段階 1 において Xh_j を求める際の + の演算によって行われる．長さがワード長 w を超えないビット列についての演算は定数時間で行うことができると仮定すると，各列についての 2 つの段階からなる計算は $O(\lceil m/w \rceil)$ 時間で行われるので， $1 \leq j \leq n$ について $C[m, j]$ を求めるには $O(\lceil m/w \rceil n)$ 時間が必要である．また，前処理として行列 Eq の値を求めなければならないが， $Peq(s)$ を導入することで $O(|\Sigma| m)$ 時間で計算できる．

4.3 アライメントアルゴリズムへの拡張

前節での議論からも分かるとおり，アライメントとしての編集転写は DP 行列から自明に求められるわけではない．ビットパラレル手法では，DP 行列の要素のうち明示的に値が求められるのは最後の行のみであり，4.1 節で用いた単純な方法では，アライメントを求めるために必要な情報を得ることができない．ト

レースバックのための計算を新たに加えると、ビットパラレル手法による高速化の効果がなくなってしまう場合がある。ここでは、前節の Myers のアルゴリズムをアライメントアルゴリズムへ拡張する。

我々は、編集転写の候補が、前小節のアルゴリズムにおいて用いられた行列 Eq, Pv, Mv によって制限されることに注目した。

補題 3 $\tau, \rho_1, \rho_2, \rho_3$ を、それぞれ、文字列 $p_{1,i}$ から $t_{1,j}$, $p_{1,i-1}$ から $t_{1,j-1}$, $p_{1,i-1}$ から $t_{1,j}$, $p_{1,i}$ から $t_{1,j-1}$ への編集距離に対応する編集転写とする。このとき、以下が成り立つ。

- (1) $Eq[i, j] = 1$ ならば、 $\tau = \rho_1 M$ である。
- (2) $Eq[i, j] = 0$ かつ $Pv_j[i] = 1$ ならば、 $\tau = \rho_2 D$ かつ $\tau \neq \rho_1 M$ である。
- (3) $Eq[i, j] = 0$ かつ $Pv_j[i] \neq 1$ かつ $Mv_{j-1}[i] \neq 1$ ならば、 $\tau = \rho_1 R$ かつ $\tau \neq \rho_1 M$ かつ $\tau \neq \rho_2 D$ である。
- (4) $Eq[i, j] = 0$ かつ $Pv_j[i] \neq 1$ かつ $Mv_{j-1}[i] = 1$ ならば、 $\tau = \rho_3 I$ かつ $\tau \neq \rho_1 M$ かつ $\tau \neq \rho_2 D$ かつ $\tau \neq \rho_1 R$ である。

証明 $Eq[i, j] = 1$ と $\tau = \rho_1 M$ が同値であることから、(1) は明らかである。上に加えて、 $Pv_j[i] = 1$ と $\tau = \rho_2 D$ が同値であることから (2) を得る。これらの場合以外は、 τ は $\rho_1 R$ か $\rho_3 I$ のいずれかであるが、 $Mv_{j-1}[i] \neq 1$ のとき、 $C[i-1, j-1] \leq C[i, j-1]$ であるから、 $\tau = \rho_1 R$ である。また、 $Mv_{j-1}[i] = 1$ のとき、 $C[i-1, j-1] > C[i, j-1]$ であるから、 $\tau \neq \rho_1 R$ かつ $\tau = \rho_3 I$ である。□

本論文で提案するアルゴリズムは以下のとおりである。まず、前節のアルゴリズムによって DP 行列の最後の行 $C[m, j]$ ($0 \leq j \leq n$) を求める。この際、途中の計算で用いられる Pv と Mv を保持しておく。そして、 $i = m$ のとき $C[i, j] \leq \delta$ となるすべての j について、以下の手順を再帰的に繰り返してトレースバックを行う。

- 1 $Eq[i, j] = 1$ のとき、 $i = i - 1, j = j - 1$ とし、 $\tau = \tau M$ とする
- 2 それ以外の場合、
 - 2-1 $Pv_j[i] = 1$ のとき、 $i = i - 1$ とし、 $\tau = \tau D$ とする
 - 2-2 それ以外の場合、
 - 2-2-1 $Mv_{j-1}[i] \neq 1$ のとき、 $i = i - 1, j = j - 1$ とし、 $\tau = \tau R$ とする
 - 2-2-2 それ以外の場合、 $j = j - 1$ とし、 $\tau = \tau I$ とする

これによりアライメントへ拡張されたアルゴリズム

Procedure Bit-Parallel Alignment Algorithm

inputs: $p = p_1 \cdots p_m \in \Sigma^+$,
 $t = t_1 \cdots t_n \in \Sigma^+$, δ, Σ ;
 outputs: $\tau_1, \dots, \tau_k \in \{I, D, R, M\}^+$;

Compute $C[m, 0], \dots, C[m, n]$ by Bit-Parallel Algorithm;

```

i = m ; k = 1 ;
for j s.t. C[i, j] ≤ δ do {
  τ = ε ;
  while (i, j ≥ 1) {
    if (Eq[i, j] = 1) {
      i = i - 1 ; j = j - 1 ; τ = τM
    } else if (Pv_j[i] = 1) {
      i = i - 1 ; τ = τD ;
    } else if (Mv_{j-1}[i] ≠ 1) {
      i = i - 1 ; j = j - 1 ; τ = τR ;
    } else {
      j = j - 1 ; τ = τI ;
    }
  }
  τ_k = τ^{-1} ; k = k + 1 ;
}

```

図 4 ビットパラレル手法によるアライメントアルゴリズム
 Fig. 4 Alignment algorithm by bit-parallelism.

の概要を図 4 に示す。

定理 1 Bit-Parallel Alignment Algorithm は近似文字列照合問題に対するアライメントアルゴリズムである。

証明 補題 3 から、トレースバックのための手順によって選ばれる編集転写が正規形であることが分かる。また、補題 2 および補題 1 から、このアルゴリズムによって得られる出力は、代表近似出現に対する編集転写であることが分かる。□

5. 実験

本論文で提案したビットパラレル手法によるアライメントアルゴリズム Bit-Parallel Alignment Algorithm と、動的計画法に基づく単純なアルゴリズム Naive Alignment Algorithm を C 言語で実装し、動作時間の比較実験を行った。使用した計算機は ThinkPad X31 (インテル^(R)Pentium^(R) プロセッサ 1.7 GHz, 2 GB メモリ容量, ワード長 32) で、OS は Unix 操作システムである。入力は、アルファベットを $\Sigma = \{a, b, \dots, z\}$ として、 Σ 上の長さ $n = 80000$ の文字列 t と、長さ $m = 5$ から 63 のランダムに生成した文字列とした。出力は、 p との編集距離がある閾値以下の近似出現すべてについてではなく、編集距離が最も小さいもの 1 つについて編集転写を返すものとした。閾値を用いる場合は、トレースバックについての同様の計算を繰り返せばよい。

表 1 2つのアルゴリズムの計算時間の比較(単位:秒)
Table 1 Computing time of the alignment algorithms (sec).

m	5	10	16	24	32	46	52	63
Naive Alignment Algorithm	23.0	47.0	72.0	109.0	142.0	205.0	234.0	283.0
Bit-Parallel Alignment Algorithm	6.2	6.3	6.3	6.7	6.8	8.2	8.2	8.3

実験結果を表 1 に示す。ただし、各値はそれぞれ 10 回の試行の平均である。この結果から、Naive Alignment Algorithm では m が長くなるにつれて計算時間も長くなるが、Bit-Parallel Alignment Algorithm では、ワード長 $w = 32$ の前後で一定の値になっており、かつ、全体としてより高速であることが分かる。

6. 結 論

近似文字列照合問題に対するアライメントをビットパラレル手法によって求める高速なアルゴリズムを提案した。近似出現とアライメントについて正規形の概念を導入し、提案するアルゴリズムによってその正規形が求められることを証明した。また、プログラムとして実装を行い、単純な手法によるアルゴリズムとの計算時間の比較を行った。

実験から、提案するアルゴリズムは単純なアルゴリズムに比べて高速であることが分かったが、DP 行列の計算についての他の高速化(たとえば、DP 行列の斜めの線に並んだ、互いに依存しない要素の計算の単純な並列化や、いくつかの文字列についての編集距離の表をあらかじめ持っておく手法⁶⁾)との比較が今後の課題である。

参 考 文 献

- 1) Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W. and Lipman, D.J.: Basic local alignment search tool, *J. Mol. Biol.*, Vol.215, No.3, pp.403–410 (1990).
- 2) Baeza-Yates, R. and Gonnet, G.H.: A new approach to text searching, *Comm. ACM*, Vol.35, No.10, pp.74–82 (1992).
- 3) Crochemore, M. and Rytter, W.: *Text Algorithms*, Oxford University Press, New York (1994).
- 4) Gusfield, D.: *Algorithms on Strings, Trees and Sequences*, Cambridge University Press, New York (1997).
- 5) Hyrö, H.: A note on bit-parallel alignment computation, *Proc. Prague Stringology Conference '04 (PSC2004)* (2004).
- 6) Masek, W.J. and Paterson, M.S.: A faster algorithm for computing string edit distance, *J. Comput. Syst. Sci.*, Vol.20, No.1, pp.18–31 (Feb.

1980).

- 7) Myers, G.: A fast bit-vector algorithm for approximate string matching based on dynamic programming, *J. ACM*, Vol.46, No.3, pp.395–415 (1999).
- 8) Navarro, G.: A guided tour to approximate string matching, *ACM Comput. Surv.*, Vol.33, No.1, pp.31–88 (2001).
- 9) Needleman, S.B. and Wunsch, C.D.: A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequences of two proteins, *J. Mol. Biol.*, Vol.48, pp.443–453 (1970).
- 10) Pearson, W.R. and Lipman, D.J.: Improved tools for biological sequence comparison, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, Vol.85, pp.2444–2448 (Apr. 1988).
- 11) Smith, T.F. and Waterman, M.S.: Identification of common molecular subsequences, *J. Mol. Biol.*, Vol.147, pp.195–197 (1981).
- 12) Ukkonen, E.: Identification of common molecular subsequences, *J. Algorithms*, Vol.6, No.1, pp.132–137 (1985).
- 13) Wagner, R.A. and Fischer, M.J.: The string-to-string correction problem, *J. ACM*, Vol.21, No.1, pp.168–173 (1974).

(平成 17 年 2 月 10 日受付)

(平成 17 年 3 月 31 日再受付)

(平成 17 年 4 月 19 日採録)



馬場 謙介 (正会員)

2002 年九州大学大学院システム情報科学研究科情報理学専攻博士課程修了。博士(理学)。現在、九州大学大学院システム情報科学研究科情報理学部門助手。文字列処理アルゴリズムに関する研究に従事。

リズムに関する研究に従事。



于 雲青

2001 年九州大学大学院システム情報科学研究科電気電子システム工学専攻博士課程了。博士(工学)。現在、九州大学情報基盤センター学術研究員。ホモロジーサーチ, アルゴ

リズム, 高性能計算科学技術計算等の研究に従事。



村上 和彰(正会員)

1984 年京都大学大学院工学研究科情報工学専攻修士課程修了。博士(工学)。現在、九州大学大学院システム情報科学研究院情報理学部門教授, 九州大学情報基盤センター長。

東京大学教授併任。コンピュータアーキテクチャ, 高性能計算科学技術計算, システム LSI 工学等の研究開発に従事。
