

Санкт-Петербургский государственный университет

Математическое обеспечение и администрирование
информационных систем

Системное программирование

Сусанина Юлия Алексеевна

Оптимизация алгоритмов синтаксического анализа, основанных на матричных операциях

Дипломная работа

Научный руководитель:
к. ф.-м. н., доцент Григорьев С. В.

Рецензент:
научный координатор Центра Компьютерных Наук TUCS Бараш М. Л.

Санкт-Петербург
2019

SAINT-PETERSBURG STATE UNIVERSITY

Software and Administration of Information Systems

Software Engineering

Yulia Susanina

Optimization of parsing by matrix multiplication

Graduation Thesis

Scientific supervisor:
Assistant Professor Semyon Grigorev

Reviewer:
Ph.D., Scientific Coordinator, Turku Center for Computer Science Mikhail Barash

Saint-Petersburg
2019

Оглавление

Введение	4
1. Постановка задачи	6
2. Обзор	7
2.1. Терминология	7
2.2. Алгоритм Валианта	7
2.3. Алгоритм Явейн	9
2.4. Применение в биоинформатике и задача поиска подстрок	12
3. Доказательство корректности и оценка сложности	13
4. Анализ эффективности применения к задаче поиска подстрок	18
5. Реализация	20
5.1. Последовательная версия	20
5.2. Параллельная версия	20
6. Эксперименты	21
6.1. Сравнительный анализ	22
6.2. Применимость к задаче поиска подстрок	24
7. Заключение	26
Список литературы	27

Введение

Теория формальных языков активно изучается и находит широкое применение во многих областях, прежде всего, для описания языков программирования и естественных языков. Также существует множество исследований, которые показывают эффективность использования формальных языков в биоинформатике для решения задач распознавания и классификации, некоторые из которых основаны на том, что вторичная структура геномных последовательностей содержит в себе важную информацию об организме. Характерные особенности вторичной структуры могут быть описаны с помощью некоторой контекстно-свободной (КС) грамматики, что позволяет свести проблему распознавания и классификации к задаче синтаксического анализа (определения принадлежности некоторой строки к языку, заданному грамматикой) [9, 4, 13]. Часто необходимо не просто проверить выводимость конкретной строки, но и найти все подстроки, принадлежащие некоторому формальному языку [3].

Большинство подходов к анализу биологических цепочек, которые основаны на синтаксическом анализе, сталкиваются с одной и той же проблемой: низкая производительность. Чаще всего в них применяется алгоритм СУК [8, 15], который работает за кубическое время и неэффективен на длинных строках и для больших грамматик [10]. Необходимым требованием таких областей применения, как биоинформатика, является обработка больших объёмов данных, что приводит к необходимости усовершенствования существующих методов синтаксического анализа. Более того, некоторые особенности вторичной структуры не могут быть выражены с помощью КС-грамматик и требуют применения других классов грамматик [16].

На данный момент одним из самых быстрых алгоритмов, работающих с любой КС-грамматикой, является алгоритм Валианта [14]. Также данный алгоритм можно легко расширить для конъюнктивных и булевых грамматик, которые обладают большей выразительностью [11]. Однако в связи с сложностью применения к выше упомянутой задаче

поиска всех подстрок и отсутствия эффективной реализации алгоритм Валианта достаточно редко используется на практике, несмотря на широкие теоретические возможности.

В лаборатории языковых инструментов JetBrains, СПбГУ [7], Анной Явейн был предложен алгоритм, являющийся модификацией алгоритма Валианта [17] и обладающий определенными преимуществами, такими как легкость адаптации к задаче поиска подстрок и возможность повысить использование GPGPU и параллельных вычислений.

1. Постановка задачи

Целью данной работы является исследование алгоритма Явейн, являющегося модификацией алгоритма Валианта. Для её достижения были поставлены следующие задачи.

- Изучить алгоритм Явейн.
- Доказать корректность алгоритма Явейн и дать оценку сложности.
- Проанализировать эффективность применения этого алгоритма и алгоритма Валианта к задаче поиска подстрок.
- Реализовать последовательную и параллельную версии алгоритмов Валианта и Явейн.
- Экспериментальное исследование алгоритма Явейн.

2. Обзор

В данном разделе мы введем основные определения из теории формальных языков и опишем алгоритмы синтаксического анализа, рассматриваемые в данной работе: алгоритмы Валианта и Явейн. Также мы отметим области применения данных алгоритмов и остановимся на биоинформатике, в частности, задаче поиска подстрок.

2.1. Терминология

Алфавитом Σ будем называть некоторое конечное множество символов. Σ^* — это множество всех конечных строк над алфавитом Σ .

Контекстно-свободная (КС) грамматика — четверка (Σ, N, R, S) , где Σ — конечное множество терминальных символов, N — конечное множество нетерминальных символов, R — конечное множество правил вида $A \rightarrow \beta$, где $A \in N$, $\beta \in V^*$, $V = \Sigma \cup N$ и $S \in N$ — стартовый символ.

КС-грамматика $G_S = (\Sigma, N, R, S)$ называется грамматикой в нормальной форме Хомского, если все ее правила имеют одну из следующих форм: $A \rightarrow BC$, $A \rightarrow a$, или $S \rightarrow \varepsilon$, где $A, B, C \in N$, $a \in \Sigma$ и ε — пустая строка.

$L_G(A) = \{\omega | A \xrightarrow{*} \omega\}$ — язык, порождаемый грамматикой $G_A = (\Sigma, N, R, A)$, где $A \xrightarrow{*} \omega$ означает, что ω может быть получена из нетерминала A путем применения некоторой последовательности правил из R .

2.2. Алгоритм Валианта

Основной задачей синтаксического анализа является определение принадлежности некоторой строки языку, заданному грамматикой.

Алгоритм Валианта относится к табличным методам синтаксического анализа, которым на вход обычно подается грамматика в нормальной форме Хомского $G_S = (\Sigma, N, R, S)$ и некоторая строка $a_1 \dots a_n$, где $n + 1$ — степень двойки. Результатом работы данного алгоритма является верхнетреугольная матрица разбора T , элементами которой явля-

ются подмножества нетерминалов. Каждый элемент отвечает за вывод конкретной подстроки: $T_{i,j} = \{A | A \in N, a_{i+1} \dots a_j \in L_G(A)\} \quad \forall i < j$.

Элементы инициализируются пустыми множествами. Сначала заполняется диагональ: $T_{i-1,i} = \{A | A \rightarrow a_i \in R\}$. Затем, матрица начинает последовательно заполняться по формуле: $T_{i,j} = f(P_{i,j})$, где $P_{i,j} = \bigcup_{k=i+1}^{j-1} T_{i,k} \times T_{k,j}$ и $f(P_{i,j}) = \{A | \exists A \rightarrow BC \in R : (B, C) \in P_{i,j}\}$.

Входная строка $a_1 a_2 \dots a_n$ принадлежит языку $L_G(S)$ тогда и только тогда, когда $S \in T_{0,n}$.

Если все элементы данной матрицы заполнять последовательно, то вычислительная сложность данного алгоритма будет составлять $O(n^3)$. Валиант немного изменил порядок вычисления элементов, за счет чего смог свести самую затратную по времени операцию $\bigcup_{k=i+1}^{j-1} T_{i,k} \times T_{k,j}$ к задаче умножения некоторого количества булевых матриц.

Определим перемножение двух подматриц матрицы разбора T следующим образом: пусть $X \in (2^N)^{m \times l}$ и $Y \in (2^N)^{l \times n}$ — подматрицы T , тогда $X \times Y = Z$, где $Z \in (2^{N \times N})^{m \times n}$ и $Z_{i,j} = \bigcup_{k=1}^l X_{i,k} \times Y_{k,j}$.

Теперь можно представить вычисление $X \times Y$ как перемножение $|N|^2$ булевых матриц (для каждой пары нетерминалов). Определим матрицу, соответствующую паре $(B, C) \in N \times N$, как $Z^{(B,C)}$, тогда $Z_{i,j}^{(B,C)} = 1$ тогда и только тогда, когда $(B, C) \in Z_{i,j}$. Заметим также, что $Z^{(B,C)} = X^B \times Y^C$. Каждое такое перемножение может совершаться абсолютно независимо. С этими изменениями сложность алгоритма будет составлять $\mathcal{O}(|G|BMM(n)\log(n))$ для строки длины n , где $BMM(n)$ — количество операций, необходимое для перемножения двух булевых матриц размера $n \times n$.

Опишем алгоритм Валинта более подробно (Алгоритм 1). Все элементы матриц T и P заполняются с помощью двух рекурсивных процедур. Процедура $compute(l, m)$ корректно заполняет $T_{i,j}$ для всех $l \leq i < j < m$. Процедура $complete(l, m, l', m')$ вычисляет $T_{i,j}$ для всех $l \leq i < m$, $l' \leq j < m'$. Предполагается, что $T_{i,j}$ для всех $l \leq i < j < m, l' \leq i < j < m'$ уже корректно заполнены и $P_{i,j} = \{(B, C) | \exists k, (m \leq k <$

$l'), a_{i+1} \dots a_k \in L(B), a_{k+1} \dots a_j \in L(C)\}$ для всех $l \leq i < m, l' \leq j < m'$.

Алгоритм 1: Алгоритм Валианта

Input: Грамматика $G = (\Sigma, N, R, S), w = a_1 \dots a_n, n \geq 1, a_i \in \Sigma$, где $n + 1 = 2^k$

```

1 main():
2   compute(0,  $n + 1$ );
3   accept if and only if  $S \in T_{0,n}$ 

4   compute( $l, m$ ):
5     if  $m - l \geq 4$  then
6       compute( $l, \frac{l+m}{2}$ );
7       compute( $\frac{l+m}{2}, m$ )
8     end
9     complete( $l, \frac{l+m}{2}, \frac{l+m}{2}, m$ )

10  complete( $l, m, l', m'$ ):
11    if  $m - l = 4$  and  $m = l'$  then  $T_{l,l+1} = \{A | A \rightarrow a_{l+1} \in R\}$ ;
12    else if  $m - l = 1$  and  $m < l'$  then  $T_{l,l'} = f(P_{l,l'})$ ;
13    else if  $m - l > 1$  then
14      leftgrounded =  $(l, \frac{l+m}{2}, \frac{l+m}{2}, m)$ , rightgrounded =  $(l', \frac{l'+m'}{2}, \frac{l'+m'}{2}, m')$ ,
15      bottom =  $(\frac{l+m}{2}, m, l', \frac{l'+m'}{2})$ , left =  $(l, \frac{l+m}{2}, l', \frac{l'+m'}{2})$ ,
16      right =  $(\frac{l+m}{2}, m, \frac{l'+m'}{2}, m')$ , top =  $(l, \frac{l+m}{2}, \frac{l'+m'}{2}, m')$ ;
17      complete(bottom);
18       $P_{\text{left}} = P_{\text{left}} \cup (T_{\text{leftgrounded}} \times T_{\text{bottom}})$ ;
19      complete(left);
20       $P_{\text{right}} = P_{\text{right}} \cup (T_{\text{bottom}} \times T_{\text{rightgrounded}})$ ;
21      complete(right);
22       $P_{\text{top}} = P_{\text{top}} \cup (T_{\text{leftgrounded}} \times T_{\text{right}})$ ;
23       $P_{\text{top}} = P_{\text{top}} \cup (T_{\text{left}} \times T_{\text{rightgrounded}})$ ;
24      complete(top)
25  end

```

2.3. Алгоритм Явейн

Теперь рассмотрим алгоритм, являющийся модификацией алгоритма Валианта. Его главным отличием является возможность разбиения матрицы разбора на слои непересекающихся подматриц.

Заполнение слоев происходит последовательно, снизу вверх. Слой состоит из квадратных подматриц размера 2^n , $n > 0$. На момент начала заполнения слоя нижняя часть матриц (*bottom*) уже заполнена, так как принадлежит предыдущему слою, поэтому эти слои мы также будем называть V-образными. Пример разбиения матрицы разбора

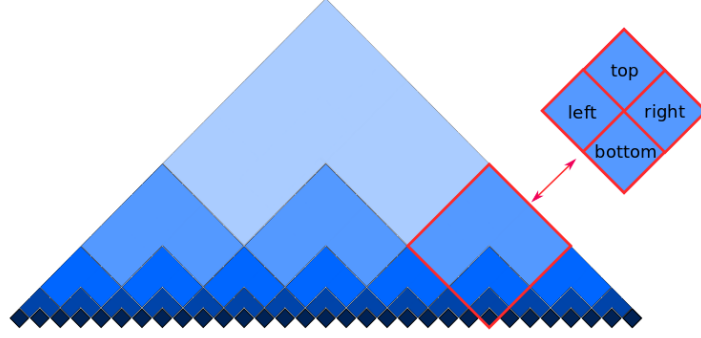


Рис. 1: Деление матриц на V-образные слои

на слои показан на рис. 1. Заметим, что каждую матрицу слоя можно обрабатывать параллельно.

Пример работы алгоритма показан на рис. 2. Нижний слой, состоящий из подматриц размера 1, вычисляется заранее, а заполнение матрицы начинается со второго слоя. (Здесь и далее, под слоем матриц будем понимать некоторое множество её подматриц разбора.) Более того, на рис. 4 на каждом шаге изображены операции, которые могут быть выполнены независимо, что позволяет значительно упростить разработку параллельной версии алгоритма.

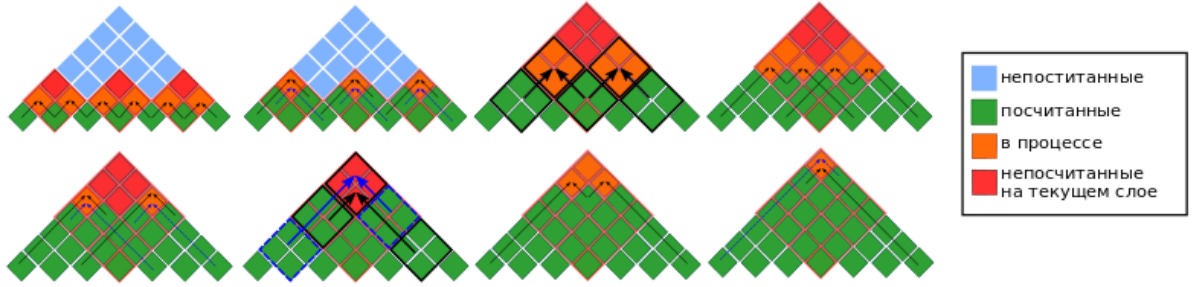


Рис. 2: Деление матриц на V-образные слои

Функция $main()$ (Алгоритм 2) заполняет диагональ: $(T_{l,l+1})$, затем делит матрицу на слои и вычисляет их с помощью процедуры $completeVLayer()$.

Дополнительные функции $left(subm)$, $right(subm)$, $top(subm)$, $bottom(subm)$, $rightgrounded(subm)$ and $leftgrounded(subm)$ возвращают подматрицы матрицы $subm = (l, m, l', m')$ аналогично алгоритму 1.

Процедура $completeVLayer(M)$ на вход принимает слой (массив подматриц) M и для каждой $subm = (l, m, l', m') \in M$ заполняет $left(subm)$, $right(subm)$, $top(subm)$. Предполагается, что $bottom(subm)$ и $T_{i,j}$ для всех i, j , таких что $l \leq i < j < m$, $l' \leq i < j < m'$ уже корректно вычислены и $P_{i,j} = \{(B, C) | \exists k, (m \leq k < l'), a_{i+1} \dots a_k \in L_G(B), a_{k+1} \dots a_j \in L_G(C)\}$ для всех i, j , таких что $l \leq i < m$, $l' \leq j < m'$.

Алгоритм 2: Алгоритм Явейн

Input: Грамматика $G = (\Sigma, N, R, S)$, $w = a_1 \dots a_n$, $n \geq 1$, $a_i \in \Sigma$, где $n + 1 = 2^p$

```

1 main():
2 for  $l \in \{1, \dots, n\}$  do  $T_{l,l+1} = \{A | A \rightarrow a_{l+1} \in R\}$ ;
3 for  $1 \leq i < p - 1$  do
4      $layer = constructLayer(i)$ ;
5      $completeVLayer(layer)$ 
6 end
7 accept if and only if  $S \in T_{0,n}$ 
8 constructLayer(i):
9  $\{(k2^i, (k+1)2^i, (k+1)2^i, (k+2)2^i) | 0 \leq k < 2^{p-i} - 1\}$ 
10 completeLayer(M):
11 if  $\forall (l, m, l', m') \in M \quad (m - l = 1)$  then
12     for  $(l, m, l', m') \in M$  do  $T_{l,l'} = f(P_{l,l'})$ ;
13 end
14 else
15      $completeLayer(\{bottom(subm) | subm \in M\})$ ;
16      $completeVLayer(M)$ 
17 end
18 completeVLayer(M):
19  $multiplicationTasks_1 =$ 
     $\{left(subm), leftgrounded(subm), bottom(subm) | subm \in M\} \cup$ 
     $\{right(subm), bottom(subm), rightgrounded(subm) | subm \in M\}$ ;
20  $multiplicationTask_2 = \{top(subm), leftgrounded(subm), right(subm) | subm \in M\}$ ;
21  $multiplicationTask_3 = \{top(subm), left(subm), rightgrounded(subm) | subm \in M\}$ ;
22  $performMultiplications(multiplicationTask_1)$ ;
23  $completeLayer(\{left(subm) | subm \in M\} \cup \{right(subm) | subm \in M\})$ ;
24  $performMultiplications(multiplicationTask_2)$ ;
25  $performMultiplications(multiplicationTask_3)$ ;
26  $completeLayer(\{top(subm) | subm \in M\})$ 
27 performMultiplication(tasks):
28 for  $(m, m1, m2) \in tasks$  do  $P_m = P_m \cup (T_{m1} \times T_{m2})$ ;
```

Процедура $completeLayer(M)$ также принимает массив матриц M , но

заполняет $T_{i,j}$ для всех $(i, j) \in \text{subm}$. Ограничение на $T_{i,j}$ and $P_{i,j}$ такие же, как в предыдущем случае, кроме условия на $\text{bottom}(\text{subm})$.

Другими словами, $\text{completeVLayer}(M)$ отвечает за заполнение слоя M , а $\text{completeLayer}(M_2)$ — вспомогательная функция для вычисления для вычисления меньших матриц внутри слоя M .

Теперь обратим внимание на процедуру $\text{performMultiplication}(\text{tasks})$, где tasks — массив троек подматриц, реализующий основной шаг алгоритма: перемножение матриц. Здесь $|\text{tasks}| \geq 1$ и каждый $\text{task} \in \text{tasks}$ может быть выполнен параллельно, в отличие от алгоритма Валианта.

2.4. Применение в биоинформатике и задача поиска подстрок

Вторичная структура (определенный способ укладки биологической цепочки в сложную, упорядоченную структуру) генетических последовательностей, например, РНК, тесно связана с биологическими функциями организма, поэтому анализ таких последовательностей играет существенную роль в задачах распознавания и классификации.

Характерные черты вторичной структуры могут быть описаны с помощью КС-грамматики и, следовательно, часть подходов для анализа генетических последовательностей основаны на синтаксическом анализе. Главным недостатком таких подходов являются существенные проблемы с производительностью [3], которые можно решить с помощью алгоритма Валианта.

Однако часто задачей является нахождение не одной, а всех подпоследовательностей, обладающих этими чертами, для которой алгоритм Валианта плохо применим, так как его трудно остановить на определенном этапе заполнения матрицы разбора и это потребует много лишних перемножений матриц. Предполагается, что алгоритм Явейн должен решить эту проблему, но сначала надо показать, что он не утратил преимущества исходного алгоритма.

3. Доказательство корректности и оценка сложности

В данном разделе мы приведем доказательство корректности алгоритма Явейн и дадим оценку его вычислительной сложности.

Лемма 1. Если $completeLayer(M')$ с выполненными ограничениями:

1. $T_{i,j} = \{A | a_{i+1} \dots a_j \in L_G(A)\}$ для всех i и j , таких что $l1 \leq i < j < m1$ и $l2 \leq i < j < m2$;
2. $P_{i,j} = \{(B, C) | \exists k, (m1 \leq k < l2) : a_{i+1} \dots a_k \in L_G(B), a_{k+1} \dots a_j \in L_G(C)\}$ для всех $l1 \leq i < m1$ и $l2 \leq j < m2$.

возвращает корректно заполненные $T_{i,j}$ для всех $l1 \leq i \leq m1$ и $l2 \leq j \leq m2$ для всех $(l1, m1, l2, m2) \in M'$ для любого слоя M' и для слоя M выполняется, что:

1. $T_{i,j} = \{A | a_{i+1} \dots a_j \in L_G(A)\}$ для всех i и j , таких что $l \leq i < j < m$ и $l' \leq i < j < m'$ и для $(i, j) \in bottom(M)$;
2. $P_{i,j} = \{(B, C) | \exists k, (m \leq k < l') : a_{i+1} \dots a_k \in L_G(B), a_{k+1} \dots a_j \in L_G(C)\}$ для всех $l \leq i < m$ и $l' \leq j < m'$.

Тогда процедура $completeVLayer(M)$ возвращает корректно заполненные $T_{i,j}$ для всех $l \leq i \leq m$ и $l' \leq j \leq m'$ для всех $(l, m, l', m') \in M$.

Доказательство. Сначала $performMultiplications(multiplicationTask_1)$ добавит к каждому $P_{i,j}$ все пары (B, C) , такие что $\exists k, (\frac{l+m}{2} \leq k < l')$, $a_{i+1} \dots a_k \in L_G(B)$, $a_{k+1} \dots a_j \in L_G(C)$ для всех $(i, j) \in leftsublayer(M)$ and (B, C) , такие что $\exists k, (m \leq k < \frac{l'+m'}{2})$, $a_{i+1} \dots a_k \in L_G(B)$, $a_{k+1} \dots a_j \in L_G(C)$ для всех $(i, j) \in rightsublayer(M)$. Теперь, так как все ограничения соблюдены, можно вызвать $completeLayer(leftsublayer(M) \cup rightsublayer(M))$ и она вернет корректно заполненные $leftsublayer(M) \cup rightsublayer(M)$.

Далее $performMultiplications$ вызванная от аргументов $multiplicationTask_2$ и $multiplicationTask_3$ добавит все пары (B, C) , такие

что $\exists k, (\frac{l+m}{2} \leq k < m), a_{i+1} \dots a_k \in L_G(B), a_{k+1} \dots a_j \in L_G(C)$ и (B, C) , такие что $\exists k, (l' \leq k < \frac{l'+m'}{2}), a_{i+1} \dots a_k \in L_G(B), a_{k+1} \dots a_j \in L_G(C)$ к каждому $P_{i,j}$ для всех $(i, j) \in \text{topsublayer}(M)$. Так как $m = l'$ (из построения слоя), ограничения на элементы P выполнены. И процедура $\text{completeLayer}(\text{topsublayer}(M))$ может быть вызвана и она вернет корректно заполненные $\text{topsublayer}(M)$.

Теперь $T_{i,j} \forall (i, j) \in M$ заполнены корректно.

□

Теорема 1. Пусть M — слой. Если для всех $(l, m, l', m') \in M$:

1. $T_{i,j} = \{A | a_{i+1} \dots a_j \in L_G(A)\}$ для всех i и j , таких что $l \leq i < j < m$ и $l' \leq i < j < m'$;
2. $P_{i,j} = \{(B, C) | \exists k, (m \leq k < l') : a_{i+1} \dots a_k \in L_G(B), a_{k+1} \dots a_j \in L_G(C)\}$ для всех $l \leq i < m$ и $l' \leq j < m'$.

Тогда процедура $\text{completeLayer}(M)$ возвращает корректно заполненные $T_{i,j}$ для всех $l \leq i \leq m$ и $l' \leq j \leq m'$ для всех $(l, m, l', m') \in M$.

Доказательство. (Индукция по $m - l$.)

Будем рассматривать одну матрицу (l, m, l', m') , так как для остальных матриц процесс заполнения будет проходить аналогично.

База индукции: $m - l = 1$. Необходимо вычислить всего один элемент и $P_{l,l'} = \{(B, C) | a_{l+1} \dots a_{l'} \in L(B)L(C)\}$. Алгоритм вычисляет $f(P[l, l']) = \{A | a_{l+1} \dots a_{l'} \in L(A)\}$ и $T[l, l']$ теперь заполнена корректно.

Индукционный переход: Предположим, что (l_1, m_1, l_2, m_2) корректно заполняются для всех $m_2 - l_2 = m_1 - l_1 < m - l$.

Рассмотрим вызов $\text{completeLayer}(M)$, где $m - l > 1$.

Все ограничения на вызов $\text{completeLayer}(\text{bottomsublayer}(M))$ выполнены и $T_{i,j}$ будут корректно заполнены для всех $(i, j) \in \text{bottomsublayer}(M)$. Стоит отдельно упомянуть, что условия теоремы позволяют корректно заполнить самый нижний элемент: $T_{m,l'}$ (аналогично тому, как это сделано в базе индукции). $\text{bottomsublayer}(M)$ теперь заполнен и можно вызвать $\text{completeVLayer}(M)$.

Все $T_{i,j}$ уже заполнены для всех i и j , таких что $l \leq i < j < m$ и $l' \leq i < j < m'$ из условий теоремы, следовательно теперь мы можем применить лемму 1. Это значит, что $T_{i,j} \forall (i,j) \in M$ будут заполнены корректно. \square

Теорема 2. Алгоритм из листинга 2 корректно заполняет $T_{i,j}$ для всех i и j , и входная строка $a = a_1 a_2 \dots a_n \in L_G(S)$ тогда и только тогда, когда $S \in T_{0,n}$.

Доказательство. Докажем по индукции, что все слои матрицы разбора T вычисляются корректно.

База индукции: Слой размера 1×1 корректно заполняется в строках 2-3 листинга 2.

Индукционный переход: Предположим, что все слои размера $\leq 2^{p-2} \times 2^{p-2}$ вычислены корректно.

Обозначим слой размера $2^{p-1} \times 2^{p-1}$ как M . Будем рассматривать одну матрицу слоя $subm = (l, m, l', m')$, так как для остальных подматриц их заполнение будет проходить аналогично.

Рассмотрим вызов процедуры $completeVLayer(M)$ call. $T_{i,j}$ для всех i и j , таких что $l \leq i < j < m$ и $l' \leq i < j < m'$, уже корректно заполнены, так как эти элементы лежат в слоях, которые уже вычислены по индукционному предположению.

Все условия леммы 1 и теоремы 1 выполнены. Следовательно, $completeVLayer(M)$ возвращает корректно заполненные $T_{i,j}$ для всех $(i,j) \in M$ для каждого слоя M матрицы разбора T и в строки 4-6 листинга 2 возвращают все $T_{i,j} = \{A | A \in N, a_{i+1} \dots a_j \in L_G(A)\}$. \square

Лемма 2. Пусть $calls_i$ — количество вызовов процедуры $completeVLayer(M)$, где для всех $(l, m, l', m') \in M$ выполняется $m - l = 2^{p-i}$.

- для всех $i \in \{1, \dots, p-1\}$ $\sum_{n=1}^{calls_i} |M| = 2^{2i-1} - 2^{i-1}$;
- для всех $i \in \{1, \dots, p-1\}$ матрицы размера $2^{p-i} \times 2^{p-i}$ перемножаются ровно $2^{2i-1} - 2^i$ раз.

Доказательство. Сначала докажем первое утверждение индукцией по i .

База индукции: $i = 1$. $calls_1$ и $|M| = 1$. So, $2^{2i-1} - 2^{i-1} = 2^1 - 2^0 = 1$.

Индукционный переход: предположим, что $\sum_{n=1}^{calls_i} |M| = 2^{2i-1} - 2^{i-1}$ для всех $i \in \{1, \dots, j\}$.

Рассмотрим $i = j + 1$.

Заметим, что функция $constructLayer(i)$ возвращает $2^{p-i} - 1$ matrices of size 2^i , то есть в вызове процедуры $completeVLayer(constructLayer(k - i))$ $constructLayer(k - i)$ вернет $2^i - 1$ матриц размера 2^{p-i} . Также, $completeVLayer(M)$ будет вызвано 3 раза для левых, правых и верхних подматриц матриц размера $2^{p-(i-1)}$. Кроме того, $completeVLayer(M)$ вызывается 4 раза для нижних, левых, правых и верхних подматриц матриц размера $2^{p-(i-2)}$, за исключением левых, правых и верхних подматриц матриц размера $2^{i-2} - 1$, которые к этому моменту уже были посчитаны.

Таким образом, $\sum_{n=1}^{calls_i} |M| = 2^i - 1 + 3 \times (2^{2(i-1)-1} - 2^{(i-1)-1}) + 4 \times (2^{2(i-2)-1} - 2^{(i-2)-1}) - (2^{i-2} - 1) = 2^{2i-1} - 2^{i-1}$.

Теперь мы знаем, что $\sum_{n=1}^{calls_{i-1}} |M|$ is $2^{2(i-1)-1} - 2^{(i-1)-1}$, и можем доказать второе утверждение: посчитаем количество перемножений матриц размера $2^{p-i} \times 2^{p-i}$. $performMultiplications$ вызывается 3 раза, $|multiplicationTask1| = 2 \times 2^{2(i-1)-1} - 2^{(i-1)-1}$ и $|multiplicationTask2| = |multiplicationTask3| = 2^{2(i-1)-1} - 2^{(i-1)-1}$. То есть, количество перемножений подматриц размера $2^{p-i} \times 2^{p-i}$ равно $4 \times (2^{2(i-1)-1} - 2^{(i-1)-1}) = 2^{2i-1} - 2^i$. \square

Теорема 3. Пусть $|G|$ — длина описания грамматики G , n — длина входной строки. Тогда алгоритм из листинга 2 заполняет матрицу разбора T за $\mathcal{O}(|G|BMM(n) \log n)$, где $BMM(n)$ — количество операций, необходимое для перемножения двух булевых матриц размера $n \times n$.

Доказательство. Так как в лемме 2 было показано, что количество перемножений матриц не изменилось по сравнению с исходной версией алгоритма Валианта, то доказательство будет идентично доказатель-

ству теоремы 1, приведенному Охотиным [11].

□

Таким образом, мы доказали корректность алгоритма Явейн, а также показали, что его сложность осталась прежней.

4. Анализ эффективности применения к задаче поиска подстрок

В данном разделе мы продемонстрируем, как алгоритм Явейн может быть применен к задаче поиска подстрок. Пусть мы хотим для входной строки размера $n = 2^p$ найти все подстроки размера s , которые принадлежат языку, заданному грамматикой G . Тогда мы должны посчитать слои подматриц, размер которых не превышает 2^r , где $2^{r-2} < s \leq 2^{r-1}$.

Пусть $r = p - (m - 2)$ и, следовательно, $(m - 2) = p - r$. Для всех $m \leq i \leq p$ перемножение матриц размера 2^{p-i} выполняется ровно $2^{2i-1} - 2^i$ раз и каждое из них включает перемножение $\mathcal{O}(|G|)$ булевых подматриц.

$$\begin{aligned} C \sum_{i=m}^p 2^{2i-1} \cdot 2^{\omega(p-i)} \cdot f(2^{p-i}) &= C \cdot 2^{\omega l'} \sum_{i=2}^r 2^{(2-\omega)i} \cdot 2^{2(p-r)-1} \cdot f(2^{r-i}) \leq \\ C \cdot 2^{\omega r} f(2^r) \cdot 2^{2(p-r)-1} \sum_{i=2}^r 2^{(2-\omega)i} &= BMM(2^r) \cdot 2^{2(p-r)-1} \sum_{i=2}^r 2^{(2-\omega)i} \end{aligned}$$

Временная сложность алгоритма для поиска всех подстрок длины s равна $\mathcal{O}(|G|2^{2(p-r)-1}BMM(2^r)(r-1))$, где появившийся дополнительный множитель обозначает количество матриц в последнем вычисленном слое, но он, во-первых, мал относительно общей работы алгоритма, во-вторых, не существенен, так как эти матрицы могут быть обработаны параллельно.

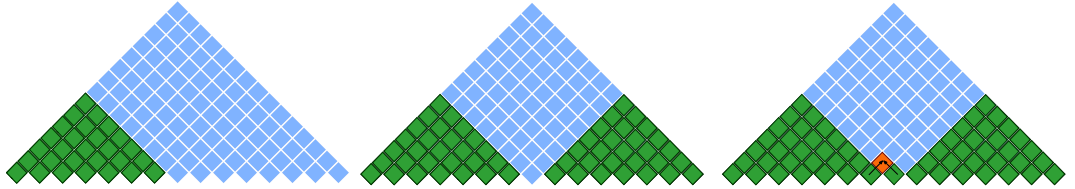


Рис. 3: Количество элементов, вычисляемых в алгоритме Валианта (2 треугольные подматрицы размера $\frac{n}{2}$).

Алгоритм Валианта, в отличие от модификации, не может так легко быть применен к данной задаче. В нем необходимо будет полностью вычислить, как минимум, две треугольные подматрицы размера $\frac{n}{2}$, как

показано на рис. 3. Это значит, что минимальная сложность, улучшить которую без дополнительных модификаций не удастся, будет составлять $\mathcal{O}(|G|VMM(2^{p-1})(p-2))$.

Таким образом, в данном разделе мы покажем, что алгоритм Явейн может быть эффективно применен для строк размера $s \ll n$.

5. Реализация

В рамках данной работы мы реализовали алгоритм Явейн несколькими способами. Мы хотели исследовать, как повлияют на производительность те или иные особенности каждой реализации. Также был реализован исходный алгоритм Валианта для сравнения и проверки эффективности модифицированного алгоритма.

5.1. Последовательная версия

Первая реализация основана на использовании уже существующих библиотек. Языком программирования был выбран C++. Для перемножения матриц была использована библиотека для работы с плотными матрицами — M4RI [1]. Данная библиотека была выбрана, так как там реализован один из наиболее эффективных способов перемножения булевых матриц — метод четырех русских [12, 2].

5.2. Параллельная версия

Далее мы решили остановиться на использовании параллельных техник, а именно GPGPU (General-purpose computing on graphics processing units). Была создана простая реализация перемножения подматриц на языке программирования CUDA C. Использование параллельных вычислений происходит сразу на трех уровнях: само перемножение матриц (каждый элемент результирующей матрицы обрабатывается независимо), перемножение булевых матриц для каждой пары нетерминалов, которым соответствует хотя бы одно правило, и перемножение подматриц слоя для алгоритма Явейн.

6. Эксперименты

В данной секции мы приводим результаты экспериментов, целью которых было исследование производительности и практической применимости алгоритма Явейн.

Эксперименты проводились на рабочей станции со следующими характеристиками:

- операционная система: Linux Mint 19.1;
- ЦПУ: Intel i5-8250U, 1600-3400 Mhz, 4 Core(s), 8 Logical Processor(s);
- объем оперативной памяти: 8.0 GB;
- графический процессор: NVIDIA GeForce GTX 1050 MAX-Q.

Основной целью поставленных экспериментов было исследование возможностей алгоритма Явейн. Для этого были поставлены следующие вопросы:

- Сравнение алгоритмов Валианта и Явейн.
- Эффективность применения алгоритма Явейн к задаче поиска подстрок.

Для ответа на первый вопрос был проведен сравнительный анализ как последовательной, так и параллельной версий реализации.

При исследовании алгоритмы были протестированы сначала на грамматике Дика для двух типов скобок [6]. Она представлена на листинге 1. Данная грамматика была выбрана потому, что грамматики для описания правильных скобочных последовательностей применяются при анализе строк в биоинформатике.

Грамматика $D2$ переводится в нормальную форму Хомского и подается на вход алгоритму со специально сгенерированными строками различной длины (127-8191 символов). Строки составлены следующим

$$s : s s \mid (s) \mid [s] \mid \epsilon$$

Листинг 1: Грамматика *D2*

образом: заранее создается подстрока, принадлежащая языку Дика, далее в полную строку вставляется максимально возможное количество созданных подстрок, которые можно разделить “перегородками” (терминалами, из-за которых все остальные строки, кроме вставленных, будут невыводимыми в грамматике *D2*). Строки были созданы таким образом, чтобы проверять корректность предложенного алгоритма.

Далее мы для тестирования производительности алгоритмов использовали грамматику, применяющуюся в некоторых работах по биоинформатике [5]. Она представлена на листинге 2. Грамматика *BIO* также, как и в предыдущем случае, переводится в нормальную форму Хомского. Строки для данного эксперимента были сгенерированы случайным образом.

```
s1: stem<s0>
any_str : any_smb*[2..10]
s0: any_str | any_str stem<s0> s0
any_smb: A | T | C | G
stem1<s>: A s T | G s C | T s A | C s G
stem2<s>: stem1<stem1<s>>
stem<s>:
    A stem<s> T
    | T stem<s> A
    | C stem<s> G
    | G stem<s> C
    | stem1<stem2<s>>
```

Листинг 2: Грамматика *BIO*

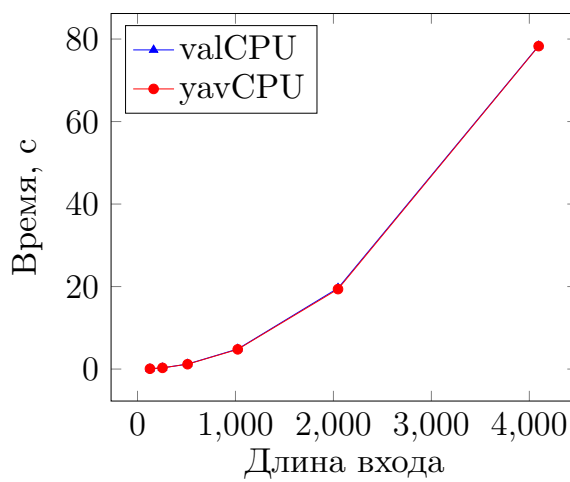
6.1. Сравнительный анализ

Результаты сравнительного анализа реализаций алгоритма Валианта и Явейн представлены в таблице 1 и на рис. 4. *N* — длина сгенерированной строки. Для последовательной версии алгоритма Валианта (*valCPU*) и Явейн (*yavCPU*), а также для параллельной версии —

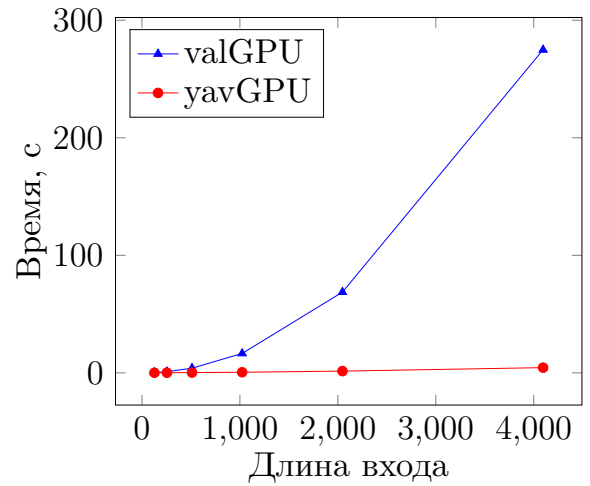
valGPU и yavGPU соответственно, представлено время работы алгоритмов (в миллисекундах) для двух грамматик: *D2* и *BIO*.

Таблица 1: Результаты сравнительного анализа (время в мс)

N	Грамматика <i>D2</i>				Грамматика <i>BIO</i>			
	valCPU	yavCPU	valGPU	yavGPU	valCPU	yavCPU	valGPU	yavGPU
127	78	76	311	105	1345	1339	303	106
255	289	292	1015	130	5408	5488	1030	140
511	1212	1177	3975	250	21969	22347	4043	256
1023	4858	4779	16506	540	88698	90318	16775	598
2047	19613	19379	68704	1500	363324	374204	68839	1701
4095	78361	78279	274832	4453	1467675	1480594	275645	5472
8191	315677	315088	-	13650	-	-	-	18039



(a) Последовательная реализация



(b) Параллельная реализация

Рис. 4: Результаты экспериментов с грамматикой *D2*.

Результаты сравнительного анализа для последовательной версии показывают, что алгоритмы работают практически одинаково. Однако видно, как на последовательную реализацию влияет константа $|G|$. В нашем случае, для грамматики *D2* количество правил при переводе в нормальную форму Хомского возросло до 7, а для *BIO* — до 106. Это означает, что скорость работы алгоритмов прямо пропорциональна количеству правил грамматики.

Параллельная версия алгоритма Валианта оказалась медленнее на грамматике *D2*, можно предположить, что это связано с большим количеством перемножений матриц небольшого размера и невозможностью

их параллельной обработки. Но на больших грамматиках (*BIO*) она демонстрирует значительное улучшение производительности по сравнению с последовательной версией за счет использования параллелизма на уровне правил грамматики (то есть независимого перемножения матриц для каждой пары нетерминалов).

Лучшее время работы показывает параллельная версия алгоритма Явейн. Это связано с тем, что параллелизм используется сразу на трех уровнях, как было замечено в предыдущем разделе.

6.2. Применимость к задаче поиска подстрок

Для алгоритма Явейн была изменена функция *main()*: теперь она принимает дополнительный аргумент *s* — длину максимальной искомой подстроки и вычисляет только те слои, которые содержат в себе нужные подстроки, как было показано в разделе 4.

Результаты работы адаптированного к задаче поиска подстрок алгоритма Явейн представлены в таблице 2. *N* — длина сгенерированной строки. Для последовательной (*adpCPU*) и параллельной (*adpGPU*) версии реализации представлено время работы в миллисекундах.

Таблица 2: Результаты работы алгоритма Явейн для задачи поиска подстрок (время в мс)

s	N	adpCPU	adpGPU
250	1023	2996	242
	2047	6647	255
	4095	13825	320
	8191	28904	456
510	2047	12178	583
	4095	26576	653
	8191	56703	884
1020	4095	48314	1590
	8191	108382	1953
2040	4095	197324	5100

Результаты второго эксперимента показывают, что адаптированная версия алгоритма Явейн может быть эффективно применена к задаче

поиска подстрок: она корректно находит все выводимые подстроки в строке и работает существенно быстрее алгоритма Валианта (см. таблицу 1), который будет совершать большое количество лишних вычислений из-за сложности его преждевременной остановки.

Таким образом, проведенные эксперименты показали практическую применимость алгоритма Явейн, возможность его существенного ускорения за счет использования параллельных вычислений и адаптации к задаче поиска подстрок.

7. Заключение

В данной работе были получены следующие результаты.

- Изучен алгоритм Явейн, являющийся модификацией алгоритма Валианта, основной особенностью которого является возможность разбиения матрицы на слои, что упрощает разработку параллельной версии алгоритма и применимость к задаче поиска подстрок.
- Проведен анализ, который показал, что алгоритм Явейн лучше применим к задаче поиска подстрок, чем оригинальная версия алгоритма.
- Доказана корректность алгоритма Явейн и дана оценка вычислительной сложности, которая составляет $\mathcal{O}(BMM(n)\log(n))$.
- Реализованы последовательная и параллельная версии алгоритмов. Исходный код доступен в репозитории: <https://github.com/SusaninaJulia/PBMM>.
- Проведено экспериментальное исследование алгоритма, показавшее эффективность модификации: последовательные версии алгоритмов Валианта и Явейн работают одинаково; параллельная версия алгоритма Явейн показывает значительный прирост производительности на строка большей длины; показана эффективность применения алгоритма Явейн к задаче поиска подстрок.

Кроме того, мы можем определить несколько направлений будущих исследований. Например, оптимизация алгоритмов перемножения матриц за счет использования разделяемой памяти. Еще планируется расширить алгоритм Явейн для других классов грамматик, которые применяются в биоинформатике: конъюнктивных и булевых. Также, открытым остается вопрос, можно ли как-либо изменить порядок перемножения подматриц, чтобы полностью избавить алгоритм от рекурсивных вызовов.

Список литературы

- [1] Albrecht Martin, Bard Gregory. — The M4RI Library. — The M4RI Team, 2019. — Access mode: <https://bitbucket.org/malb/m4ri>.
- [2] Albrecht MR, Bard GV, Hart W. Efficient multiplication of dense matrices over GF (2) // arXiv preprint arXiv:0811.1714. — 2008.
- [3] Biological sequence analysis / Richard Durbin, Sean Eddy, Anders Krogh, G Mitchison. — Cambridge University Press, 1996.
- [4] Dowell Robin D, Eddy Sean R. Evaluation of several lightweight stochastic context-free grammars for RNA secondary structure prediction // BMC bioinformatics. — 2004. — Vol. 5, no. 1. — P. 71.
- [5] Grigorev. Semyon, Lunina. Polina. The Composition of Dense Neural Networks and Formal Grammars for Secondary Structure Analysis // Proceedings of the 12th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies - Volume 3: BIOINFORMATICS, / INSTICC. — SciTePress, 2019. — P. 234–241.
- [6] Hopcroft John E, Ullman Jeffrey D. Formal languages and their relation to automata. — 1969.
- [7] JetBrains Programming Languages and Tools Lab [Электронный ресурс]. — Access mode: https://research.jetbrains.org/groups/plt_lab (online; accessed: 05.05.2019).
- [8] Kasami Tadao. An efficient recognition and syntax-analysis algorithm for context-free languages // Coordinated Science Laboratory Report no. R-257. — 1966.
- [9] Knudsen Bjarne, Hein Jotun. RNA secondary structure prediction using stochastic context-free grammars and evolutionary history. // Bioinformatics (Oxford, England). — 1999. — Vol. 15, no. 6. — P. 446–454.

- [10] Liu Tong, Schmidt Bertil. Parallel RNA secondary structure prediction using stochastic context-free grammars // *Concurrency and Computation: Practice and Experience*. — 2005. — Vol. 17, no. 14. — P. 1669–1685.
- [11] Okhotin Alexander. Parsing by Matrix Multiplication Generalized to Boolean Grammars // *Theor. Comput. Sci.* — 2014. — Jan. — Vol. 516. — P. 101–120. — Access mode: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tcs.2013.09.011>.
- [12] On economical construction of the transitive closure of an oriented graph / Vladimir L'vovich Arlazarov, Yefim A Dinitz, MA Kronrod, IgorAleksandrovich Faradzhev // *Doklady Akademii Nauk / Russian Academy of Sciences*. — Vol. 194. — 1970. — P. 487–488.
- [13] Rivas Elena, Eddy Sean R. The language of RNA: a formal grammar that includes pseudoknots // *Bioinformatics*. — 2000. — Vol. 16, no. 4. — P. 334–340.
- [14] Valiant Leslie G. General Context-free Recognition in Less Than Cubic Time // *J. Comput. Syst. Sci.* — 1975. — Apr. — Vol. 10, no. 2. — P. 308–315. — Access mode: [http://dx.doi.org/10.1016/S0022-0000\(75\)80046-8](http://dx.doi.org/10.1016/S0022-0000(75)80046-8).
- [15] Younger Daniel H. Context-free Language Processing in Time N^3 // *Proceedings of the 7th Annual Symposium on Switching and Automata Theory (Swat 1966)*. — SWAT '66. — Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, 1966. — P. 7–20. — Access mode: <https://doi.org/10.1109/SWAT.1966.7>.
- [16] Zier-Vogel Ryan, Domaratzki Michael. RNA pseudoknot prediction through stochastic conjunctive grammars // *Computability in Europe 2013. Informal Proceedings*. — 2013. — P. 80–89.
- [17] Явейн А. Разработка алгоритма синтаксического анализа через умножение матриц. — Access mode: <https://github.com/>

`YaccConstructor/articles/blob/master/InProgress/Yaveyn_`
`alg/jbalg.pdf` (online; accessed: 13.05.2018).