

Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων Τμήμα Πληροφορικής και Τηλεπικοινωνιών

Αλγόριθμοι και Πολυπλοκότητα

3^η Εργασία

Επίλυση προβλήματος μέγιστης κοινής υποακολουθίας με δύο αλγορίθμους

Όνομα: Δημήτριος

Επώνυμο: Κάτσανος

ΑΜ: 2281

Email: int02281@uoi.gr

Πίνακας Περιεχομένων

1. Υλικό που χρησιμοποιήθηκε
2. Λογισμικό που χρησιμοποιήθηκε
3. Περίληψη του προβλήματος
4. Εισαγωγή στο πρόβλημα του λαβυρίνθου
5. Αποτελέσματα
6. Συμπεράσματα

1. Υλικό που χρησιμοποιήθηκε

Το υλικό που χρησιμοποιήθηκε για τα πειράματα είναι:

- Τύπος συστήματος: Λειτουργικό σύστημα 64 bit, επεξεργαστής τεχνολογίας x64
- Επεξεργαστής: Intel Core i5 2.70GHz
- Εγκατεστημένη RAM:8,00GB DDR3 (798MHz)

2. Λογισμικό που χρησιμοποιήθηκε

Το λογισμικό που χρησιμοποιήθηκε είναι:

- Python 3.8.10
- Visual Studio Code

3. Περίληψη

Η επίλυση του προβλήματος της μέγιστης κοινής υποακολουθίας έχει πολλές εφαρμογές. Η συγκεκριμένη εργασία ζητείτε η επίλυση του προβλήματος της μέγιστης κοινή υποακολουθίας DNA. Η επίλυση γίνεται με δύο διαφορετικούς αλγορίθμους:

- Τον αλγόριθμο brute force
- Τον αλγόριθμο longest Common Subsequence

Οι ακολουθίες DNA αναπαρίστανται με συμβολοσειρές που σχηματίζονται από 4 χαρακτήρες(A,G,C,T) που αναπαριστούν τα νουκλεοτίδια αδερίνη, γουανίνη, κυτοσίνη και θυμίνη.

4. Εισαγωγή

Στο πρόβλημα της μέγιστης κοινής υποακολουθίας του DNA έχουμε δύο συμβολοσειρές DNA με μήκος m η μία και n η άλλη και πρέπει να βρούμε την μέγιστη κοινή υποακολουθία αυτών των δύο. Η επίλυση του προβλήματος επιτυγχάνεται με τον απλοϊκό αλγόριθμο ωμής δύναμης (brute force) και τον αλγόριθμο μέγιστης κοινής υποακολουθίας. Ο πρώτος αλγόριθμος δημιουργεί όλες τις υποακολουθίες της πρώτης ακολουθίας (2^m σε πλήθος υποακολουθίες) και ελέγχει ποια είναι η μεγαλύτερη κοινή ακολουθία με την δεύτερη. Ο δεύτερος είναι ο αλγόριθμος δυναμικού προγραμματισμού, του οποίου μας δίνεται στην εκφώνηση ο ψευδοκώδικας

5. Αποτελέσματα

Στην εργασία χρησιμοποιήθηκαν οι δυο αλγόριθμοι LCS και brute force

Η εκφώνηση της εργασίας μας έλεγε να τρέξουμε ένα παράδειγμα με 1000 υποθετικές ακολουθίες DNA με 2000 χαρακτήρες η κάθε μια. Η εργασία μου τρέχει για υποθετικές ακολουθίες DNA με 5 χαρακτήρες

Τα αποτελέσματα από τους δύο αλγορίθμους εμφανίζονται παρακάτω:

```
C:\Users\user\Documents\KATΣΑΝΟΣ_2281_3ΕΡΓΑΣΙΑ>main.py

The results from brute force algorithm are
[('GTCTACAATA', 'GTCTACAATA', 'GTCTACAATA', 10), ('ACGAAGACAC', 'ACGAAGACAC', 'ACGAAGACAC', 10), ('TTTGTTCGCA', 'GCGA', 'TTTGTTCGCA', 10), ('GAGTCTTATG', 'GAGTCTTATG', 'GAGTCTTATG', 10), ('ACGAAGACAC', 'ACGAAGACAC', 'ACGAAGACAC', 10), ('TTTGTTCGCA', 'TTTGTTCGCA', 'TTTGTTCGCA', 10), ('GAGTCTTATG', 'GAGTCTTATG', 'GAGTCTTATG', 10), ('TTTGTTCGCA', 'GCGA', 'TTTGTTCGCA', 10), ('GAGTCTTATG', 'GAGTCTTATG', 'GAGTCTTATG', 10), ('GAGTCTTATG', 'GAGTCTTATG', 'GAGTCTTATG', 10)]

The results from algorithm are Longest Common Subsequence
[('TATTCGACGA', 'TTTGTTCGCA', 'TTTGTTCGCA', 7)]
```

Οι εξής εντολές έδωσα για να εμφανίσει τα αποτελέσματα

Για τον main κώδικα χρησιμοποιούμε την εντολή: main.py

Για τα unit tests χρησιμοποιούμε την εντολή: Unittest.py

6. Συμπεράσματα

Μέσα από αυτή την εργασία κατανοούμε τον τρόπο που μπορούμε να εντοπίσουμε την μέγιστη κοινή υποακολουθία, καθώς και την διαφορά των δύο αλγορίθμων όπου ο πρώτος τρέχει πιο αργά από τον δεύτερο αφού ο πρώτος έχει πολυπλοκότητα $O(2^n)$ και ο δεύτερος έχει $O(mn)$