

*МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
КРЕМЕНЧУЦЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
ІМЕНІ МИХАЙЛА ОСТРОГРАДСЬКОГО*

Кафедра комп'ютерної інженерії та електроніки

*ЗВІТ З ПРАКТИЧНИХ РОБІТ
з навчальної дисципліни
«Алгоритми та методи обчислень»*

Тема «Алгоритми на рядках»

Студент гр. КІ-23-1 ПІБ Кобець О. О.

Кременчук 2024

Практична робота № 7

Тема. Алгоритми на рядках

Мета: набути практичних навичок застосування базових алгоритмів на рядках та оцінювання їх асимптотичної складності.

Завдання

8. Маємо дві короткі послідовності символів: «HELLO» і «WORLD». Знайти найдовшу спільну підпослідовність символів, використовуючи алгоритм Хаббарда.

```
1  A = "HELLO"
2  B = "WORLD"
3
4  n = len(A)
5  m = len(B)
6
7  C = [[0] * (m + 1) for _ in range(n + 1)]
8
9  for i in range(1, n + 1):
10     for j in range(1, m + 1):
11         if A[i - 1] == B[j - 1]:
12             C[i][j] = C[i - 1][j - 1] + 1
13         else:
14             C[i][j] = max(C[i - 1][j], C[i][j - 1])
15
16  lcs = []
17  i, j = n, m
18  while i > 0 and j > 0:
19     if A[i - 1] == B[j - 1]:
20         lcs.append(A[i - 1])
21         i -= 1
22         j -= 1
23     elif C[i - 1][j] > C[i][j - 1]:
24         i -= 1
25     else:
26         j -= 1
27
28  lcs.reverse()
29
30  print("Матриця динамічного програмування:")
31  print("    ", " ".join(B))
32  for i, row in enumerate(C):
33     if i == 0:
34         print("    ", row)
35     else:
36         print(A[i - 1], row)
37
38  print("\nНайдовша спільна підпослідовність (LCS):", ''.join(lcs))
```

```
W O R L D
[0, 0, 0, 0, 0, 0]
H [0, 0, 0, 0, 0, 0]
E [0, 0, 0, 0, 0, 0]
L [0, 0, 0, 0, 1, 1]
L [0, 0, 0, 0, 1, 1]
O [0, 0, 1, 1, 1, 1]

Найдовша спільна підпоследовність (LCS): O
```

Найдовша спільна підпоследовність: O

Контрольні питання

1. У чому полягає задача знаходження найдовшої спільної підпоследовності (LCS)?

Задача LCS полягає в тому, щоб знайти найдовшу підпоследовність, яка є спільною для двох або більше послідовностей (рядків), зберігаючи порядок символів, але допускаючи пропуски (невключення деяких символів).

2. Які головні методи можна використовувати для знаходження найдовшої спільної підпоследовності?

Основні методи:

1. Динамічне програмування:

- Побудова матриці для порівняння всіх символів та відновлення LCS.

2. Рекурсивний підхід:

- Використання розгалуженого перебору з відстеженням можливих збігів.

3. Хаббардовий алгоритм (Hubbard's Algorithm):

- Підхід із побудовою спеціальних структур, таких як графи, для оптимізації пошуку.

4. Евристичні методи:

- Застосовуються для приблизного знаходження LCS у великих послідовностях, наприклад, біологічних даних.

3. Як працює алгоритм динамічного програмування для знаходження LCS?

Побудова матриці:

Створюється таблиця розміром $(m+1) \times (n+1)$, де m і n — довжини послідовностей.

Кожна клітинка $[i][j]$ зберігає довжину LCS для підрядків $A[0:i]$ та $B[0:j]$.

Заповнення таблиці:

- Якщо символи збігаються: $C[i][j] = C[i-1][j-1] + 1$
- Якщо не збігаються: $C[i][j] = \max(C[i-1][j], C[i][j-1])$

Відновлення LCS:

Починаючи з кінця таблиці, рухаючись назад за збігами, відновлюємо LCS.

4. Як працює алгоритм Хаббарда для знаходження LCS?

Алгоритм Хаббарда застосовує графову модель:

1. Кожна вершина графа відповідає символу послідовності.
 2. Ребра між вершинами позначають можливі збіги символів між послідовностями.
 3. LCS знаходиться шляхом побудови найдовшого шляху в графі за умов, що зберігається порядок символів.
5. Які переваги та недоліки алгоритмів динамічного програмування та Хаббарда для знаходження LCS?

Динамічне програмування:

Переваги:

- Проста реалізація.
- Гарантовано знаходить оптимальне рішення.

Недоліки:

- Потребує $O(m \times n)$ пам'яті та часу.

Алгоритм Хаббарда:

Переваги:

- Підходить для великих послідовностей.
- Може бути швидшим у спеціальних задачах.

Недоліки:

- Складність реалізації.
- Може бути менш ефективним для малих послідовностей.

6. Які існують практичні застосування для задачі знаходження найдовшої спільної підпослідовності?

1. **Біоінформатика:**

Вирівнювання ДНК, РНК або білкових послідовностей для виявлення схожості між геномами.

2. **Обробка тексту:**

Пошук спільних фраз або схожості між документами.

3. **Контроль версій:**

Порівняння та об'єднання змін у програмному коді.

4. **Розпізнавання мовлення:**

Виявлення загальних шаблонів у звукових даних.

5. **Відновлення даних:**

Пошук схожих структур у пошкоджених файлах.