

생물정보학 및 실습 2 실습 보고서 3

2021-20471 박명규

<https://github.com/PMKYU98/BioInfo2>

Q1 (ba5a)

주어진 동전 단위를 이용하여 특정 액수를 표현하기 위해서는 최소 몇 개의 동전이 필요한지?

처음에는 1원으로 탑을 쌓으면서 1원 5개 모이면 그것을 5원 1개로 바꾸고, 5원 2개가 모이면 10원 1개로 바뀌는 방식을 사용하였다. 그러나 이 경우 예시 case에서 20개 두 개를 사용하면 더 적게 사용하는데 5원 동전 하나와 20원 동전 하나가 모여 즉시 25원이 되어서 잘못된 방향으로 진행되는 문제가 발생하였다.

따라서 위 방법은 폐기하였고, 이제 작은 문제에서부터 쌓아 올라가는 방식을 채택하였다.

```
money = 17911
Coins = [1,3,5,7,11,13,19,20,22]
```

먼저 모든 단위 동전 한 개로 만들 수 있는 액수로 dictionary를 초기화한다.

```
dicStack = {}
for coin in Coins:
    dicStack[coin] = 1
```

그리고 1원부터 시작해서, 더해서 해당 액수를 만드는 2가지 subproblem의 답을 더하였을 때 가장 작은 값이 나오는 경우를 채택하도록 하였다.

ex) 10원을 만들기 위해서 1+9, 2+8, 3+7, 4+6, 5+5의 답들을 더해서 가장 작은 것을 채택.

마지막으로 고민했던 것은 subproblem으로 나누는 개수였는데, 결국 3개로 나누어서 최소의 값을 구하는 것은 그 중 두개를 골라 더한 후 나머지 한개와 합쳐서 2개로 subproblem을 나누는 것과 같다는 것을 이해하고 이 풀이를 믿기로 하였다.

Q2 (ba5b)

Edge의 길이가 다른 직사각형 격자에서 가장 긴 path 찾기

먼저 첫번째 column과 첫번째 row의 node까지 도달하는 edge의 길이를 표시한다.

0	3	5	9	9
1	0	0	0	0
5	0	0	0	0
9	0	0	0	0
14	0	0	0	0

나머지 node 각각에 도달하는 방법은 그 위 또는 왼쪽에서 오는 것이다.

따라서 기존 node에 edge 길이를 더하여, 그 두 개 중 더 큰 값을 채택하는 방법을 사용한다.

Q3 (ba5c)

주어진 염기서열 문자열 안에서 가장 긴 subsequence 찾기

지난 학기 생명정보학 및 실습 I 강의에서 배웠던 알고리즘을 코드화하였다.

Q2의 답안을 기본으로 하여, 이번에는 첫번째 column과 첫번째 row를 모두 0으로 초기화한다.

두 character가 같은 match의 경우 1점을 주고 서로 다른 gap의 경우 0점을 주었다.
대신 이 경우에는 각 node에 도달하는 방법 중 match를 의미하는 대각선 입구가 생긴다는 점이 다르다.

점수 계산을 끝난 후 backtracking 과정에서는 score matrix 가장 밑에서부터 시작하여 match를 발견하는 경우 그 알파벳을 저장해두고 마지막에 reverse 함수 사용한 후 출력하였다.
