

Недобежкин Павел Владимирович

ПММ, 61 группа, 4 курс

Отчет по лабораторной работе №3

Задание 1.

Входные данные: Две произвольные строки, содержащие буквы одного алфавита

Выходные данные: Редакционное расстояние  $d(S1, S2)$ , используя алгоритм Вагнера–Фишера.

В качестве сравниваемых последовательностей взять последовательности S1 и S2 из Лабораторной работы 2.

Пример входных данных: S1 = P LEASANT LY S2 = MEANLY

Пример выходных данных: 5

Код

```
public class Main {
    public static void main(String[] args) {
        String s1 = "PLEASANTLY";
        String s2 = "MEANLY";

        int res;

        long startTime = System.nanoTime();
        res = WagnerFisherAlgorithm(s1, s2);
        long endTime = System.nanoTime();
        System.out.println("Редакционное расстояние: " + res + " Время выполнения: " + (endTime-startTime)/1000000.0 + " миллисекунд");
    }

    public static int WagnerFisherAlgorithm(String s1, String s2){
        if(s1.length() > s2.length()){
            String tmp = s1;
            s1 = s2;
            s2 = tmp;
        }

        int [][] matrix = new int[s2.length()+1][s1.length()+1];

        for(int i = 0; i <= s1.length(); i++){
            matrix[0][i] = i;
        }

        for(int i = 0; i <= s2.length(); i++){
            matrix[i][0] = i;
        }

        for(int i = 1; i <= s2.length(); i++){
```

```

        for(int j = 1; j <= s1.length(); j++){
            if(s2.charAt(i-1) == s1.charAt(j-1)){
                matrix[i][j] = matrix[i-1][j-1];
            }
            else{
                matrix[i][j] = Math.min(matrix[i-1][j-1], Math.min(matrix[i-1][j], matrix[i][j-1])) + 1;
            }
        }
    }

    return matrix[s2.length()][s1.length()];
}
}

```

Результат для последовательностей из второй лабораторной работы

```

Редакционное расстояние: 249 Время выполнения: 24.5547 миллисекунд
PS D:\code\labs\BioInf\3>

```

Задание 2. Выполнить задание 1, уменьшив потребление памяти до  $O(\min\{m, n\})$ .

В качестве сравниваемых последовательностей взять последовательности из S1 и S2  
Лабораторной работы 2.

Код

```

public class Main {
    public static void main(String[] args) {
        String s1 = "PLEASANTLY";
        String s2 = "MEANLY";

        int res;

        long startTime = System.nanoTime();
        res = WagnerFisherAlgorithmOptimized(s1, s2);
        long endTime = System.nanoTime();
        System.out.println("Редакционное расстояние: " + res + " Время выполнения: " + (endTime-startTime)/1000000.0 + " миллисекунд");
    }

    public static int WagnerFisherAlgorithmOptimized(String s1, String s2){
        if(s1.length() > s2.length()){
            String tmp = s1;
            s1 = s2;
            s2 = tmp;
        }

        int [][] matrix = new int[2][s1.length()+1];

        for(int i = 0; i <= s1.length(); i++){

```

```

        matrix[0][i] = i;
    }

    matrix[1][0] = 1;

    for(int i = 1; i <= s2.length(); i++){
        for(int j = 1; j <= s1.length(); j++){
            if(s2.charAt(i-1) == s1.charAt(j-1)){
                matrix[1][j] = matrix[0][j-1];
            }
            else{
                matrix[1][j] = Math.min(matrix[0][j-1],
Math.min(matrix[0][j], matrix[1][j-1])) + 1;
            }
        }

        for(int j = 0; j <= s1.length(); j++){
            matrix[0][j] = matrix[1][j];
        }
        matrix[1][0] = i+1;
    }

    return matrix[0][s1.length()];
}
}

```

Результат для последовательностей из второй лабораторной работы

```

Редакционное расстояние: 249 Время выполнения: 25.4216 миллисекунд
PS D:\code\labs\BioInf\3> 

```