

# Solucionando el problema de la mochila en el Modelo Sticker

paper por Mario A. Jimenez

Ernesto Mancebo

Universidad de Sevilla

Febrero 2020

# Contenido

## 1 Modelo Sticker

- Concepto de Candena de Memoria
- Concepto de Tubo
- Operaciones sobre las moléculas
- Concepto de Librería

## 2 Subrutinas

- Sub-Rutina Ordenado por Cardinalidad
- Subrutina Llenado en Paralelo

## 3 Problema de Suma de Subconjuntos

- Modelo propuesto por Sam Roweis.
- Inspirado en Cadenas de ADN.
- Basado en operaciones de filtrado.
- Distinguido por utilizar Memoria de Acceso Aleatorio y la manera de representar la data.

Las cadenas de memoria (también llamadas moléculas  $\sigma$ ) son cadenas de forma  $(n, k, m)$ , tal que  $n \geq k.m$ , siendo  $n$  la longitud de la cadena,  $k$  la cantidad de sub-cadenas , y  $m$  la longitud de cada sub-cadena  $p$ .

Cada región  $m$  tiene un estado "*apagado*" / "*encendido*" o "*0*" / "*1*"

Un Tubo ( $T$ ) consiste en un multiconjunto de complejos de memoria o de moléculas  $\sigma$  del mismo tipo.

Se puede ilustrar de la manera:

$$\begin{bmatrix} \sigma_0 \\ \sigma_i \\ \sigma_{i+1} \end{bmatrix}$$

- $mezclar(T_1, T_2)$
- $separar(T, i)$
- $encender(T, i)$
- $apagar(T, i)$
- $leer(T)$

- Complejo de memoria de forma  $(k, l)$  tal que  $(1 \leq k \leq l)$ .
- Se inicializan las primeras  $k - l$  regiones  
"encendidas"/"apagadas" en todas sus posibles combinaciones.

# Subrutinas



Partiendo de los siguientes elementos:

- $A = \{1, \dots, p\}$
- $B = \{b_1, \dots, b_s\} \subseteq A$
- $F = \{D_1, \dots, D_t\} \subseteq P(A)$

Se busca ordenar  $F$  con respecto a su cardinalidad en  $B$ , o en otras palabras, la cantidad de elementos que coincidan de manera  $B \cap D_i$ .

# Codificando los subconjuntos $F$

Sea  $\sigma$  una molécula para el tubo  $T_0$ , la misma se codifica de forma  $T_0 = \{\{\sigma : |\sigma| = p \wedge \exists j(\chi_{D_j} = \sigma)\}\}$ ; tal que  $\chi_{D_j}$  es la función característica en  $A$ , siendo  $(\chi_{D_j}(i) = 1$  si  $i \in D_j$  de lo contrario  $\chi_{D_j} = 0$  si  $i \in A - D_j)$

# Resultado

- Una vez concluido el paso  $i$ , se tendrán  $i + 1$  tubos, empezando en  $T_0$ .
- Se tendrá  $\forall \sigma (\sigma \in T_j \rightarrow |\sigma \in \{b_1, \dots, b_i\}| = j)$ .

# Algoritmo

```
1: procedure Cardinal_Sort( $T_0, B$ )
2:   for  $i = 1$  to  $s$  do
3:      $(T_0, T'_0) = \text{separar}(T_0, b_i)$ 
4:     for  $j = 0$  to  $i - 1$  do
5:        $(T'_{j+1}, T''_j) = \text{separar}(T_j, b_i)$ 
6:        $T_j = \text{mezclar}(T'_j, T''_j)$ 
7:     end for
8:      $T_i = T'_i$ 
9:   end for
10:  Return  $[T_0, \dots, T_s]$ 
11: end procedure
```

A fin de ilustrar el comportamiento:

- $A : \{0, 1, 2, 3, 4, 5, 6\}$
- $B : \{1, 2, 4\}$
- $F : \{[2, 6], [3], [4], [2, 4]\}$

Los elementos que cumplen  $B \cap D_j$  en  $F$  son:  $\{[2, 6], [3], [4], [2, 4]\}$ .

# F codificado y procesado

Codificando  $F$  para llevarlo a un tubo tendremos:

$$\begin{bmatrix} [0, 0, 1, 0, 0, 0, 1] \\ [0, 0, 0, 1, 0, 0, 0] \\ [0, 0, 0, 0, 1, 0, 0] \\ [0, 0, 1, 0, 1, 0, 0] \end{bmatrix}$$

Tras la ejecución de *Cardinal\_Sort* tendremos:

$$\begin{bmatrix} T_0 : [[0, 0, 0, 1, 0, 0, 0]] \\ T_1 : [[0, 0, 0, 0, 1, 0, 0], [0, 0, 1, 0, 0, 0, 1]] \\ T_2 : [[0, 0, 1, 0, 1, 0, 0]] \\ T_3 : [] \\ T_4 : [] \\ T_5 : [] \\ T_6 : [] \end{bmatrix}$$

# Otras Notaciones

- $\text{Cardinal\_Sort}(T_0)$  cuando  $B = A$ .
- $\text{Cardinal\_Sort}(T_0, l, k)$  cuando  $B = \{l, l + 1, \dots, k\}$ .

El propósito de la subrutina de llenado es manipular el tubo  $T_0$  las moléculas en  $(\sigma(i))$  y codifiquen su valor con respecto a  $f$  en el sub-conjunto  $A$ , ambos se definen como:

- $A = \{1, \dots, p\}$
- $r \in \mathbb{N}$
- $f : A \rightarrow \mathbb{N}$



# Delimitación de Regiones

Podemos considerar la idea de segmentar cada molécula  $\sigma$  en  $T_0$  en posibles regiones como:

- $(A\sigma) = \sigma(1) \cdots \sigma(p)$
- $(L\sigma) = \sigma(p+1) \cdots \sigma(p+r)$
- $(F\sigma) = \sigma(p+r+1) \cdots \sigma(p+r+q_f)$
- $(R\sigma) = \sigma(p+r+q_f+1) \cdots$

Para este apartado denotamos que si  $B \subseteq A$ , decimos que  $f(B) = \sum_{i \in B} f(i)$ . Tal suma nos indica el espacio a reservar en el complejo de memoria  $T_0$  para codificar  $f(B)$ .

Asimismo, definimos  $q_f = f(A)$ , tal que  $A_i = \{0, \dots, i\}$  siendo  $(i \leq i \leq p)$ .

Por último, tenemos que  $r$  corresponde a la región comprendida entre  $p$  y  $f(B)$ .

Todos estos ingredientes nos dan soporte para definir el tubo  $T_0$  de moléculas  $\sigma$  cuyo  $k \geq p + r + q_f$ .

# Algoritmo

```
1: procedure Parallel_Fill( $T_0, f, p, r$ )
2:   for  $i = 1$  to  $p$  do
3:      $(T_{i,0}^+, T_i^-) = \text{separar}(T_{i-1}, i)$ 
4:     for  $j = 1$  to  $f(i)$  do
5:        $T_{i,j}^+ = \text{encender}(T_{i,j}^+, p + r + f(A_{i-1}) + j)$ 
6:     end for
7:      $T_i = \text{mezclar}(T_{i,f(i)}^+, T_i^-)$ 
8:   end for
9:   Return  $T_0$ 
10: end procedure
```

# Traza

A fin de ilustrar el comportamiento, estudiemos lo siguiente:

- $A : \{1, 2, 3, 4\}$
- $B : \{2, 3, 4\}$
- $T_0 : \{[2], [4], [3]\}$

Para el tubo  $T_0$  lo codificaríamos de la siguiente forma:

$$\begin{bmatrix} 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0 \\ 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0 \\ 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0 \end{bmatrix}$$

## $T_0$ procesado

Una vez el tubo  $T_0$  sea procesado por *Parallel\_Fill*, tendremos:

$$\begin{bmatrix} [0, 1, 0, 0, 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0] \\ [0, 0, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1] \\ [0, 0, 1, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0] \end{bmatrix}$$

Se busca determinar si existe en  $B$  un subconjunto cuyo valor equivalga a  $k$ .

En ese sentido, definimos  $A = \{1, \dots, p\}$ ,  $k \in \mathbb{N}$ ,  $w : A \rightarrow \mathbb{N}$ , siendo  $w$  la función peso tal que  $k \leq w(A) = q_w$ .

# Algoritmo

```
1: procedure Subset_Sum( $p, w, k$ )  
2:    $q_w = \sum_{i=1}^p w(i)$   
3:    $T_0 = \text{Libería}(p + q_w, p)$   
4:    $T_1 = \text{Parallel\_Fill}(T_0, w, p, 0)$   
5:    $T_k = \text{Cardinal\_Sort}(T_1, p + 1, p + q_w)[k]$   
6:   leer( $T_k$ )  
7: end procedure
```

# Traza

Teniendo como ejemplo el  $T_0$  anterior:

$$\begin{bmatrix} [0, 1, 0, 0, 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0] \\ [0, 0, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1] \\ [0, 0, 1, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0] \end{bmatrix}$$

Para un  $k = 10$ , una vez el  $T_0$  sea procesado por *Subset\_Sum* tendríamos como salida:  $[0, 0, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]$