Precondicionamiento y reconocimiento de patrones

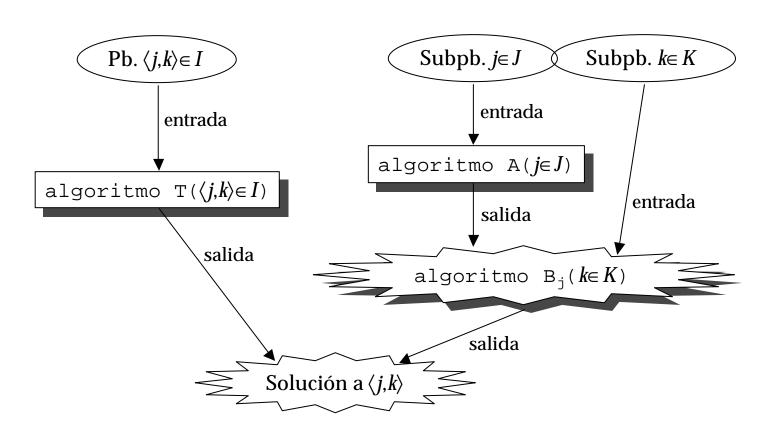
 Introducción 	2
 Antecesores en un árbol 	9
 Evaluación repetida de un polinomio 	12
 Reconocimiento de patrones 	18
 Método directo 	18
- Uso de firmas	21
– El algoritmo de Knuth, Morris y Pratt	26
 El algoritmo de Boyer y Moore 	39

* Si hay que resolver muchos ejemplares de un mismo problema merece la pena invertir un **esfuerzo inicial** para calcular resultados auxiliares que acelerarán la solución de cada ejemplar.

 Incluso si hay que resolver un sólo ejemplar del problema, esta técnica puede conducir a un algoritmo más eficiente.

* De forma más precisa:

- Sea $I = \{$ ejemplares de un problema dado $\}$
- Suponer que cada i∈ I se puede descomponer en dos subproblemas j∈ J y k∈ K (es decir, I⊆J×K).
- Un algoritmo de precondicionamiento para I es un algoritmo Aque tiene como entrada un elemento j de J, y como salida un nuevo algoritmo B_j , tal que si $k \in K$ y $\langle j, k \rangle \in I$ entonces B_j aplicado a k da la solución de $\langle j, k \rangle$.



Ejemplo:

- Jes un conjunto de gramáticas en forma normal de Backus para una familia de lenguajes de programación (Algol, Pascal, Simula, ...).
- *K* es un conjunto de programas.
- Familia de problemas:

Saber si un programa dado es sintácticamente correcto en un lenguaje dado.

Es decir.

 $I = \{ \text{``ies } k \in K \text{ un programa en el lenguaje de } \}$ programación definido por la gramática $j \in \mathcal{I}$?" }

- Algoritmo de precondicionamiento:

A = generador de reconocedores: aplicado sobre la gramática $j \in J$ genera un reconocedor B_r

- Para resolver el problema original, basta con aplicar el reconocedor B_i sobre k.

* Consideraciones sobre la eficiencia:

- Sean:

a(j) = tiempo para producir B_j a partir de j $b_i(k)$ = tiempo para aplicar B_i a kt(j,k) = tiempo para resolver $\langle j,k \rangle$ directamente

- El precondicionamiento tiene sentido si:

$$b_{j}(k) \le t(j,k) \le a(j) + b_{j}(k)$$

(obviamente, no tiene sentido si: $b_i(k) > t(j,k)$)

Utilidad:

– Si hay que resolver varios problemas $\langle j, k_1 \rangle$, $\langle j, k_2 \rangle$, ..., $\langle j, k_n \rangle$ con un mismo j:

$$a(j) + \sum_{i=1}^{n} b_j(k_i) << \sum_{i=1}^{n} t(j, k_i)$$

con tal que *n* sea suficientemente grande.

 Si hay que resolver un ejemplar pero muy rápidamente (para garantizar un tiempo de respuesta bajo en una aplicación en tiempo real), se calculan previamente |J| algoritmos precondicionados $B_1, B_2, ..., B_n$ y cuando se conoce el problema a resolver, $\langle j,k \rangle$, basta con aplicar B_i al subproblema k.

Ejemplos:

 Dados un conjunto de conjuntos de palabras clave:

```
J = \{ \{ \text{if, then, else, endif} \}, \}
     {si, entonces, sino, finsi},
     {for, to, by},
     {para, hasta, paso} }
```

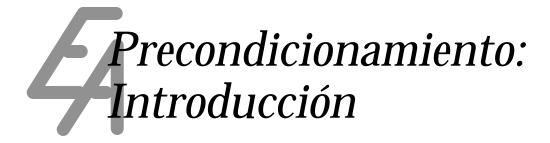
Y un conjunto de palabras clave:

```
K = \{si, begin, hasta, función\}
```

Hay que resolver un gran número de problemas del tipo: "¿pertenece la palabra clave $\bar{k} \in K$ al conjunto $j \in I$?"

Si se resuelve cada ejemplar directamente, el coste es $t(j,k) \in \Theta(n_i)$, con $n_i = |j|$.

Si previamente se ordenan todos los $j \in J$, con un coste $a(j) \in \Theta(n_i \log n_j)$, luego cada ejemplar tiene coste $b_i(k) \in \Theta(\log n_i)$.

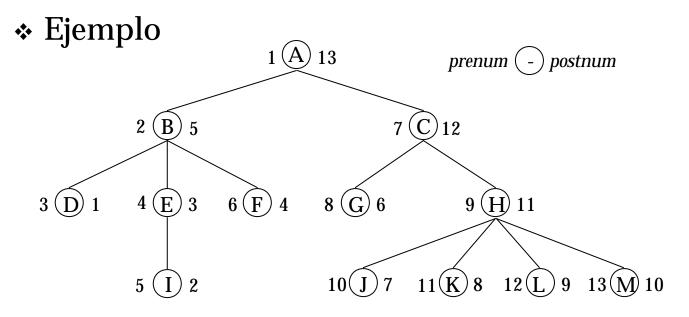


- Si hay que resolver el sistema de ecuaciones A = b, con A una matriz cuadrada no singular y b un vector columna para distintos valores de b, es rentable calcular de antemano la inversa de A.
- Si se tiene un conjunto de claves en el que hay que hacer muchas búsquedas y se conoce la probabilidad de tener que buscar cada clave, es rentable organizar las claves en un árbol binario de búsqueda óptimo (Programación dinámica, pág. 50), con un coste previo de $\Theta(n^2)$.



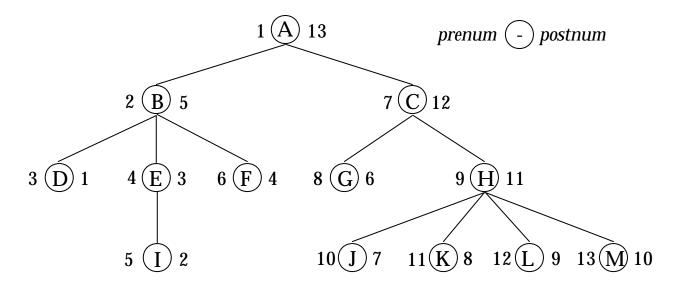
- * Se tiene el árbol *j* y hay que resolver muchas veces el problema "¿es el vértice u un antecesor del vértice v en el árbol j?"
- * Si el árbol *j* tiene *n* vértices, cualquier solución directa precisa en el peor caso un tiempo $\Omega(n)$.
- Se puede precondicionar el árbol en un tiempo $\Theta(n)$ para poder resolver cada ejemplar en un tiempo $\Theta(1)$.

Antecesores en un árbol



- Se recorre primero en pre-orden numerando los vértices y luego en post-orden, numerándolos también.
 - $prenum[u] = n^0$ correspondiente al recorrido en pre-orden
 - $postnum[u] = n^0$ correspondiente al recorrido en post-orden

Antecesores en un árbol



- Se tiene:

$$prenum[u] \leq prenum[v] \iff$$

$$\Leftrightarrow$$
 (*u* es antecesor de *v*) \vee (*u* está a la izquierda de *v* en el árbol)

$$postnum[u] \ge postnum[v] \iff$$

$$\Leftrightarrow$$
 (u es antecesor de v) \vee (u está a la derecha de v en el árbol)

- Por tanto:

$$(prenum[u] \le prenum[v]) \land$$

 $(postnum[u] \ge postnum[v]) \Leftrightarrow$

 \Leftrightarrow u es antecesor de v

- Sea J el conjunto de todos los polinomios de una variable entera y coeficientes enteros.
- Los problemas considerados son los de evaluar un elemento dado de *J* para valores de K (números enteros).
- Caso particular:
 - polinomios unitarios (el coeficiente de la mayor potencia de *x* es 1),
 - de grado $n = 2^{k}$ -1, para un entero k≥0.

Ejemplo:

$$p(x) = x^7 - 5x^6 + 4x^5 - 13x^4 + 3x^3 - 10x^2 + 5x - 17$$

- Método directo (e ingenuo): 12 multiplicaciones.
- Método de Horner: precondicionar p en la forma

$$p(x) = (((((x-5)x+4)x-13)x+3)x-10)x+5)x-17$$

6 multiplicaciones

- Mejor aún:

$$p(x) = (x^4 + 2)((x^2 + 3)(x - 5) + (x + 2)) + ((x^2 - 4)x + (x + 9))$$

5 multiplicaciones

En general:

– Si p(x) es unitario de grado 2^k -1, se puede expresar como:

$$p(x) = (x^{2^{k-1}} + a)q(x) + r(x),$$

con *a* una constante y q(x) y r(x) dos polinomios unitarios de grado 2^{k-1} -1.

A continuación, se aplica recursivamente el mismo procedimiento a q(x) y r(x).

Al final, p(x) queda en función de polinomios de la forma

$$x^{2^i} + c$$

* En el ejemplo:

$$p(x) = x^7 - 5x^6 + 4x^5 - 13x^4 + 3x^3 - 10x^2 + 5x - 17$$

Se expresa como:

$$p(x) = (x^4 + a)(x^3 + q_2x^2 + q_1x + q_0) + (x^3 + r_2x^2 + r_1x + r_0)$$

Igualando los coeficientes de x^6 , x^5 , ..., 1, se obtiene

$$p(x) = (x^4 + 2)(x^3 - 5x^2 + 4x - 13) + (x^3 - 3x + 9)$$

De la misma forma, se obtienen:

$$x^{3} - 5x^{2} + 4x - 13 = (x^{2} + 3)(x - 5) + (x + 2)$$
$$x^{3} - 3x + 9 = (x^{2} - 4)x + (x + 9)$$

Para llegar a:

$$p(x) = (x^4 + 2)((x^2 + 3)(x - 5) + (x + 2)) + ((x^2 - 4)x + (x + 9))$$

* Análisis del método:

 $M(k) = n^0$ de multiplicaciones necesarias para evaluar p(x), de grado 2^k-1

M'(k) = M(k) - k + 1, no de multiplicaciones si no se cuentan las del cálculo de x2, x4, ...

- Ecuación de recurrencia:

$$M'(k) = \begin{cases} 0 & \text{si } k = 0 \text{ ó } k = 1\\ 2M'(k-1) + 1 & \text{si } k \ge 2 \end{cases}$$

Por tanto $M'(k) = 2^{k-1}-1$, para k=1 y $M(k) = 2^{k-1}+k-2$

- Es decir, el número de multiplicaciones necesarias para evaluar un polinomio de grado *n* "precondicionado" con este método es

$$(n-3)/2 + \log(n+1)$$

Comentarios finales:

- El método se puede generalizar a polinomios no unitarios de cualquier grado.
- El método suele comportarse bien pero no da necesariamente una solución óptima.

- Reconocimiento de patrones: Método directo

- Problema muy frecuente en el diseño de sistemas de tratamiento de textos o en aplicaciones de biología molecular (búsqueda de patrones en moléculas de ADN):
 - Dados una cadena madre de n caracteres

$$S = s_1 s_2 \dots s_n$$

y un **patrón** de *m* caracteres (*n*≥*m*)

$$P = 'p_1 p_2 \dots p_m'$$

se quiere saber si P es una subcadena de Sy, en caso afirmativo, en qué posición de Sse encuentra.

- Instrucción **crítica** para medir la eficiencia de las soluciones:
 - número de comparaciones entre pares de caracteres

Reconocimiento de patrones: Método directo

Método directo:

```
función subcadena(S,P:cadena; n,m:natural)
        devuelve natural
{Devuelve r si la primera aparición de P en S
 empieza en la posición r (i.e. es el entero más
pequeño tal que S_{r+i-1}=P_i para i=1,2,...,m), y
devuelve 0 si P no es subcadena de S}
variables ok:booleano; i,j:natural
principio
  ok := falso; i := 0;
  mg not ok and i≤n-m hacer
    ok:=verdad; j:=1;
    mq ok and j≤m hacer
      si P[j]≠S[i+j]
         entonces ok:=falso
        sino j := j+1
      fsi
    fmq;
    i := i + 1;
  fma;
  si ok
    entonces devuelve i
    sino devuelve 0
  fsi
fin
```

Reconocimiento de patrones: Método directo

- * Análisis del método directo:
 - Intenta encontrar el patrón *P* en cada posición de S.
 - Peor caso:
 - ◆ Hace *m* comparaciones en cada posición para comprobar si ha encontrado una aparición de P.

E.g.:
$$S = \text{`aaaaaaaab'} P = \text{`aaab'}$$

El número total de comparaciones es

$$\Omega(m(n-m))$$

es decir, $\Omega(mn)$ si n es sustancialmente mayor que *m*.

- Caso particular en que la cadena madre S se descompone en subcadenas $S_1...S_k$ y que el patrón P si está incluido en S lo está integramente en alguna de las S_i .
 - Por ejemplo, *S* es un fichero de texto compuesto por líneas.
 - **Objetivo**: encontrar una función booleana $T(P,S_i)$ que se pueda evaluar rápidamente para realizar una **comprobación previa**.
 - Si $T(P,S_i)$ es falso, P no puede ser subcadena de S_{r} luego no hay que perder más tiempo con ella.
 - Si $T(P,S_i)$ es verdad, P **puede ser** subcadena de S_i , luego hay que verificarlo (por ejemplo con el método directo).

- "Firma" = herramienta para diseñar una función booleana $T(P,S_i)$ de comprobación previa.
- Ejemplo de firma:
 - Hipótesis:
 - ◆ Sea {'A', 'B', ..., 'X', 'Y', 'Z', otro} el juego de caracteres utilizado en S y P ("otro" agrupa a todos los caracteres no alfabéticos).
 - Supongamos que estamos trabajando con un computador de 32 bits de longitud de palabra.
 - Construcción de una firma:
 - Definir val('A') = 0, val('B') = 1, ..., val('Z') = 25, val(otro) = 26.
 - Si c_1 y c_2 son dos caracteres, definir $B(c_1, c_2) = (27 \times val(c_1) + val(c_2)) \mod 32$
 - Definir la firma de una cadena $C = c_1 c_2 ... c_r$ como un valor de 32 bits donde los bits $B(c_1,c_2), B(c_2,c_3), ..., B(c_{r-1},c_r)$ están a 1 y el resto a 0.

Ejemplo:

C = 'RECONOCIMIENTO'

```
B(R', E') = (27 \times 17 + 4) \mod 32 = 15
B(E',C') = (27 \times 4 + 2) \mod 32 = 14
B('C','O') = (27 \times 2 + 14) \mod 32 = 4
B('O', 'N') = (27 \times 14 + 13) \mod 32 = 7
B('N', 'O') = (27 \times 13 + 14) \mod 32 = 13
B('O', 'C') = (27 \times 14 + 2) \mod 32 = 28
B('C','I') = (27 \times 2 + 8) \mod 32 = 30
B('I', 'M') = (27 \times 8 + 12) \mod 32 = 4
B('M', 'I') = (27 \times 12 + 8) \mod 32 = 12
B('I', 'E') = (27 \times 8 + 4) \mod 32 = 28
B(E', N') = (27 \times 4 + 13) \mod 32 = 25
B(N', T') = (27 \times 13 + 19) \mod 32 = 18
```

 $B(T', O') = (27 \times 19 + 14) \mod 32 = 15$

 $firma('C') = 0000\ 1001\ 0000\ 1111\ 0010\ 0000\ 0100\ 1010$

(numerando de 0 a 31, de izquierda a derecha)

- Uso de la firma anterior para diseñar la función booleana $T(P,S_i)$ de comprobación previa:
 - Se calcula la firma de S_i y de P.
 - Si S_i contiene el patrón P, entonces todos los bits que están a 1 en la firma de P están también a 1 en la firma de S_i . Es decir:

$$T(P,S_i) \equiv ((firma(P) \text{ and } firma(S_i)) = firma(P))$$

donde la operación "and" representa la conjunción bit a bit de las dos palabras.

Comentarios:

- Es un ejemplo de precondicionamiento.
- El cálculo de firmas requiere un tiempo:
 - O(n) para S
 - O(m) para P
- El cálculo de $T(P,S_i)$ es muy rápido.
- En la práctica, el beneficio de este método depende de una buena elección del procedimiento de cálculo de firmas.
- Si la cadena madre es muy larga y no está subdividida en subcadenas, el método no es bueno porque su firma tiende a tener todo 1's y por tanto T(P,S) es verdad con una muy alta probabilidad.
- Si el juego de caracteres es mayor (por ejemplo, 128), se puede definir *B* en la forma:

$$B(c_1, c_2) = (128 \times val(c_1) + val(c_2)) \mod 32$$

Aunque en este caso conviene aumentar el nº 32, es decir, el nº de bits de la firma.

- También puede hacerse que la función *B* tenga como parámetros tres caracteres consecutivos.

D.E. Knuth, J.H. Morris y V.R. Pratt:

"Fast pattern matching in strings",

SIAM Journal on Computing, 6(2), pp. 323-350, 1977.

* Algoritmo conocido como KMP.

 Veamos primero las razones de la ineficiencia del método directo con un ejemplo:

S = `xyxxyxyxyxyxyxyxyxxx'

P = `xyxyyxyxx'

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
	X	y	X	X	y	X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	X
1:	X	y	X	y																			
2:		X																					
3:			X	y																			
4:				X	y	X	y	y															
5:					X																		
6:						X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	X							
7:							X																
8:								X	y	X													
9:									X														
10:										X													
11:											X	y	X	y	y								
12:												X											
13:													X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	X

- Notar que hay muchas comparaciones redundantes: el método directo compara el mismo subpatrón en el mismo lugar de la cadena madre varias veces.
 - Por ejemplo, verificamos dos veces que la subcadena 'xyxy' está en la posición 11 de S (en las líneas 6 y 11).
 - En la aplicación de buscar una palabra en un fichero de texto, el método directo no es muy malo porque las discrepancias ocurren enseguida y, por tanto, los retrocesos son pequeños.
 - Sin embargo, en otras aplicaciones (por ejemplo, biología molecular) el alfabeto es muy pequeño y hay muchas repeticiones, por tanto los retrocesos son mayores.

Otro ejemplo:

$$S =$$
'yyyyyyyyyyyx' $P =$ 'yyyyyyx'

- Con el método directo, las cinco 'y' del patrón se comparan con la cadena madre, se encuentra la discrepancia de la 'x', se "desplaza" el patrón un lugar a la derecha y se hacen cuatro comparaciones redundantes:

¡las cuatro primeras 'y' ya sabemos que están ahí!

Se desplaza el patrón un lugar más a la derecha y ¡de nuevo cuatro comparaciones redundantes!. Etcétera.

Un ejemplo más:

$$S =$$
'xyyyyxyyyyyy' $P =$ 'xyyyyyy'

- Buscamos la ocurrencia de una 'x' seguida de cinco 'y'.

Si el número de 'y' no es suficiente, no hay necesidad de volver atrás y desplazar una posición a la derecha.

Las cuatro 'y' encontradas no valen para nada y hay que buscar una nueva 'x'.

* Volviendo al ejemplo inicial:

S = 'xyxxyxyxyxyxyxyxyxyx' P = 'xvxvvxvxvx'

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 2																							
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
	X	y	X	X	y	X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	X
1:	X	y	X	y																			
2:		X																					
3:			X	y																			
4:				X	y	X	y_{2}	y:															
5 :				1	X	<u> </u>		w															
6:				'		X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	X							
7:	$ \cdot $.				$ \cdot $.					.	$ \cdot $.		.	

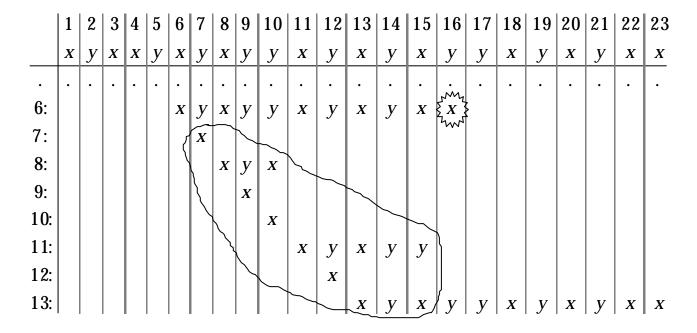
- Ocurre una discrepancia en p_5 (con s_8 , la línea 4).
- Los dos caracteres precedentes de S han tenido que ser 'xy' (es decir, p_3p_4 , porque hasta p_4 hubo coincidencia).
- Pero los dos primeros caracteres de P también son 'xy', luego no hace falta volverlos a comparar con p_3p_4 .
- Lo ideal sería desplazar P a la derecha el máximo número posible de posiciones (para ahorrar comparaciones) pero sin perder ninguna posibilidad de encontrar el patrón en S.

En el ejemplo, hay que desplazar P dos posiciones y continuar comparando s_8 con p_3 (ahorramos tres comparaciones).

- Notar que la discusión anterior es **independiente** de la cadena madre S.

Conocemos los últimos caracteres de S porque han coincidido con los anteriores del patrón P.

- Sigamos con el ejemplo...



- La discrepancia en la línea 6 es en p_{11} .
- Ahora podemos ahorrarnos 15 comparaciones...

- La discrepancia fue entre p_{11} y s_{16} .
- Consideremos el subpatrón $p_1p_2...p_{10}$.
 - Sabemos que $p_1p_2...p_{10} = s_6s_7...s_{15}$.
 - Queremos saber cuántas posiciones hay que desplazar P hacia la derecha hasta que vuelva a existir la posibilidad de que coincida con una subcadena de S.
 - Nos fijamos en el máximo sufijo de $p_1p_2...p_{10}$ que coincide con un prefijo de P.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
	X	y	X	X	y	X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	X
							•																
6:						X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	X							

- En este caso, el sufijo es de longitud 3: 'xyx'.
- Luego se puede continuar comparando s_{16} con p_4 .

	- 1															16							
	X	y	X	X	y	X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	X
	.															$ \cdot $						$ \cdot $	
6:						X	y	X	y	y	X	y	X	y	X	X							
13:													$ _{X}$	V	X	$\begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$	v	X	$ _{V}$	$ _{X}$	$ _{\mathbf{v}}$	X	$ _{X}$

- * Notar, de nuevo, que **toda la** información necesaria para saber cuánto hay que desplazar a la derecha el patrón está incluida en el propio patrón.
- Se puede "preprocesar" (o precondicionar) el patrón para acelerar el método directo.
- La idea es la siguiente:
 - La cadena madre *S* siempre se recorre hacia la derecha (no hay retrocesos), aunque un mismo carácter de S puede compararse con varios del patrón *P* (cuando haya discrepancias).
 - Cuando haya una discrepancia se consultará una tabla para saber cuánto hay que retroceder en el patrón o, dicho de otra forma, cuántos desplazamientos del patrón hacia la derecha pueden hacerse.
 - En la tabla hay un entero por cada carácter de *P*, e indica cuántos desplazamientos hacia la derecha deben hacerse cuando ese carácter discrepe con uno de la cadena madre.

Definición precisa de la tabla:

– Para cada p_i de P, hay que calcular el sufijo más largo $p_{i-i}p_{i-j+1}...p_{i-1}$ que es igual al prefijo de P:

$$sig(i) = \max \{ j \mid 0 < j < i-1, p_{i-j}p_{i-j+1}...p_{i-1} = p_1p_2...p_j \}$$
 0 si no existe tal j

- Así, si sig(i) = j, el caracter discrepante de S con p_i puede pasar a compararse directamente con p_{i+1} (sabemos que los j caracteres más recientes de \tilde{S} coinciden con los *j* primeros de *P*).
- Por convenio, sig(1) = -1, para distinguir ese caso especial.
- Además, es obvio que siempre sig(2) = 0(no existe ningún j tal que 0 < j < 2-1).

En el ejemplo anterior:

$$i = 1$$
 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11
 $P = x$ y x y y x y x y x x x
 $sig = -1$ 0 0 1 2 0 1 2 3 4 3

```
función KMP(S,P:cadena; n,m:natural)
        devuelve natural
{Idéntica especificación a 'subcadena'.}
variables i,j,pos:natural
principio
  j:=1; i:=1;
  pos:=0;
  mq pos=0 and i≤n hacer
    si P[j]=S[i]
      entonces
         j := j+1;
         i := i + 1
      sino
         j:=sig[j]+1;
        si j=0 entonces
           j:=1;
           i := i + 1
        fsi
    fsi;
    si j=m+1 entonces pos:=i-m fsi
  fmq;
  devuelve pos
```

* Falta el cálculo de la tabla sig:

- Lo haremos por inducción.
- sig(2) = 0
- Suponer que *sig* ya está calculada para 1,2,...,*i*-1.
 - Como mucho, sig(i) puede ser sig(i-1)+1Esto ocurre si $p_{i-1} = p_{sig(i-1)+1}$.

$$i = 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11$$
 $P = \underbrace{x \ y \ x \ y}_{sig} \underbrace{y \ y \ x \ y \ x \ y}_{0 \ 1 \ 2 \ 3 \ 4} \underbrace{x \ x}_{0 \ 1 \ 2 \ 3 \ 4}$

• Si
$$p_{i-1} \neq p_{sig(i-1)+1}$$
:

$$i = 1 \quad 2 \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad 7 \quad 8 \quad 9 \quad 10 \quad \boxed{11}$$

$$P = \underbrace{x \quad y \quad x \quad y}_{sig} \underbrace{y \quad x \quad y \quad x \quad y}_{0 \quad 1 \quad 2 \quad 3} \underbrace{x \quad x}_{4} \quad ?$$

Es como una búsqueda de un patrón...

$$i = 1 \ 2 \ 3 \ 4 \ 5 \ 6 \ 7 \ 8 \ 9 \ 10 \ 11$$

$$P = x \ y \ x \ y \ x \ y \ x \ y \ x \ x$$

$$p_1...p_{sig(i-1)+1} = x \ y \ x \ y \ x \ y \ x$$

$$p_1...p_{sig(sig(i-1)+1)+1} = x \ x \ y \ x \ y \ x$$

$$\Rightarrow sig(11) = 3$$

Reconocimiento de patrones: El algoritmo KMP

```
tipo vect = vector[1..m] de entero
```

```
algoritmo calculaSig(ent P:cadena;
                      ent m:natural;
                      sal siq:vect)
{Cálculo de la tabla 'sig' para el
patrón 'P'.}
variables i,j:natural
principio
  sig[1] := -1;
  sig[2] := 0;
  para i:=3 hasta m hacer
    j:=sig[i-1]+1;
    mq j>0 and entonces P[i-1]≠P[j] hacer
      j:=sig[j]+1
    fmq;
    sig[i]:=j
  fpara
```

Reconocimiento de patrones: El algoritmo KMP

Análisis de la función KMP:

- La cadena madre S se recorre sólo una vez, aunque un carácter s_i de S puede que haya que compararlo con varios de P.
- ¿Cuántas veces se puede llegar a comparar un carácter s_i de S con otros de P?
 - Supongamos que la primera comparación de s_i se hace con p_k . Por tanto, en particular, se ha avanzado k veces en P hasta hacer esa comparación y sin retroceder ninguna vez.
 - Si $s_i \neq p_k$, se retrocede en P (usando la tabla sig). Sólo se puede retroceder un máximo de
 - Si se suma el coste de los retrocesos al de los movimientos de avance, únicamente se dobla el coste de los avances.

Pero el número de avances en *P* coincide con el número de avances en *S* y es *n*.

Luego el número de comparaciones es O(n).

 Con similares argumentos se demuestra que el coste del cálculo de la tabla sig es O(m), luego el coste total es O(n).

R.S. Boyer y J.S. Moore:

"A fast string searching algorithm", *Communications of the ACM*, 20(10), pp. 762-772, 1977.

- Como el algoritmo KMP, el algoritmo BM puede encontrar todas las apariciones de un patrón P (de longitud m) en una cadena madre S (de longitud n) en un tiempo O(n) en el caso peor.
- * KMP examina cada carácter de *S* al menos una vez, luego realiza un mínimo de *n* comparaciones.
- * BM es **sublineal**: no examina necesariamente todos los caracteres de *S* y el nº de comp. es, a menudo, inferior a *n*.
- Además, BM tiende a ser más eficiente cuando m crece.
- * En el mejor caso, BM encuentra todas las apariciones de P en S en un tiempo O(m+n/m).

Descripción:

- Como en KMP, desplazamos *P* sobre *S* de izquierda a derecha examinando los caracteres enfrentados.
- Pero ahora la verificación de los caracteres de P se hace de derecha a izquierda después de cada desplazamiento del patrón.
- Se utilizan dos reglas para decidir el desplazamiento que hay que hacer después de una discrepancia:
 - Regla A. Después de un desplazamiento, se compara p_m con un carácter c de S y son distintos:
 - ◆ Si *c* aparece más a la izquierda en el patrón, se desplaza éste para alinear la última aparición de c en el patrón con el carácter c de S.
 - Si c no está en P, se coloca éste inmediatamente detrás de la aparición de c en S.

Regla B. Si un cierto n^0 de caracteres al final de Pse corresponde con caracteres de *S*, aprovechamos este conocimiento parcial de S (como en KMP) para desplazar P a una nueva posición compatible con la información que poseemos.

Ejemplo:

S= 'se espera cielo nublado para mañana' P = 'lado'

> Se detecta la primera discrepancia en la primera comparación. Se aplica la Regla A:

S= `se espera cielo nublado para mañana' `lado'

De nuevo una discrepancia. Regla A:

S= 'se espera cielo nublado para mañana' P =`lado'

Lo mismo. Regla A:

S= `se espera cielo nublado para mañana' P =`lado'

$$S=$$
 `se espera cielo nublado para mañana' $P=$ `lado'

Lo mismo. Regla A:

$$S=$$
 `se espera cielo nublado para mañana' $P=$ `lado'

Discrepancia. Regla A. Ahora el carácter enfrentado a p_m aparece en P. Se desplaza P para alinear ambas apariciones.

Se hace la verificación (de derecha a izquierda) y se encuentra el patrón.

- Sólo se ha usado la Regla A.
- Se han hecho sólo 9 comparaciones.

* Otro ejemplo:

S= `babcbabcabcabcabcabcabca' P= `abcabcacab' $\uparrow \uparrow \uparrow \uparrow \uparrow$

- Se hacen 4 comparaciones hasta encontrar la 1^a diferencia.
- Sabemos que, a partir de esa posición, S contiene los caracteres 'xcab' con x≠a.
- Regla B: Desplazando P 5 posiciones hacia la derecha se mantiene esa información (el subrayado indica los caracteres alineados).

S = `babcbabcabcabcabcabcabcabc' $P = \text{`ab}\underline{\text{cacab}}'$

- Regla A:

S = `babcbabcabcabcabcabcabcabcabc' P = `abcabcacabc' $\uparrow \uparrow \uparrow \uparrow \uparrow$

- A diferencia del algoritmo KMP, el BM puede hacer comparaciones redundantes (correspondientes a los caracteres subrayados).
- De nuevo, la Regla B (para alinear 'cab'):

$$S=$$
 `babcbabcabcaabcabcabcacabc'
$$P=$$
 `abcabcacab'

- Regla A:

$$S = \text{`babcbabcabcabcabcabcabca'}$$
 $P = \text{`abcabcacabc'}$

- Otra vez, Regla A:

– Se han hecho 21 comparaciones para encontrar *P*, 2 de ellas redundantes.

- Precondicionamiento o preproceso necesario para implemetar BM:
 - Se necesita dos vectores:

```
d1[{juego de caracteres}]
  d2[1..m-1]
el 1º para implementar la Regla A y el 2º la B.
```

- El cálculo de d1 es fácil:

```
para todo c∈ {juego caract.} hacer
  si c∉P[1..m]
    entonces d1[c]:=m
    sino d1[c]:=m-max{i|P[i]=c}
  fsi
fpara
```

- El cálculo de d2 es más complicado (no veremos los detalles).
- La interpretación de d2 es: Después de una discrepancia en la posición *i* del patrón, recomenzamos la comprobación en la posición *m* del patrón d2[i] caracteres más a la derecha en S.
- Veamos un ejemplo:

$$S = ?????xe??????' con x \neq t$$
 $P = costente'$

Como $x\neq t$ no se puede alinear la e de S con la otra e de P, luego hay que desplazar Pcompletamente, es decir, d2[6]:=8:

$$S = ?????xe??????'$$
 con $x \neq t$
 $P =$ 'ostente'

- De igual forma:

$$S = `????xte??????' con x \neq n$$

$$P = \text{`ostente'}$$



En este caso, es claro que d2[5] := 5:

$$S = `????xte??????' con x \neq n$$

$$P =$$
 'ostente'



Etcétera: d2 := [13, 12, 11, 10, 5, 8]

 Hay veces que según lo dicho hasta ahora hay que aplicar la Regla B, sin embargo es más eficiente aplicar la Regla A:

$$S = `??virte???????'$$
 $P = `ostente'$

Si se aplica la Regla B (d2[5]=5):

$$S = ???virte???????'$$
 $P = ostente'$

Sin embargo, como 'r' no aparece en P, se puede desplazar directamente en (d1[u]=7):

$$S = ??virte???????$$
 $P = ostente'$

Detalles: ¡consultar bibliografía!