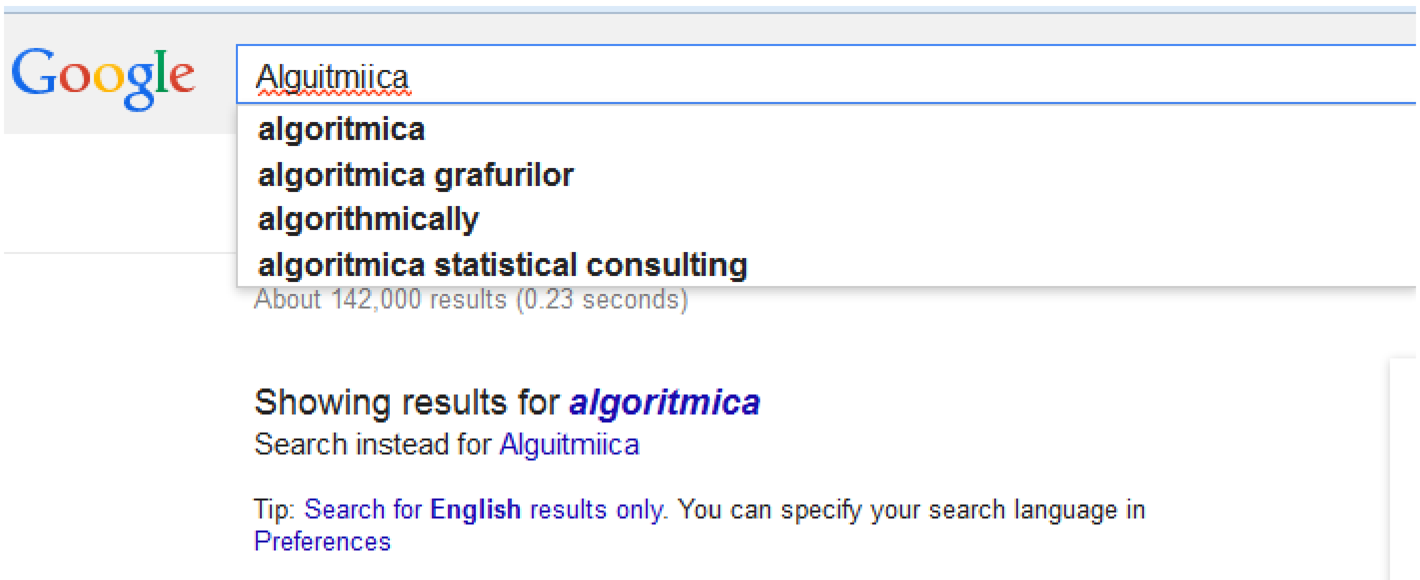
# CURS 11:

## Programare dinamică

## - I -

# Motivație




Cum se decide că am intenționat să scriu Algoritmica în loc de Alguitmiica?

Se evaluează o măsură a disimilarității dintre cuvinte

# Evaluarea disimilarității dintre cuvinte

- Ce erori pot să intervină în tastarea unui cuvânt (text)
  - Înlocuirea unei litere cu o altă literă
    - Algoritmica -> Alguritmica
  - Absența unei litere
    - Algoritmica -> Algoitmica
  - Introducerea unei litere suplimentare
    - Algoritmica -> Algoritmiica

- Cum poate fi calculată distanța dintre două cuvinte?
  - Numărul minim de operații de înlocuire/ ștergere/ inserție literă care asigură transformarea unuia dintre cuvinte în celălalt

Exemplu: Alguitmiica -> Algoitmiica -> Algoritmiica -> Algoritmica

înlocuire inserție ștergere

# Motivație

Analiza similarității dintre secvențe ADN (alinierea secvențelor ADN)

| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Scarites | C | T | T | A | G | A | T | C | G | T | A | C | C | A | A | - | - | - | A | A | T | A | T | T | A | C |
| Carenum | C | T | T | A | G | A | T | C | G | T | A | C | C | A | C | A | - | T | A | C | - | T | T | T | A | C |
| Pasimachus | A | T | T | A | G | A | T | C | G | T | A | C | C | A | C | T | A | T | A | A | G | T | T | T | A | C |
| Pheropsophus | C | T | T | A | G | A | T | C | G | T | T | C | C | A | C | - | - | - | A | C | A | T | A | T | A | C |
| Brachinus armiger | A | T | T | A | G | A | T | C | G | T | A | C | C | A | C | - | - | - | A | T | A | T | A | T | T | C |
| Brachinus hirsutus | A | T | T | A | G | A | T | C | G | T | A | C | C | A | C | - | - | - | A | T | A | T | A | T | A | C |
| Aptinus | C | T | T | A | G | A | T | C | G | T | A | C | C | A | C | - | - | - | A | C | A | A | T | T | A | C |
| Pseudomorpha | C | T | T | A | G | A | T | C | G | T | A | C | C | - | - | - | - | - | A | C | A | A | A | T | A | C |

[www.sequence-alignment.com]

Obs: Determinarea scorului de potrivire dintre două secvențe ADN este similară determinării distanței de editare, erorile de editare fiind înlocuite cu mutații care cauzează: inserția/eliminarea/înlocuirea unei nucleotide în oricare dintre secvențe

TCGAAGTA TCGA- AGTA

CCATAG CC- ATAG - -

http://www.bioinformatics.org/sms2/pairwise_align_dna.html

# Calculul distanței de editare

Intrare: Se consideră două șiruri (cuvinte): x[1..m] si y[1..n]

Ieșire: Numărul minim de operații de inserție, ștergere, înlocuire simbol care permite transformarea șirului x[1..m] în șirul y[1..n]

Idee: se analizează prima dată cazuri particulare după care se încearcă extinderea soluției pentru cazul general

Notație: D[i,j] reprezintă distanța de editare dintre șirurile parțiale (prefixele) x[1..i] și y[1..j]

Cazuri particulare:

- i=0 (x este vid): D[0,j]=j

  (sunt necesare j inserări pt a transforma x în y)

- j=0 (y este vid): D[i,0]=i

  (sunt necesare i ștergeri pentru a transforma x în y)

# Calculul distanței de editare

Intrare: Se consideră două șiruri (cuvinte): x[1..m] si y[1..n]

Ieșire: Numărul minim de operații de inserție, ștergere, înlocuire simbol care permite transformarea șirului x[1..m] în șirul y[1..n]

Notație: D[i,j] reprezintă distanța de editare dintre șirurile parțiale (prefixele) x[1..i] și y[1..j]

Cazuri posibile:

- Dacă x[i]=y[j] atunci D[i,j] = D[i-1,j-1]
- Dacă x[i]!=y[j] atunci se analizează trei situații:
  - x[i] se înlocuiește cu y[j]: D[i,j]=D[i-1,j-1]+1
  - x[i] se șterge: D[i,j]=D[i-1,j]+1
  - y[j] se inserează după x[i]: D[i,j]=D[i,j-1]+1

și se alege varianta care conduce la cel mi mic număr de operații:

D[i,j]=min{D[i-1,j-1] , D[i-1,j], D[i,j-1]}+1

# Calculul distanței de editare

Exemplu: x="carte", y="caiete"

$$D[i,j] = \begin{cases} i & j = 0 \\ j & i = 0 \\ D[i-1,j-1] & x[i] = y[j] \\ \min\{D[i-1,j-1], D[i,j-1], D[i-1,j]\} + 1 & x[i] \neq y[j] \end{cases}$$

| | | | c | a | i | e | t |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | D | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
| | 0 | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
| c | 1 | 1 | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 |
| a | 2 | 2 | 1 | 0 | 1 | 2 | 3 |
| r | 3 | 3 | 2 | 1 | 1 | 2 | 3 |
| t | 4 | 4 | 3 | 2 | 2 | 2 | 2 |
| e | 5 | 5 | 4 | 3 | 3 | 2 | 3 |

Distanța de editare: 3

# Calculul distanței de editare

Exemplu: x="carte", y="caiete"

$$D[i,j] = \begin{cases} i & j = 0 \\ j & i = 0 \\ D[i-1, j-1] & x[i] = y[j] \\ \min\{D[i-1, j-1], D[i, j-1], D[i-1, j]\} + 1 & x[i] \neq y[j] \end{cases}$$

| | | c | a | i | e | t |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | D | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
| | 0 | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
| c | 1 | 1 | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 |
| a | 2 | 2 | 1 | 0 | 1 | 2 | 3 |
| r | 3 | 3 | 2 | 1 | 1 | 2 | 3 |
| t | 4 | 4 | 3 | 2 | 2 | 2 | 2 |
| e | 5 | 5 | 4 | 3 | 3 | 2 | 3 |

Distanța de editare: 3

Determinare secvenței de operații de editare:

carte -> cart -> caet -> caiet

eliminare înlocuire inserție

Deplasări: sus diagonala stânga

# Structura

- Ce este programarea dinamică ?

- Etapele principale în aplicarea programării dinamice

- Relații de recurență: dezvoltare ascendentă vs.dezvoltare descendentă

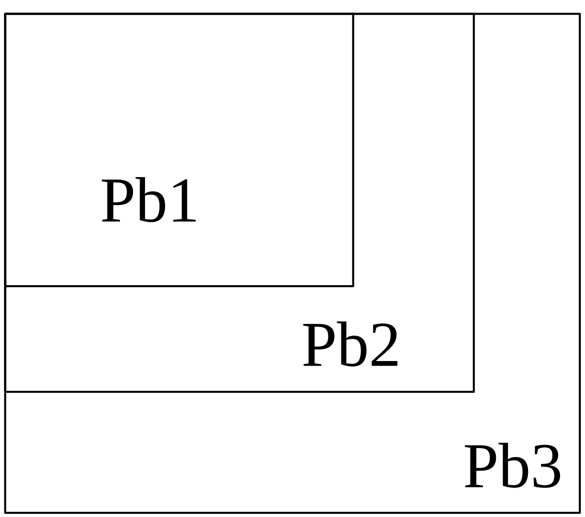
- Alte aplicații ale programării dinamice

# Ce este programarea dinamică?

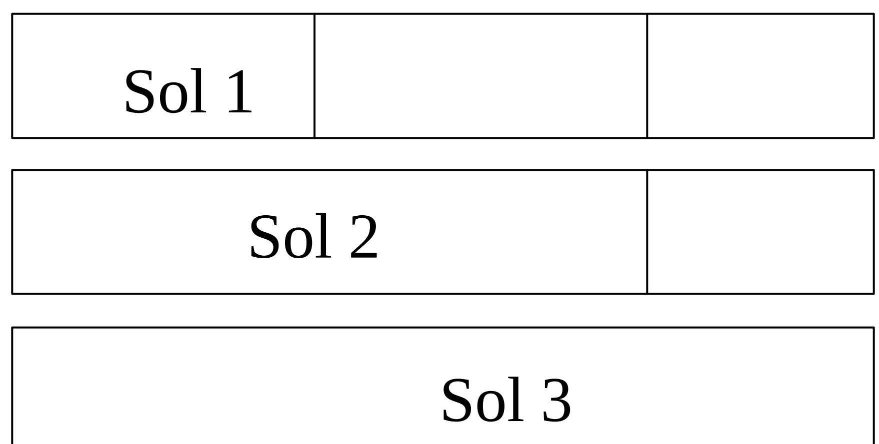
- Este o tehnică de proiectare a algoritmilor pentru rezolvarea problemelor care pot fi descompuse în subprobleme care se suprapun – poate fi aplicată problemelor de optimizare care au proprietatea de substructură optimă

- Particularitatea metodei constă în faptul că fiecare suproblemă este rezolvată o singură dată iar soluția ei este stocată (într-o structură tabelară) pentru a putea fi ulterior folosită pentru rezolvarea problemei inițiale.

Descompunerea problemei in subprobleme suprapusec




Soluția problemei Pb3 contine soluțiile (sub)problemelor Pb1 si Pb2



# Ce este programarea dinamică?

Obs.

- Programarea dinamică a fost dezvoltată de către Richard Bellman in 1950 ca metodă generală de optimizare a proceselor de decizie.

- In programarea dinamică cuvântul programare se referă la planificare și nu la programare în sens informatic.

- Cuvântul dinamic se referă la maniera în care sunt construite tabelele în care se rețin informațiile referitoare la soluțiile parțiale.

# Ce este programarea dinamică?

- Programarea dinamică este corelată cu tehnica divizării întrucât se bazează pe divizarea problemei inițiale în subprobleme. Există însă câteva diferențe semnificative între cele două abordări:

  - divizare: subproblemele în care se divide problema inițială sunt independente, astfel că soluția unei subprobleme nu poate fi utilizată în construirea soluției unei alte subprobleme

  - programare dinamică: subproblemele sunt dependente (se suprapun) astfel că soluția unei subprobleme se utilizează în construirea soluțiilor altor subprobleme (din acest motiv este important ca soluția fiecărei subprobleme rezolvate să fie stocată pentru a putea fi reutilizată)

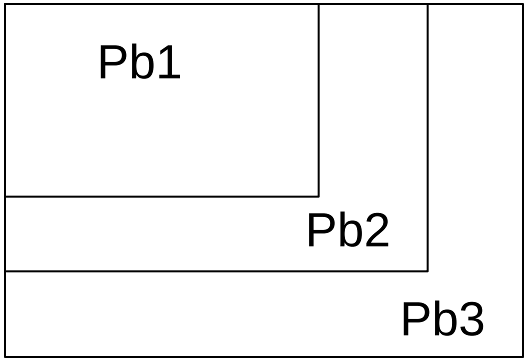
# Ce este programarea dinamică?

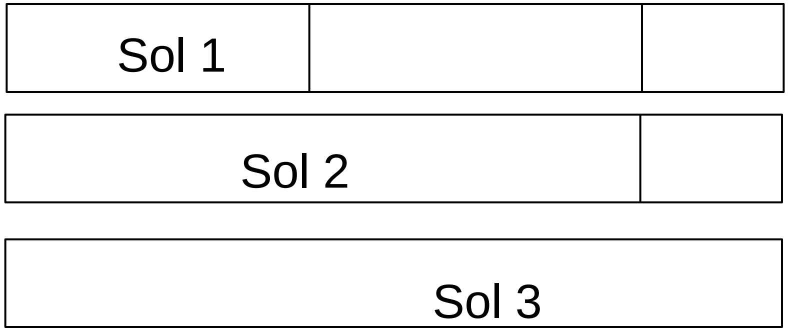
Diferența dintre descompunerea în subprobleme în cazul tehnicii divizării respectiv a programării dinamice

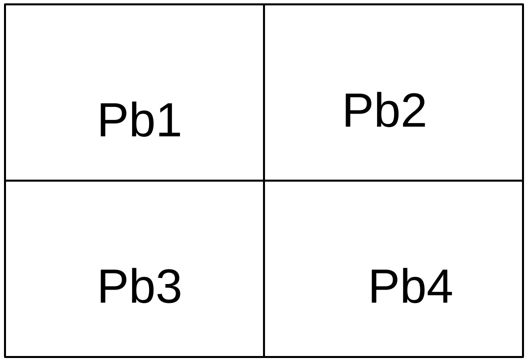
Descompunerea in subprobleme

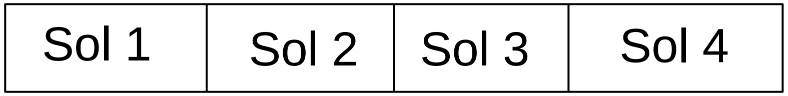
Structura soluției

Programare dinamică




Tehnica divizării

# Ce este programarea dinamică?

- Programarea dinamică este corelată și cu strategia căutării local optimale (greedy) întrucât ambele se aplică problemelor de optimizare care au proprietatea de substructură optimă iar soluțiile sunt construite incremental

# Structura

- Ce este programarea dinamică ?
- Etapele principale în aplicarea programării dinamice
- Relații de recurență: dezvoltare ascendentă vs.dezvoltare descendentă
- Alte aplicații ale programării dinamice

# Etapele principale în aplicarea programării dinamice

1. Se analizeaza structura soluției: se stabilește modul in care soluția problemei depinde de soluțiile subproblemelor. Această etapă se referă de fapt la verificarea proprietății de substructură optimă și la identificarea problemei generice (forma generală a problemei inițiale și a fiecărei subprobleme).

2. Identificarea relației de recurență care exprimă legătura între soluția problemei și soluțiile subproblemelor. De regulă in relația de recurență intervine valoarea criteriului de optim.

3. Dezvoltarea relației de recurență. Relația este dezvoltată în manieră ascendentă astfel încât să se construiască tabelul cu valorile asociate subproblemelor.

4. Construirea propriu-zisă a soluției – se bazează pe informațiile determinate în etapa anterioară.

# Structura

- Ce este programarea dinamică ?
- Etapele principale în aplicarea programării dinamice
- Relații de recurență: dezvoltare ascendentă vs.dezvoltare descendentă
- Alte aplicații ale programării dinamice

# Dezvoltarea relațiilor de recurență

Există două abordări principale:

- Ascendentă (bottom up): se pornește de la cazul particular și se generează noi valori pe baza celor existente.
- Descendentă (top down): valoarea de calculat se exprimă prin valori anterioare, care trebuie la rândul lor calculate. Această abordare se implementează de regulă recursiv (și de cele mai multe ori conduce la variante ineficiente – eficientizarea se poate realiza prin tehnica memoizării (vezi cursul următor))

# Dezvoltarea relațiilor de recurență

Exemplu 1. Calculul celui de al m-lea element al secvenței Fibonacci

$f_1=f_2=1$; $f_n=f_{n-1}+f_{n-2}$ for $n>2$

Abordare descendentă:

```
fib(m)
IF (m=1) OR (m=2)  THEN
    RETURN 1
ELSE
   RETURN fib(m-1)+fib(m-2)
ENDIF
```

Eficiența:

$$T(m) = \begin{cases} 0 & \text{if } m<=2 \\ T(m-1)+T(m-2)+1 & \text{if } m>2 \end{cases}$$

T:

0 0 1 2 4 7 12 20 33 54 …

Fibonacci:

1 1 2 3 5 8 13 21 34 55 …

$f_n$ apartine lui $O(\varphi^n)$,

$$\varphi = (1+\sqrt{5})/2$$

$T(m)= f_m-1$ apartine lui $O(\varphi^m)$

# Dezvoltarea relațiilor de recurență

Exemplu 1. Calculul celui de al m-lea element al secvenței Fibonacci

$f_1=f_2=1;\quad f_n=f_{n-1}+f_{n-2}$ for n>2

Abordare ascendentă:

```
fib(m)
f[1]←1; f[2] ← 1;
FOR i ← 3,m DO
    f[i] ← f[i-1]+f[i-2]
ENDFOR
RETURN f[m]
```

Eficienta:

T(m)=m-2 => complexitate liniară

Obs: eficiența în timp este plătită prin utilizarea unui spațiu adițional. Dimensiunea spațiului adițional poate fi semnificativ redusă

(sunt suficiente 2 variabile adiționale)

```
fib(m)
f1 ← 1; f2 ← 1;
FOR i ← 3,m DO
    f2 ← f1+f2; f1 ← f2-f1;
ENDFOR
RETURN f2
```

# Dezvoltarea relațiilor de recurență

Exemplu 2. Calculul coeficienților binomiali C(n,k) (combinări de n luate câte k)

$$C(n,k)=\begin{cases} 0 & \text{dacă } n<k \\ 1 & \text{dacă } k=0 \text{ sau } n=k \\ C(n-1,k)+C(n-1,k-1) & \text{altfel} \end{cases}$$

Abordare descendentă:

```
comb(n,k)
  IF (k=0) OR (n=k) THEN
     RETURN 1
  ELSE
     RETURN comb(n-1,k)+comb(n-1,k-1)
  ENDIF
```

Efficiența:

Dim pb: (n,k)

Op. dominantă: adunare

T(n,k)= 0  dacă k=0 sau k=n

T(n,k)=T(n-1,k)+T(n-1,k-1), altfel

Nr adunări = nr noduri în arborele de apeluri recursive

$T(n,k) >= 2^{\min\{k,n-k\}}$

$T(n,k) \in \Omega(2^{\min\{k,n-k\}})$

# Dezvoltarea relațiilor de recurență

Exemplu 2. Calculul coeficienților binomiali C(n,k)

$$C(n,k)=\begin{cases} 0 & \text{dacă } n<k \\ 1 & \text{dacă } k=0 \text{ sau } n=k \\ C(n-1,k)+C(n-1,k-1) & \text{altfel} \end{cases}$$

Abordare descendentă: construirea triunghiului lui Pascal

| | 0 | 1 | 2 | … | k-1 | k |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 0 | 1 | | | | | |
| 1 | 1 | 1 | | | | |
| 2 | 1 | 2 | 1 | | | |
| … | | | | | | |
| k | 1 | | | … | | 1 |
| … | | | | | | |
| n-1 | 1 | | | | C(n-1,k-1) | C(n-1,k) |
| n | 1 | | | | | C(n,k) |

# Dezvoltarea relațiilor de recurență

Algoritm:

```
Comb(n,k)
FOR i←0,n DO
  FOR j ← 0,min{i,k} DO
     IF (j=0) OR (j=i) THEN
      C[i,j] ← 1
    ELSE
       C[i,j] ← C[i-1,j]+C[i-1,j-1]
    ENDIF
  ENDFOR
ENDFOR
RETURN C[n,k]
```

Eficiența:

Dim pb: (n,k)

Op. dominanta: adunarea

$T(n,k)=(1+2+\ldots+k-1)+(k+\ldots+k)$

$\quad =k(k-1)/2+k(n-k+1)$

$T(n,k) \in \Theta(nk)$

Obs. Dacă trebuie calculat doar C(n,k) este suficient să se utilizeze un tablou cu k elemente ca spațiu suplimentar

# Aplicații ale programării dinamice

## Cel mai lung subșir strict crescător

Fie $a_1,a_2,\ldots,a_n$ o secvență. Să se determine cel mai lung subșir având proprietatea $a_{j1}<a_{j2}<\ldots<a_{jk}$ (un subșir strict crescător având numărul de elemente maxim).

Exemplu:

a = (2,5,1,3,6,8,2,10,4)

Subșiruri strict crescătoare de lungime 5 (lungimea maximă):

(2,5,6,8,10)

(2,3,6,8,10)

(1,3,6,8,10)

# Cel mai lung subșir strict crescător

1. Analiza structurii solutiei.

Fie s=($a_{j1}$, $a_{j2}$,…,$a_{j(k-1)}$ ,$a_{jk}$ ) soluția optimă. Inseamnă că nu există nici un element în a[1..n] aflat după $a_{jk}$ care să fie mai mare decât $a_{jk}$ . In plus nu există element în șirul inițial având indicele cuprins între $j_{(k-1)}$ și $j_k$ iar valoarea cuprinsă între valorile acestor elemente ale subșirului s (s nu ar mai fi soluție optimă). Aratăm că s'=($a_{j1}$, $a_{j2}$,…,$a_{j(k-1)}$ ) este soluție optimă pentru problema determinării celui mai lung subșir care se termină în $a_{j(k-1)}$ . Pp ca s' nu este optimal. Rezultă că există un subșir s" de lg. mai mare. Adaugând la s" elementul $a_{jk}$ s-ar obține o soluție mai bună decât s, implicând că s nu este optim. Se ajunge astfel la o contradicție, deci s' este soluție optimă a subproblemei determinării unui subșir crescător care se termină în $a_{j(k-1)}$

Deci problema are proprietatea de substructură optimă

# Cel mai lung subșir strict crescător

2. Construirea unei relații de recurență

Fie $B_i$ numărul de elemente al celui mai lung subșir strict crescător care se termină în $a_i$

$$B_i = \begin{cases} 1 & \text{if } i=1 \\ 1+\max\{B_j \mid 1<=j<=i-1,\ a_j<a_i\} \end{cases}$$

Exemplu:

a = (2,5,1,3,6,8,2,10,4)

B = (1,2,1,2,3,4,2,5,3)

# Cel mai lung subșir strict crescător

3. Dezvoltarea relației de recurență

$$B_i = \begin{cases} 1 & \text{if } i=1 \\ 1+\max\{B_j \mid 1<=j<=i-1, a_j<a_i\} \end{cases}$$

Complexitate: $\theta(n^2)$

```
calculB(a[1..n])
B[1]←1
FOR i ← 2,n DO
  max ← 0
  FOR j ← 1,i-1 DO
    IF a[j]<a[i] AND max<B[j]
        THEN max ← B[j]
    ENDIF
  ENDFOR
  B[i] ← max+1
ENDFOR
RETURN B[1..n]
```

# Cel mai lung subșir strict crescător

4. Construirea soluției

Se determină maximul lui B

Se construiește s succesiv pornind de la ultimul element

Complexitate: θ(n)

```
construire(a[1..n],B[1..n])
m ← 1
FOR i ← 2,n DO
  IF B[i]>B[m] THEN m ← i ENDIF
ENDFOR
k ← B[m]
s[k] ← a[m]
WHILE B[m]>1 DO
   i ← m-1
  WHILE a[i]>=a[m] OR B[i]<>B[m]-1 DO
       i ← i-1
  ENDWHILE
  m ← i;  k ← k-1;  s[k] ← a[m]
ENDWHILE
RETURN s[1..k]
```

# Cel mai lung subșir strict crescător (varianta 2)

```
calculB(a[1..n])
B[1] ← 1;  P[1] ← 0
FOR i ← 2,n DO
  max ← 0
  P[i] ← 0
  FOR j ← 1,i-1 DO
    IF a[j]<a[i] AND max<B[j]
    THEN max ← B[j]
              P[i] ← j
    ENDIF
  ENDFOR
  B[i] ← max+1
ENDFOR
RETURN B[1..n]
```

```
construire(a[1..n],B[1..n],P[1..n])
m ← 1
FOR i ← 2,n DO
  IF B[i]>B[m] THEN m ← i ENDIF
ENDFOR
k:=B[m]
s[k]:=a[m]
WHILE P[m]>0 DO
    m ← P[m]
    k ← k-1
    s[k] ← a[m]
ENDWHILE
RETURN s[1..k]
```

P[i] este indicele elementului ce îl precede pe a[i] în subșirul optim.
Utilizarea lui P[1..n] simplifică construirea solutiei

# Cel mai lung subșir comun

Fiind date două șiruri (secvențe) $a_1,\ldots, a_n$ si $b_1,\ldots,b_m$ să se determine un subșir $c_1,\ldots c_k$ care satisface:

- Este subșir comun al șirurilor a și b, adică există $i_1,\ldots,i_k$ si $j_1,\ldots,j_k$ astfel incât

  $c_1=a_{i1}=b_{j1}, c_2=a_{i2}=b_{j2}, \ldots , c_k=a_{ik}=b_{jk}$
- k este maxim (cel mai lung subșir comun)

Obs : această problemă este un caz particular întâlnit în bioinformatică având ca scop analiza similarității dintre două șiruri de nucleotide (ADN) sau aminoacizi (proteine) – cu cât au un subșir comun mai lung cu atât sunt mai similare cele două șiruri inițiale

# Cel mai lung subșir comun

Exemplu:

a: 2 1 4 3 2

b: 1 3 4 2

Subșiruri comune:

1, 3

1, 2

4, 2

1, 3, 2

1, 4, 2

Variantă a problemei: determinarea celei mai lungi subsecvențe comune de elemente consecutive

Exemplu:

a: 2 1 3 4 5

b: 1 3 4 2

Subsecvențe comune:

1, 3

3, 4

1, 3, 4

# Cel mai lung subsir comun

1. Analiza structurii unei soluții optime

Fie P(i,j) problema determinării celui mai lung subșir comun al șirurilor a[1..i] și b[1..j]. Dacă a[i]=b[j] atunci soluția optimă conține acest element comun iar restul elementelor este reprezentat de soluția optimă a subproblemei P(i-1,j-1) (care constă în determinarea celui mai lung subșir comun al șirurilor a[1..i-1] respectiv b[1..j-1]. Dacă a[i]<>b[j] atunci soluția optimă coincide cu cea mai bună dintre soluțiile subproblemelor P(i-1,j) respectiv P(i,j-1).

2. Deducerea relatiei de recurență. Fie L(i,j) lungima soluției optime a problemei P(i,j). Atunci:

$$L[i,j]=\begin{cases} 0 & \text{dacă } i=0 \text{ sau } j=0 \\ 1+L[i-1,j-1] & \text{dacă } a[i]=b[j] \\ \max\{L[i-1,j],L[i,j-1]\} & \text{altfel} \end{cases}$$

# Cel mai lung subșir comun

Exemplu:

a: 2 1 4 3 2

b: 1 3 4 2

$$L[i,j]=\begin{cases} 0 & \text{dacă } i=0 \text{ sau } j=0 \\ 1+L[i-1,j-1] & \text{dacă } a[i]=b[j] \\ \max\{L[i-1,j],L[i,j-1]\} & \text{altfel} \end{cases}$$

| | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 |
|---|---|---|---|---|---|
| 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 |
| 2 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| 3 | 0 | 1 | 1 | 2 | 2 |
| 4 | 0 | 1 | 2 | 2 | 2 |
| 5 | 0 | 1 | 2 | 2 | 3 |

# Cel mai lung subsir comun

Dezvoltarea relației de recurență:

$$L[i,j]=\begin{cases} 0 & \text{dacă } i=0 \text{ sau } j=0 \\ 1+L[i-1,j-1] & \text{dacă } a[i]=b[j] \\ \max\{L[i-1,j],L[i,j-1]\} & \text{altfel} \end{cases}$$

```
calcul(a[1..n],b[1..m])
FOR i ← 0,n DO L[i,0] ← 0 ENDFOR
FOR j ← 1,m DO L[0,j] ← 0 ENDFOR
FOR i ← 1,n DO
  FOR j ← 1,m DO
   IF a[i]=b[j]
   THEN  L[i,j] ← L[i-1,j-1]+1
   ELSE
     L[i,j] ← max(L[i-1,j],L[i,j-1])
   ENDIF
  ENDFOR
ENDFOR
RETURN L[0..n,0..m]
```

# Cel mai lung subșir comun

## Construirea solutiei (varianta recursiva):

```
Construire(i,j)
IF L[i,j]>0 THEN
   IF a[i]=b[j]
  THEN
      construire(i-1,j-1)
      k ← k+1
      c[k] ← a[i]
  ELSE
      IF L[i-1,j]>L[i,j-1]
      THEN  construire(i-1,j)
      ELSE  construire (i,j-1)
ENDIF ENDIF ENDIF
```

## Observatii:

- a, b, c și k sunt variabile globale
- Inainte de apelul funcției, variabila k se inițializează (k=0)
- Funcția de construire se apelează prin

  construire(n,m)

# Cursul următor…

…alte aplicații ale programării dinamice

… tehnica memoizării