# Algoritmizace

## Dynamické programování

Jiří Vyskočil, Marko Genyg-Berezovskyj

2010

# Rozděl a panuj (divide-and-conquer)

- **Rozděl (Divide):** Rozděl problém na několik podproblémů tak, aby tyto podproblémy odpovídaly původnímu problému, ale měly menší velikost.
- **Panuj (Conquer):** Rekurzivně vyřeš tyto podproblémy. Jestliže je podproblém dostatečně malý, vyřeš ho přímo (bez rekurze).
- **Kombinuj (Combine):** Zkombinuj řešení podproblémů do řešení výsledného původního problému.

# Dynamické programování

- Řeší problémy podobně jako metoda rozděl a panuj (divide-and-conquer) kombinováním řešení podproblémů.
- Slovo programování zde neznamená psaní kódu, ale použití určité metody pro řešení (podobně jako lineární programování, atd).
- Metoda rozděl a panuj typicky dělí problém rekurzivně na **nezávislé** podproblémy.
- Naproti tomu dynamické programování se používá tam, kde podproblémy nejsou nezávislé (tj. **podproblémy sdílejí společné podpodproblémy**). Metoda rozděl a panuj by v takovém případě opakovaně řešila stejné společné podpodproblémy, čímž by vykonávala zbytečnou práci navíc.
- Dynamické programování řeší každý podpodproblém pouze jednou a jeho řešení si pamatuje v tabulce. Tím zamezí opakovanému řešení stejných podproblémů.

# Dynamické programování

- Popis vývoje algoritmu dynamického programování:

1) Charakterizace struktury optimálního řešení.
2) Nalezení rekurzivní definice pro výpočet hodnoty optimálního řešení.
3) Nalezení výpočtu hodnoty optimálního řešení zdola nahoru (od nejjednodušších podproblémů ke složitějším).
4) Nalezení konstrukce optimálního řešení z vypočtených informací (tento krok může být vynechán pokud je hodnota optimálního řešení přímo vlastní optimální řešení).

# Příklad: Nejdelší společná podposloupnost

- Motivace
  - V biologických aplikacích chceme často porovnávat řetězce DNA různých organizmů a zjišťovat jejich podobnost.
  - Řetězec DNA je posloupnost nukleotidů, kde nukleotid je buď (adenine A, guanine G, cytosine C, thymine T).
  - Podobnost dvou řetězců DNA určuje délka jejich nejdelší společné podposloupnosti (dále už jen NSP).
  - Podposloupnost je *společná* několika řetězcům, pokud je podposloupností každého řetězce jednotlivě.
  - Mějme řetězec $X = \langle x_1, x_2, ..., x_m \rangle$ . Řetězec $Z = \langle z_1, z_2, ..., z_k \rangle$ je *podposloupnost X* pokud existuje rostoucí posloupnost indexů $\langle i_1, i_2, ..., i_k \rangle$ z $X$ taková, že pro všechny $j = 1, 2, ..., k$, platí $x_{i_j} = z_j$ . *Příklad:* $Z = \langle G, C, T, G \rangle$ je podposloupnost $X = \langle A, G, C, G, T, A, G \rangle$ s korespondující posloupností indexů $\langle 2, 3, 5, 7 \rangle$ .
- Úloha: Najděte nejdelší společnou podposloupnost pro dva zadané řetězce DNA.

# Příklad: Nejdelší společná podposloupnost

1) Charakterizace struktury optimálního řešení.
   - Pokud bychom chtěli najít podposloupnost “hrubou” silou.
   - To znamená otestovat všechny podmnožiny indexů $\{1, 2, \ldots, m\}$ menšího ze vstupních řetězců DNA ($m$ je jeho délka).
   - Takových podmnožin je ale $2^m$. Složitost tohoto přístupu by tedy byla exponenciální.
   - Pro reálné DNA řetězce s alespoň tisícovkami nukleotidů by tedy byla tato metoda zcela nepoužitelná.
   - Při detailnější analýze problému snadno zjistíme, že pro dva vstupní řetězce $X = \langle x_1, x_2, \ldots, x_m \rangle$ a $Y = \langle y_1, y_2, \ldots, y_n \rangle$ a hledanou výstupní podposloupnost $Z = \langle z_1, z_2, \ldots, z_k \rangle$ platí:
     - Pokud $x_m = y_n$, potom $z_k = x_m = y_n$ a $Z_{k-1}$ je NSP $X_{m-1}$ a $Y_{n-1}$.
     - Pokud $x_m \neq y_n$, potom $z_k \neq x_m$ implikuje, že $Z$ je NSP $X_{m-1}$ a $Y$.
     - Pokud $x_m \neq y_n$, potom $z_k \neq y_n$ implikuje, že $Z$ je NSP $X$ a $Y_{n-1}$.

# Příklad: Nejdelší společná podposloupnost

2) Nalezení rekurzivní definice pro výpočet hodnoty optimálního řešení.
   - Z předchozí analýzy vyplývá, že musíme umět řešit podúlohu pro postupně se odzadu zkracující vstupní řetězce.
   - Nyní zavedeme pole *c*[*i*,*j*] jako délku NSP pro prefixy vstupních řetězců $X_i$ a $Y_j$.
   - Z předchozí analýzy si můžeme pole *c* definovat rekurzivně:

$$c[i,j] = \begin{cases} 0 & \text{pokud } i = 0 \text{ nebo } j = 0, \\ c[i-1,j-1]+1 & \text{pokud } i,j > 0 \text{ a } x_i = y_j, \\ max\{c[i,j-1], c[i-1,j]\} & \text{pokud } i,j > 0 \text{ a } x_i \neq y_j. \end{cases}$$

# Příklad: Nejdelší společná podposloupnost

3) Nalezení výpočtu hodnoty optimálního řešení zdola nahoru.

**Function** DÉLKA-NSP($X$, $Y$)

$m \leftarrow length[X]$;
$n \leftarrow length[Y]$;
**for** $i \leftarrow 1$ **to** $m$ **do**
  $c[i, 0] \leftarrow 0$;
**for** $j \leftarrow 0$ **to** $n$ **do**
  $c[0, j] \leftarrow 0$;
**for** $i \leftarrow 1$ **to** $m$ **do**
  **for** $j \leftarrow 1$ **to** $n$ **do**
    **if** $x_i = y_j$
    **then** { $c[i, j] \leftarrow c[i - 1, j - 1] + 1$;
      $b[i, j] \leftarrow$ "↖"; }
    **else if** $c[i - 1, j] \geq c[i, j - 1]$;
    **then** { $c[i, j] \leftarrow c[i - 1, j]$;
      $b[i, j] \leftarrow$ "↑"; }
    **else** { $c[i, j] \leftarrow c[i, j - 1]$;
      $b[i, j] \leftarrow$ "←"; }
**return** $c$ and $b$;

| | $j$ | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| $i$ | | $y_j$ | $B$ | $D$ | $C$ | $A$ | $B$ | $A$ |
| 0 | $x_i$ | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| 1 | $A$ | 0 | ↑0 | ↑0 | ↑0 | ↖1 | ←1 | ↖1 |
| 2 | $B$ | 0 | ↖1 | ←1 | ←1 | ↑1 | ↖2 | ←2 |
| 3 | $C$ | 0 | ↑1 | ↑1 | ↖2 | ←2 | ↑2 | ↑2 |
| 4 | $B$ | 0 | ↖1 | ↑1 | ↑2 | ↑2 | ↖3 | ←3 |
| 5 | $D$ | 0 | ↑1 | ↖2 | ↑2 | ↑2 | ↑3 | ↑3 |
| 6 | $A$ | 0 | ↑1 | ↑2 | ↑2 | ↖3 | ↑3 | ↖4 |
| 7 | $B$ | 0 | ↖1 | ↑2 | ↑2 | ↑3 | ↖4 | ↑4 |

# Příklad: Nejdelší společná podposloupnost

4) Nalezení konstrukce optimálního řešení z vypočtených informací.

```
Procedure TISK-NSP(b, X, i, j)
    if (i = 0) or (j = 0) then exit;
    if b[i, j] = "↖"  then { TISK-NSP(b, X, i - 1, j - 1);
                                  print x_i ; }
    else if b[i, j] = "↑"  then TISK-NSP(b, X, i - 1, j);
         else TISK-NSP(b, X, i, j - 1);
```

# Příklad: Nejdelší společná podposloupnost

- Asymptotická složitost algoritmu:
  - Časová: $\Theta(mn) + O(m+n) = \Theta(mn)$
  - Paměťová: $\Theta(mn)$
- Možná vylepšení:
  - Pomocné pole *b* lze nahradit testem v poli *c* v konstantním čase.
  - Nepotřebujeme celé pole c, ale pouze stačí v paměti udržovat předposlední a poslední řádek a sloupec. (Pak ale nebudeme schopni v čase $O(m+n)$ rekonstruovat hledanou podposloupnost.)

# Příklad: Optimální vyhledávací strom

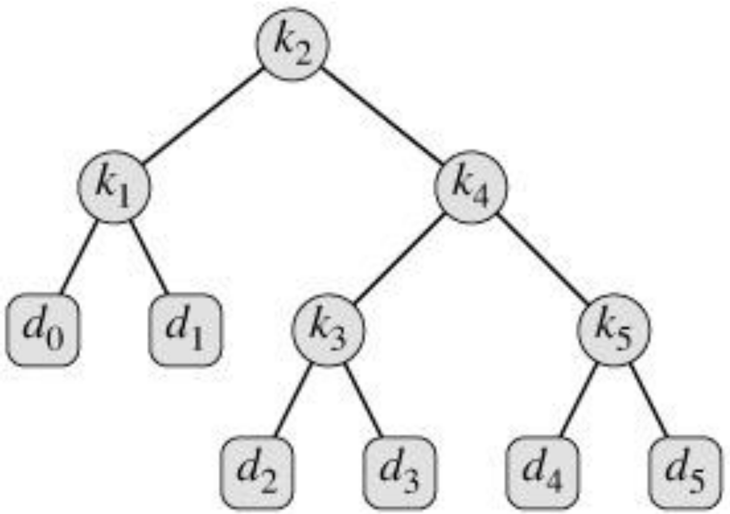
- Motivace:
  - Máme vytvořit překlad textu (posloupnosti slov) z angličtiny do češtiny.
  - Přitom víme, že jak se jednotlivá anglická slova často v textu vyskytují.
  - Kdybychom sestavili pouze obyčejný vyhledávací strom s hloubkou O(log $n$), mohlo by se stát, že slovo jako "mycophagist„ s velmi malou pravděpodobností výskytu by se dostalo do kořene takového stromu.
  - Naopak slova s vysokou pravděpodobností výskytu jako „the“ by měli být blízko u kořene.

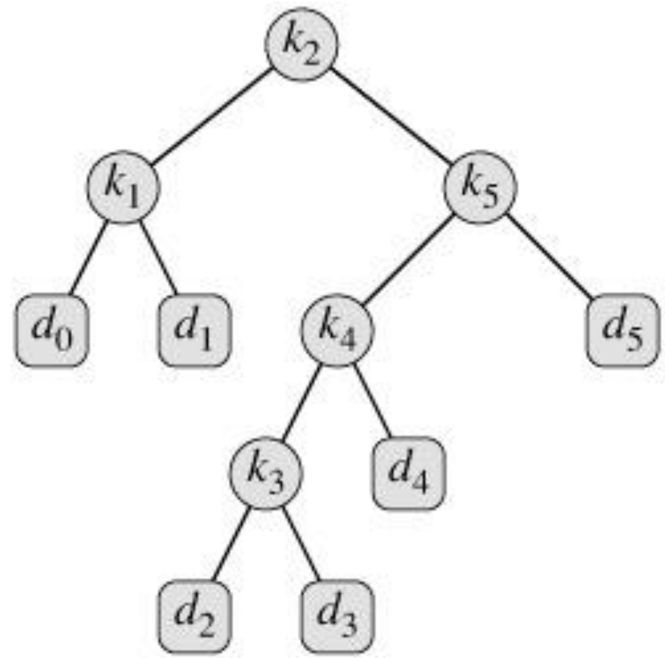
- Úloha: Sestavte optimální binární vyhledávací strom (BVS), když je dána množina klíčů $K = \langle k_1, k_2, \ldots, k_n \rangle$ (tak, že $k_1 < k_2 < \cdots < k_n$), ke každému klíči $k_i$ známe pravděpodobnost výskytu $p_i$, navíc máme seznam prázdných klíčů $d_0, d_1, d_2, \ldots, d_n$, které reprezentují intervaly mezi klíči, které nejsou ve slovníku $K$, ke každému prázdnému klíči $d_j$ známe pravděpodobnost výskytu $q_i$.

  Navíc platí $$\sum_{i=1}^{n} p_i + \sum_{i=0}^{n} q_i = 1 .$$

# Příklad: Optimální vyhledávací strom

- Příklad dvou vyhledávacích stromů s pěti klíči.



# Příklad: Optimální vyhledávací strom

1) Charakterizace struktury optimálního řešení.

$$\text{celková cena vyhledávání v } T = \sum_{i=1}^{n} (\text{hloubka}_T(k_i) + 1) \cdot p_i + \sum_{i=0}^{n} (\text{hloubka}_T(d_i) + 1) \cdot q_i$$
$$= 1 + \sum_{i=1}^{n} \text{hloubka}_T(k_i) \cdot p_i + \sum_{i=0}^{n} \text{hloubka}_T(d_i) \cdot q_i$$

- Hledáme binární vyhledávací strom jehož *celková cena vyhledávání* (tj. cena přes všechny dotazy na úspěšné i neúspěšné vyhledání slova) bude minimální.

# Příklad: Optimální vyhledávací strom

2) Nalezení rekurzivní definice pro výpočet hodnoty optimálního řešení.
   - Chceme umět řešit podúlohu pro klíče $k_i$, ..., $k_j$, kde $i \geq 1$, $j \leq n$ a $j \geq i - 1$. (Pokud $j = i - 1$, potom použijeme prázdný klíč $d_{i-1}$.).
   - Očekávanou cenu vyhledávání ve stromu $e$ si definujeme rekuzivně

$$e[i,j] = \begin{cases} q_{i-1} & \text{pokud } j = i-1, \\ \min\limits_{i \leq r \leq j} \{e[i,r-1] + e[r+1,j] + w(i,j)\} & \text{pokud } i \leq j. \end{cases}$$

$$w(i,j) = \begin{cases} q_{i-1} & \text{pokud } j = i-1, \\ w(i,j-1) + p_j + q_j & \text{pokud } i \leq j\,. \end{cases}$$

   - $w(i,j)$ je pravděpodobnost výskytu podstromu i,j.

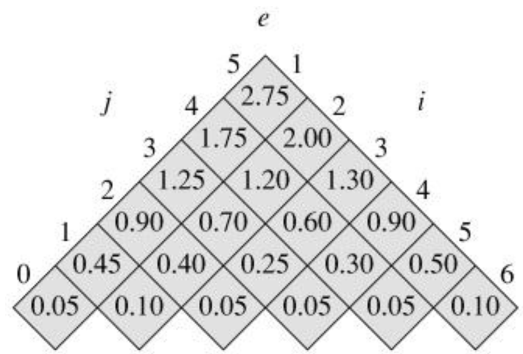
     tedy

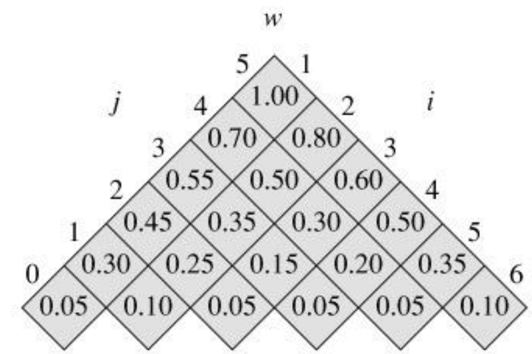
$$w(i,j) = \sum_{l=i}^{j} p_l + \sum_{l=i-1}^{j} q_l\,.$$

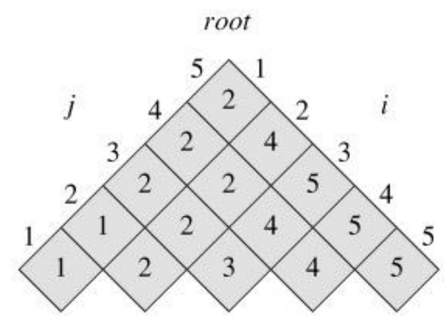
# Příklad: Optimální vyhledávací strom

3) Nalezení výpočtu hodnoty optimálního řešení zdola nahoru.

```
Function OPTIMÁLNÍ-BVS(p, q, n)
    for i ← 1 to n + 1 do {
        e[i, i - 1] ← q_{i-1} ;
        w[i, i - 1] ← q_{i-1} ; }
    for l ← 1 to n do
        for i ← 1 to n - l + 1 do {
            j ← i + l - 1 ;
            e[i, j] ← ∞ ;
            w[i, j] ← w[i, j - 1] + p_j + q_j ;
            for r ← i to j do {
                t ← e[i, r - 1] + e[r + 1, j] + w[i, j] ;
                if t < e[i, j]
                then { e[i, j] ← t ;
                       root[i, j] ← r  ; } } }
    return e and root
```



# Příklad: Optimální vyhledávací strom

- Asymptotická složitost algoritmu:
  - Časová: $O(n^3)$ a dokonce $\Omega(n^3)$ => $\Theta(n^3)$
  - Paměťová: $\Theta(n^2)$