

**Школа молекулярной и теоретической биологии**

**IV сезон**

# **БИОАЛГОРИТМИКА**

**Расширенный конспект**

**М. А. Ройтберг, Ильдар Хисамбеев**

**Преподаватели: Влад Белоусов, Белла Дасаева**

**Слушатели: Михаил Большелатов, Анна Лазарева,  
Алена Потапенко, Conrad Cardona**



**Пушино**

**9-17 августа 2015 г.**



## Часть 1.

# СЛОЖНОСТЬ АЛГОРИТМОВ и СТРУКТУРЫ ДАННЫХ

## 9.08 Занятие 1.

### 1. Введение.

Замечание. Слушатели уже имеют (небольшой) опыт программирования. Цель этого раздела – систематизировать то, что они знают и ввести терминологию, которая будет использоваться в дальнейшем. Конец замечания.

1.1. Модель вычислительного устройства (иногда говорят «*модель вычислений*»): *процессор*, т.е. устройство для выполнения *элементарных операций*, + *память*.

Память состоит из ячеек. В ячейке могут храниться целые числа, символы и другие объекты (уточним позже по потребности).

Ячейка может иметь имя (*переменная*). То, что лежит в ячейке – *значение* переменной. Зная имя, доступ к переменной (чтобы узнать ее значение или записать новое значение) осуществляется за фиксированное время.

Группа идущих подряд ячеек может рассматриваться, как *массив* – блок перенумерованных ячеек. У массива есть имя. Зная имя массива и номер элемента в массиве (*индекс*) доступ к этому элементу осуществляется за фиксированное время.

Допустимые операции:

- операции над числами (арифметические операции, сравнения);
- операции с памятью (присваивание, чтение).

*Это – не полное описание модели вычислительного устройства. Будем уточнять по потребности.*

Для простоты вместо «модель вычислительного устройства» будем говорить «*компьютер*».

1.2. Алгоритм – описание последовательности операций (*шагов*) компьютера, которые он должен сделать для решения определенной задачи.

При постановке задачи, которую выполняет алгоритм, будем явно описывать «**дано**» (входные данные) и «**надо**» (выходные данные).

1.3. Псевдокод для записи алгоритмов. Соглашения:

- Похож на Паскаль, но со вставками на естественном языке.
- Действие, описанное неформально, будем выделять *курсивом* и предварять ключевым словом **DO**:
- Опускаем (иногда) «инженерные» детали: объявление переменных, типизацию, обработку ошибок, etc.
- Блоки кода структурируются операторными скобками (например, alg – end\_alg) и отступами; иногда операторные скобки будем опускать.
- Элементы массива могут обозначаться нижним индексом или квадратными скобками. Индексы (как правило) нумеруются с нуля.

Пример: Алгоритм поиска максимума

```
max = A[0]
maxi = 0
for i in 1..n-1
    if A[i] > max
        max = A[i]
        maxi = i
```

1.4. Время работы алгоритма.

Время работы алгоритма (при определенных исходных данных) – суммарное количество выполненных операций (*шагов*).

Время работы алгоритма  $T$  зависит от размера входных данных  $N$  и от их конкретных значений.

Среди входных данных одного размера  $N$  рассматриваем (пока) худший случай (worst case scenario).

Зависимость  $T(N)$  оцениваем асимптотически, то есть нас интересует ее *порядок роста*: пренебрегаем константами и членами нестаршего порядка (пояснения ниже).

## 2. Пример алгоритмической задачи – сортировка.

### 2.1. Постановка задачи

Дан массив целых чисел  $A[1..N]$ . Расположить числа в массиве в порядке неубывания.

### 2.2. «Наивный» алгоритм сортировки.

Идея:

- найдем максимальный элемент и поместим его в конец (поменяем местами с последним элементом);
- в оставшемся массиве сделаем то же самое;
- будем повторять, пока все не отсортируем (не дойдем до массива длины 1)

```
alg NaiveSort
```

```
  for n in N..2
```

```
    утв Последние  $N-n$  элементов массива упорядочены по возрастанию
```

```
    утв Каждый из первых  $n$  элементов меньше (не больше) каждого из  $N-n$  последних
```

```
    assert Last  $N-n$  elements are incrementally ordered
```

```
    assert Each of first  $n$  elements is less (not greater) than each of last  $N-n$  elements
```

```
      max = A[0]
```

```
      maxi = 0
```

```
      for i in 1..n-1
```

```
        if A[i] > max
```

```
          max = A[i]
```

```
          maxi = i
```

```
        endif
```

```
        A[maxi] = A[n-1]
```

```
        A[n-1] = max
```

```
      end_for
```

```
    end_for
```

```
end_alg
```

Замечание 1. «утв» (англ. “assert”) – ключевое слово языка записи алгоритмов. После него пишется утверждение о данных при прохождении соответствующей строки.

Если утверждение о состоянии данных стоит в начале цикла, его обычно называют *инвариантом цикла*.

Утверждения о состоянии данных нужны для *доказательства корректности алгоритма*.

Их можно использовать при отладке программ.

Конец замечания.

Подсчитаем количество операций в худшем случае:  $\frac{5}{2}N^2 + \frac{7}{2}N - 6$

Замечание 2. Напомним: нас интересует *порядок роста* функции  $T(N)$ . Это (в данном случае) записывают так:  $T(N) = O(N^2)$

Это означает (примерно), что  $T(N)/(N^2)$  стремится к какой-то константе, когда  $N$  стремится к бесконечности.

Говорят: « $T(N)$  растет, как  $N^2$ »

### 3. Слияние упорядоченных массивов.

3.1. Можно ли сортировать быстрее? Вспомогательная задача: слияние упорядоченных массивов.

Дано:  $A[1..N]$ ,  $B[1..M]$  – массивы, упорядоченные по возрастанию.

Получить:  $C[1..N+M]$  – массив, содержащий все элементы массивов  $A$  и  $B$ , упорядоченные по возрастанию.

Идея 1. Сравниваем первый элемент массива  $B$  с последним элементом массива  $A$

```
array A[1..M], B[1..N]
array C[1..M+N]
C[1..M] := A[1..M]
for k from 1 to N
  утв Первые  $N+k-1$  элементов массива  $C$  упорядочены по возрастанию
  утв Они содержат все элементы массива  $A$  и  $k-1$  первых элементов
      массива  $B$ 
  assert First  $N+k-1$  elements of the array  $C$  are incrementally
      ordered.
  assert They contain all elements of the array  $A$  and first  $k-1$ 
      elements of the array  $B$ 
  // find place  $p$  of  $B[k]$  in  $C$ 
   $p := N+k$ 
  while  $B[k] < C[p]$  AND  $p > 0$ 
     $p := p-1$ 
  end_while
  DO: insert  $B[k]$  after  $C[p]$ 
end_for
```

Посмотрим на время.

Для начала будем считать только количество сравнений  $T_{Comp}$

В худшем случае  $T_{Comp}(M, N) \sim N \cdot M$

Если повезет:  $T_{Comp}(M, N) \sim N+M$ .

Замечание. Полное время включает не только сравнения, но и вставки элементов массива  $B$  в массив  $C$ . Вставка в середину массива – долгое дело. Нужно использовать не массивы, а другую *структуру данных*, например, – **списки**. Отложим разговор о списках и других структурах данных и будем пока считать только сравнения.

### 3.2 Что будет, если использовать схему «первый – первый», т.е. искать место для элементов массива $B$ , начиная с начала массива $A$ ?

Напишите алгоритм по этой идее.

*Продолжение следует*

## 10.08 Занятие 2.

### 1. Повторение

### 2. Алгоритм слияния «первый-первый» и сортировка на его основе.

#### 2.1. Обсуждение.

Что нужно изменить в алгоритме «первый-последний»?

Идея алгоритма «первый-первый»:

- 1) Сравниваем  $V[1]$  с  $A[1]$ ,  $A[2]$  и т.д., пока не найдем такое  $k$ , что  $A[k] \geq V[1]$  (или массив  $A$  закончится).
- 2) Вставляем  $V[1]$  перед  $A[k]$  (или после всех элементов массива  $A$ ).
- 3) Берем  $V[2]$  и начинаем его сравнивать с элементами массива  $A$ , начиная с  $A[k]$  (или просто записываем после  $V[1]$ , если  $V[1]$  больше всех элементов массива  $A$ )
- 4) И т.д.

Время работы (набросок). Каждый элемент массива  $V$  сравнивается со «старым» элементом массива  $A$  (то есть элементом, который уже сравнивался с предыдущими элементами массива  $V$ ) не более одного раза. Таким образом, количество сравнений со «старыми» не более  $N$  (длина  $V$ ). Количество сравнений с «новыми» (по определению) – не более  $M$  (длина  $A$ ). Таким образом, общее количество сравнений – не более  $N+M$ . Ура!

#### 2.2. Слияние 4-х массивов. Балансировка.

Вопрос: Мы уже знаем, что для слияния двух массивов длины  $N/2$  каждый нужно не более  $N/2 + N/2 = N$  сравнений. Сколько сравнений нужно для слияния 4-х массивов длины  $N/4$ ?

Решение.

Этап 1. Сначала сливаем 1-й и 2-й массивы – потребуется не более  $N/4 + N/4 = N/2$  сравнений. Аналогично, сливаем 2-й и 4-й массивы – еще  $N/2$  сравнений. Всего –  $N/2 + N/2 = N$  сравнений.

Этап 2. Теперь сливаем два новых массива, длина каждого из них –  $N/2$ . Потребуется не более  $N/2 + N/2 = N$  сравнений.

Итак, на каждом этапе – не более  $N$  сравнений. Всего – не более  $2N$  сравнений.

Замечание. Важно, что мы разбили 4 массива на две пары, а не «приливали» массивы по одному. В последнем случае было бы вот что:

- 1) Слияние 1-го и 2-го: не более  $N/4 + N/4 = N/2$  сравнений
  - 2) «Приливание» 3-го: не более  $N/2 + N/4 = 3N/4$  сравнений
  - 3) «Приливание» 4-го: не более  $3N/4 + N/4 = N$  сравнений
- Всего –  $N/2 + 3N/4 + N = 2N + N/4$  сравнений.

Во многих задачах полезно, чтобы обрабатываемые данные разбивались на части примерно одинакового размера. Такой прием называется *балансировкой*. Мы с ним еще встретимся.

#### 2.2. Сортировка слиянием (набросок)

1) Пусть исходно было  $2^t$  упорядоченных массивов длины  $N/2^t$  каждый. Тогда для получения из них слиянием одного массива длиной  $N$  понадобится  $t$  этапов, а на каждом этапе – не более  $N$  сравнений. Таким образом, всего за  $t$  этапов – не более  $t \cdot N$  сравнений.

2) Возьмем  $t$  таким, чтобы  $2^t$  было не меньше  $N$ . Например, пусть  $t$  – это наименьшее целое число, которое не меньше, чем  $\log_2 N$  (такое число будем обозначать  $\text{lob}(N)$ , буква  $b$  – от слова binary ☺).

Тогда в исходных массивах будет не более одного элемента, то есть эти массивы уже будут упорядоченными! Значит, массив длины  $N$  можно упорядочить, выполнив, не более  $N \cdot \text{lob}(N)$  сравнений.

**ВНИМАНИЕ!** Мы учитывали только сравнения и не учитывали время, необходимое на

другие операции (например, вставку элемента внутрь массива, разбиение массива на более мелкие массивы). Чтобы разобраться с этим нужно записать наши алгоритмы (алгоритм слияния двух упорядоченных массивов и алгоритм сортировки разбиением массива на части и слиянием их) более формально. Этим и займемся. Начнем с алгоритма слияния.

### 3. Реализации алгоритма слияния.

#### 3.1. Наивная реализация.

Реализация №1. Массив А переписываем в новый массив размера M+N. Результат – в этом новом массиве (см. рис.1).

```
1. array A[1..M], B[1..N]
2. array C[1..M+N]
3. C[1..M] := A[1..M]
4. p:=1 // указатель на элемент массива C, с которым нужно сравнивать
5. for k from 1 to N
6. assert First N+k-1 elements of the array C are incrementally
   ordered.
7. assert They contain all elements of the array A and first k-1
   elements of the array B
8. // find place p of B[k] in C
9. p := p + 1 // номер элемента, с которым нужно сравнивать,
   // увеличен на 1 из-за вставки элемента перед ним
10. while B[k] > C[p] AND p < N+k
11.     p:=p+1
12. end_while
13. DO: insert B[k] before C[p]
14.end_for
```

Рис.1.

Утверждение. Количество сравнений  $\sim N+M$

Объяснение. После каждого выполнению сравнения в строке 10 значение переменной p увеличивается на 1. Если неравенство истинно, то p увеличивается в строке 11. Если ложно – в строке 9. Поэтому проверка неравенства выполняется столько раз, сколько разных значений принимала переменная p (в начале p=1). Максимальное возможное значение p = N+M. Это и дает оценку. Конец объяснения.

Замечание. Время работы будет  $\sim N*M$  (в худшем случае). Потому, что кроме сравнений, нужно еще выполнять вставки элементов внутрь массива, а для этого придется «сдвигать» (т.е. переписывать на новое место) все, что было правее места вставки. Конец замечания. Конец замечания.

Таким образом, у этой реализации – два недостатка:

- 1) Используется дополнительный массив
- 2) Нужно много времени на переписывание при вставке.

Каждый из этих недостатков в отдельности можно исправить (см. пп. 2.3, 2.4). А оба вместе – не получится, если хранить данные в массивах: массивы не приспособлены для вставки элементов «внутри». Что делать – см. п.3.

#### 3.2. Реализация без использования дополнительной памяти.

Реализация №2. Массивы А и В представлены, как фрагменты одного массива С: массив А занимает NA позиций, начиная с позиции Start; массив В занимает NB следующих позиций. Результат – в той же области массива С. При вставке элемента происходит перезапись элементов справа от места вставки на новое место (сдвиг на одну позицию вправо)

```
algorithm MergeArray(array C[1..L], int Start, NA, NB)
// array C[1..L]
```

```

// int Start, NA, NB :
//   массив A - C[Start..Start+NA-1]
//   массив B - C[Start+NA..Start+NA+NB-1]
p:= Start-1 // (p+1) - указатель на элемент массива C,
           // с которым нужно сравнивать очередной элемент массива B
           //
for k from Start+NA to Start +NA + NB-1
assert Elements of the array C[Start..Start+NA-1+k-1
        are incrementally ordered.
assert They contain all elements of the array A and first k-1
        elements of the array B
assert Elements C[Start..Start+NA-1+k..Start+NA-1+NB] contain last
        NB-k+1 elements of the array B
        // find place p of B[k] in C
p := p + 1 // номер элемента, с которым нужно сравнивать,
           // увеличен на 1 из-за вставки элемента перед ним
while C[Start+NA-1+k] > C[p] AND p < Start+NA-1+k
    p:=p+1
end_while
DO: insert C[Start+NA-1+k] before C[p] and
     remove C[Start+NA-1+k] from the array
end_for
end_alg

```

Рис.2.

```

algorithm MergeArrayNew(array C[1..L], int Start, NA, NB; array
D[1..L])
// array C[1..L]
// int Start, NA, NB :
//   массив A - C[Start..Start+NA-1]
//   массив B - C[Start+NA..Start+NA+NB-1]
kA:= 0 // количество обработанных элементов массива A
kB:= 0 // количество обработанных элементов массива B
//   1. Слить массивы там, где они «перемежаются»
while kA < NA and kB < NB
утв первые kA элементов массива A и первые kB элементов массива B
    совместно отсортированы и записаны в позиции массива D,
начиная
    с позиции Start
    pA:=Start+kA//позиция первого необработанного элемента массива
A
    pB:=Start+kB//позиция первого необработанного элемента массива
D
    pD:=Start+kA+kB//куда писать в массиве D
    // Найти наименьший элемент в оставшейся части массивов A и B
    // и записать его в массив D
    if C[B] < C[A] then
        D[pD]:= C[pB]
        kB:=kB+1
    else
        D[pD]:= C[pA]
        kA:=kA+1
    endif
end_while
//   2. Дописать в конец остаток одного из массивов (если нужно)
while kA<NA

```

```

    pA:=Start+kA//позиция первого необработанного элемента массива
А
    pD:=Start+kA+NB//куда писать в массиве D
    D[pD]:= C[pA]
    kA:=kA+1
end_while
while kB<NB
    pB:=Start+kB//позиция первого необработанного элемента массива
А
    pD:=Start+NA+kB//куда писать в массиве D
    D[pD]:= C[pB]
    kB:=kB+1
end_while
end_alg

```

Рис.3.

### 3.3.Реализация без вставок (все пишем на новое место).

Реализация №3. Массивы А и В представлены, как фрагменты одного массива С: массив А занимает NA позиций, начиная с позиции Start; массив В занимает NB следующих позиций.. Результат – в аналогичной области нового массива D. Все элементы сразу записываются в новую область в порядке возрастания, поэтому вставок и сдвигов не нужно

### 3.4.Сортировка слиянием для массивов

Постановка задачи:

Дано: массив C[1..N]

Получить: массив C[1..N]; все элементы – в возрастающем порядке.

Алгоритм приведен на рис.4. Для слияния массивов на очередном этапе использован алгоритм MergeArray (см. рис.2).

Замечание. Можно было бы использовать и алгоритм с записью результата в новый массив (алгоритм MergeArrayNew, см. рис.3). Тогда нужно или после каждого этапа переписывать данные из массива D в массив C (и тратить на это время) или по очереди на разных этапах в качестве сортируемого массива использовать то массив C, то массив D. В обоих случаях общее время работы будет  $\sim N \cdot \log(N)$ . Конец замечания.

```

1. algorithm MergeSortArray
2.   array C[1..N]
3.   int k=1 // Текущий размер «блока». В обозначениях п.2.2., k =
   2t
4.   while k < N
   // Очередной этап (см. п.2.2)
   утв Массив C разбит на блоки длиной k (последний блок может быть
       короче). Каждый блок упорядочен по неубыванию.
5.   s :=1 // начало очередной пары блоков
6.   while s < N
       // слить два блока длины k
       // последний блок может быть короче
7.     NA:=k // длина 1-го блока
8.     if (s+NA>N) break // остался один блок; ничего не делаем
       // есть 2-й блок: вычисляем его длину
9.     if (s+2*k-1 <=N)
10.      NB=k
11.   else
12.     NB = N-s-k+1
13.   end_if
14.   MergeArray(C, s, NA, NB)

```

```

15.      s := s+NA+NB
16.      end_while
17.      k := 2*k
18.      end_while
19. end_alg

```

Рис.4.

Оценим количество сравнений

При выполнении вызова MergeArray (строка 14) выполняется  $NA+NB$  сравнений.

Значит, при одном проходе цикла “while  $s < N$ ” (строка 6) выполняется всего не более  $N$  сравнений.

Так как при каждом выполнении цикла “while  $k < N$ ” (строка 4) значение  $k$  увеличивается в 2 раза, то тело этого цикла (включая тело цикла “while  $s < N$ ”) выполняется  $[\log_2 N] + 1$  раз.

Итого: общее количество сравнений  $\sim N \cdot \log_2 N$

Замечание. Важно, что на каждом этапе (прохождении цикла “while  $k < N$ ”) у нас все блоки примерно одной длины. Это и позволяет сделать общее количество этапов  $\sim \log_2 N$ . Итак, используя массивы, можно либо отсортировать набор чисел за время  $\sim N \cdot \log(N)$  с использованием дополнительной памяти размера  $\sim N$ , либо не использовать дополнительной памяти, но при этом время работы будет  $\sim N^2$ . Посмотрим, можно ли отсортировать набор чисел за время  $\sim N \cdot \log(N)$  без использования дополнительной памяти.

#### 4. Структуры данных. Сетевые структуры.

Структура данных – общее понятие для чего-то, где хранится определенное множество данных. В наших примерах данные – это целые числа, но это не обязательно. Для конкретной структуры данных известно, как устроены «единицы хранения» (ячейки) и как можно осуществлять доступ к ним (извлекать данные и записывать данные). Разные структуры данных позволяют удобно осуществлять разные операции над множествами. Примеры операций: получить элемент (GET), найти максимальный элемент множества (MAX), выяснить, есть ли в множестве заданное число (FIND); упорядочить элементы множества (SORT); добавить элемент (INSERT), удалить элемент (DELETE).

До сих пор мы умели хранить данные в отдельных ячейках (переменных, у каждой – свое имя) или в массивах. В массиве у каждого элемента тоже есть свое имя (пример:  $A[127]$ ), но эти имена – стандартные (имя элемента состриг из имени массива и индекса элемента массива). Короткая (не зависящая от размера массива) программа позволяет перебрать все элементы массива, перебирая все индексы.

Пример структуры данных 1. Массив.

Каждая ячейка имеет *индекс* – целое число из определенного интервала. Доступ к ячейке осуществляется указанием имени массива и индекса ячейки.

Если в массиве  $N$  элементов, то

- операции MAX и FIND выполняются за время  $\sim N$ ;
- операция SORT выполняется за время  $\sim N^2$  (без использования дополнительной памяти);
- если нам важен порядок расположения элементов в массиве, то операции вставки элемента в массив и удаления элемента из массива выполняются за время  $\sim N$  (нужно сдвигать элементы после места вставки/удаления)

Наборы (множества) чисел (и других объектов) не обязательно хранить в массивах, в подряд идущих перенумерованных ячейках. Другой способ хранения – сетевые структуры и простейшая из них – (*односторонний*) список.

В сетевых структурах единица хранения (*запись*) имеет сложную структуры – она разбита на отдельные ячейки (они называются *полями*); все записи в структуре имеют одинаковую

структуру. Ячейки (поля) бывают двух типов: в ячейках первого типа хранятся данные (например, числа). В ячейках второго типа хранятся *ссылки* (иначе - *указатели*) – адреса других записей. Используя ссылки, можно переходить от одной записи к другой и получать доступ к записанным в них данным.

!!! В отличие от элементов массива, записи не имеют своих имен и получить доступ к определенной записи можно только добравшись до нее по ссылкам. Но во многих случаях сетевые структуры удобнее массивов. Например, в них можно легко вставлять новые записи – достаточно изменить ссылки у соседей новой записи.

Замечание. Мы используем слова «указатель» (pointer) и «ссылка» (reference) как синонимы. В современном программировании это не совсем так, но нам эта разница сейчас не важна. И то, и другое здесь будет обозначать адрес определенной записи в сетевой структуре. Основным термином у нас будет «указатель».

Простейшая сетевая структура – *список*. К ней и перейдем.

*Продолжение следует.*

## 11.08 Занятие 3.

### 1. Списки.

*Список* (иногда говорят – «*односторонний список*») - простейшая сетевая структура данных. В списке запись состоит из двух ячеек (*полей*) – как «доминошка». В основной ячейке доминошки хранятся данные, в дополнительной — указатель на другую доминошку – *следующий элемент* списка. Напомним: указатель содержит адрес в памяти, где расположена нужная запись и позволяет легко ее найти («*перейти к следующему элементу списка*»)

В последней «доминошке» эта ячейка содержит признак конца списка. Существует специальная доминошка — заголовок списка, которая не хранит никаких данных, ее указатель указывает на 1-й элемент списка, содержащий данные.

!!! В списке нет циклов, т.е. начав двигаться по ссылкам от заголовка, мы пройдем все элементы и придем к *последнему* элементу, у которого нет следующего за ним элемента.

Замечание. Бывают списки, которые содержат не одну, а несколько ссылок. Например, в записи может быть ссылка не только на следующий, но и на предыдущий элемент списка (такие списки называют *двусторонними*).

Кроме того, бывают списки, у которых запись содержит не одно число, а два или больше. Например, если у нас есть список точек на плоскости, то запись будет хранить два числа – координаты точки. Мы будем под списком (если не оговорено противное) понимать односторонний список, каждая запись которого хранит одно число. Конец замечания.

У списка, как и у массива есть свое имя. Но элементы списка не имеют своих имен (например, индексов, как в массиве). Для работы со списком есть отдельный указатель (*главный указатель списка, MainPointer*), который указывает на *текущий* элемент списка. В начальный момент указатель списка указывает на заголовок списка. Получить/записать значение можно только для текущего элемента списка. Используя поля ссылок в элементах списка, можно добраться до нужного элемента.

Со списком можно выполнить следующие операции (перед описанием операции указано ее сокращенное название; A – элемент массива, z – данное, хранящееся в элементе списка):

- Value(A)  
- значение текущего элемента (используется в правой части операторов присваивания и т.п.);
- PutValue(A, z)  
- записать в текущий элемент списка A значение z;
- ToNext(A)  
- перейти к следующему элементу списка A (то есть, объявить текущим следующий элемент списка; если текущий элемент списка был последним, то это действие выполнить нельзя);
- ToStart(A)  
- объявить заголовок текущим элементом (встать в начало списка);
- HasNext(A)  
- проверить, что текущий элемент списка A – не последний (возвращается значение ДА, если в списке A после текущего есть еще элементы, НЕТ, если текущий элемент – последний);
- InsertAfter(A)  
- вставить после текущего новый элемент с заданным значением (текущим элементом становится вставленный элемент);
- DeleteAfter(A)  
- удалить элемент, стоящий после текущего элемента (если текущий элемент – последний элемент списка, то операцию выполнить нельзя).

Каждую из этих операций можно выполнить за фиксированное (не зависящее от размера списка) время.

Замечание. Последняя операция позволяет удалить элемент, следующий за текущим, а не сам текущий элемент. При удалении текущего элемента нужно будет изменить указатель *предшествующего* элемента. А доступа к предыдущему элементу в односторонних элементах нет. Чтобы удалять текущий элемент, нужно использовать двусторонние списки.

Замечание. В «классических» списках напрямую с указателями мы работать не можем. Но иногда это оказывается полезным. Поговорим об этом позже. Конец замечания.

Если в списке  $N$  элементов, то

- операции MAX и НАЙТИ выполняются за время  $\sim N$ ;
- операция SORT выполняется за время  $\sim N \cdot \log N$  (докажем позже);

## 2. Задача склейки списков. Расширенные возможности работы со списками

### 2.1. Задача склейки списков

Постановка задачи.

Дано: Список A, список B

Получить: Список A, состоящий из исходного списка, к которому в конце присоединен список B. Текущим элементом списка A является его заголовок.

Замечание. (Как всегда) в начале работы алгоритма текущий элемент списка – его заголовок.

Решение.

```
alg Сцепление (список A, список B)
assert Текущими элементами списков A и B являются их заголовки
assert После выполнения алгоритма к концу списка A добавлены все
    элементы списка B в том порядке, в котором они шли в списке B
    // Сделать текущим последний элемент списка A
while HasNext(A)
    ToNext(A)
end_while
    // Вставлять по одному элементы списка B
while HasNext(B)
    ToNext(B)
    InsertAfter(A, Value(B)) //новый текущий элемент – тот,
    // который вставлен
end_while
ToStart(A)
end_alg
```

Рис.1.

Время работы:  $\sim \text{length}(A) + \text{length}(B)$ .

Как видим, это время – не лучше, чем при перезаписи массивов.

Можно ли быстрее?

### 2.2. Расширение возможностей: списки с прямым доступом к концу и явным использованием указателей (pointer)

Чтобы описать более быстрый алгоритм сцепления списков, понадобятся новые возможности работы со списками, которые позволяют более свободно обращаться с его элементами.

1) Прямой доступ к концу списка

Разрешим за одну операцию делать текущим последний элемент списка.

Для этого будем помнить, например, в заголовке, еще и указатель на последний элемент. Списки с возможностью прыжка в конец – это немного более сложная структура, чем тот список, с которого мы начинали.

Кроме того, будем считать, что за одну операцию можно определить длину списка (для этого это значение нужно помнить и корректировать каждый раз при удалении или добавлении элементов)

Обозначение:

ToEnd(A) - сделать текущим элементом списка A его последний элемент

Length(A) – возвращает длину списка A

2) Указатели.

До сих пор мы могли извлекать из ячейки списка только данное, которое там хранится (например, число). Ссылку на следующий элемент можно было использовать только для перехода к этому элементу (функция ToNext() )

Разрешим использовать указатели так же, как числа – читать их значения и присваивать их. Только складывать и умножать указатели не будем ☺

Новые функции работы со списками:

MainPointer(A) – значение указателя на текущий элемент списка A

PointerNext(A) - значение указателя на следующий элемент в текущем элементе списка A (при вызове функции возвращается данное, записанное во вспомогательной ячейке текущего элемента списка (текущей «доминошки»); если текущий элемент – последний элемент списка, то возвращается специальное значение, которое обычно обозначается NULL

SetPointerNext(A, r) - установить указатель на следующий элемент в текущем элементе списка A равным указателю r (часто r – это указатель, взятый из другого элемента списка или главный указатель другого списка)

Новый алгоритм сцепления списков

$r := \text{PointerNext}(B)$

ToEnd(A)

SetPointerNext(A, r)

Можно записать и короче:

ToEnd(A)

SetPointerNext(A, PointerNext(B))

Время работы – не зависит от длин списков. Ура!

Упражнение 1. Написать алгоритм вставки списка B после текущего элемента списка A

Замечание. Упомянем еще одну важную функцию, которую используют при работе со списками (и другими сетевыми структурами). Это функция создания нового элемента

NewElement(z, r) – создать новый элемент с данным z и указателем на следующий элемент r.

Эта функция возвращает указатель на созданный элемент и часто используется в операторе присваивания вида

$r_{\text{new}} := \text{NewElement}(z, r)$

Конец замечания.

### 3. Алгоритм MergeSort на списках

Чтобы записать алгоритм MergeSort на списках нам потребуется еще расширить набор разрешенных операций над списками. В алгоритме MergeArray (см. Занятие 2, рис.2) мы представляли сливаемые массивы, как части одного массива C. Затем в алгоритме

сортировки массива MergeSortArray (см. Занятие 2, рис.4) мы вызывали этот MergeArray для слияния частей сортируемого массива. Как работать с частями списка, как с отдельными списками?

Сейчас для данного списка А мы можем работать с только текущим элементом списка (см. список операций в п.1), то есть с элементом, на который указывает основной указатель списка MainPointer(A), Расширим список операций так, чтобы иметь возможность так же работать с любым элементом списка, на который указывает заданный указатель г.

Обозначения:

Value(r) – значение «доминошки», на которую указывает указатель r (сравни с функцией Value(A); теперь вместо Value(A) мы могли бы написать Value(MainPointer(A));

SetValue( r, z ) – установить данное (т.е. значение в основной ячейке «доминошки») в элементе списка, на который указывает указатель r равным z;

PointerNext(r) - значение указателя на следующий элемент в элементе списка, на который указывает указатель r (при вызове функции возвращается данное, записанное во вспомогательной ячейке этого элемента списка; если r указывает на последний элемент списка, возвращает специальное значение, которое обычно обозначается NULL:

SetPointerNext(r, t) - установить указатель на следующий элемент в элементе списка, на который указывает указатель r, равным t;

HasNext(r) - проверить, есть ли элементы в списке А после элемента, на который указывает указатель r (ДА, если есть; НЕТ, если текущий элемент – последний)

Упражнение 2. Написать алгоритм MoveNext(A, r1, r2), который удаляет из списка А элемент, следующий за элементом, на который указывает указатель r2 и вставляет этот элемент после элемента, на который указывает указатель r1.

Решение.

```
alg Move (список А, указатель r1, r2)
  r_del:= PointerNext(r2) // элемент, который нужно удалить
  rnew:= PointerNext(r2) // элемент, на который он ссылается
  SetPointerNext(r2, rnew) // указатель в элементе r2 перенаправлен,
                          // т.е. следующий за r2 элемент списка удален
  r_ins := PointerNext(r1) // элемент, перед которым будет вставлен
                          // элемент r_del
  SetPointerNext(r1, r_del) // меняем ссылки в r_ins и r_del -
                          // вставляем r_del после r_ins
  SetPointerNext(r_del, r_ins)
end_alg
```

Рис.2

Теперь мы можем написать алгоритм сортировки набора чисел, которые представлены односторонним списком, см. рис 3А (основной алгоритм) и рис. 3В, 3С (вспомогательные алгоритмы). В алгоритме на рис. 3С используется функция Move.

```
algo MergeSortList(C)
  k:=1
  while k<N
    // MergeStageList(C, k) – выполнение этапа сортировки,
    // соответствующего блокам размера k
    MergeStageList(C, k)
    k:=2*k
  end_while
end_alg
```

Рис.3А Основной алгоритм сортировки списка слиянием фрагментов



```

alg MergeStageList(C, k)
// Этап сортировки разбиением на блоки и
слиянием,
// соответствующий блокам
// ДАНО: Список разбит на блоки по k чисел в
каждом
// (в последнем блоке может быть меньше k
элементов).
// Все блоки упорядочены
// Главный указатель списка C указывает на
его заголовок
// НАДО: Список разбит на блоки по 2k чисел в
каждом
// (в последнем блоке может быть меньше k
элементов).
// Все блоки упорядочены
// Главный указатель списка C указывает на
его заголовок
while HasNext(C)
  assert Главный указатель указывает на элемент с
номером (2k)*t
           от начала списка (заголовок имеет No. 0);
           t - количество предшествующих выполнений
цикла.
  assert Каждый из блоков элементов списка с 1-го
по k-й;
           с (k+1)-го по 2k-й, ..., с (2k*(t-1)+1)-го по 2kt-й
упорядочен по неубыванию
  r1:= C
  // Установить указатель r2 на элемент,
предшествующий началу
// следующего k-блока
  m:=0
  while m<k and HasNext(C)
    ToNext(C)
    m:=m+1
  end_while
  if NOT(HasNext(C) then // нет второго k-блока
    toStart(C)
    break // Обработка списка C закончена
  endif
  r2 := MainPointer(C)
  Merge(C, r1, r2, k)
end_while
end_alg

```

Рис.3В. Реализация этапа сортировки слиянием (см.занятие 2, п.2.2)

```

alg Merge(C, r1, r2, k)
// r1, r2 – указатели на элементы списка С
// указатель k находится на k элементов после
указателя r1
Given: Фрагмент списка С длины k, начиная от Next(r1)
упорядочен по
    возрастанию
    Фрагмент списка С, начиная от Next(r2), длины k
(или до конца списка)
упорядочен по возрастанию
Needed: Фрагмент списка, начиная от Next(r1), длины 2k
(или до конца списка)
упорядочен по возрастанию
    Главный указатель списка С указывает на
последний элемент
упорядоченного блока
NA:=0 // количество обработанных элементов,
начиная с Next(r2) (“список В”)
NB:=0 // количество «пройденных» элементов, начиная
с Next(r2) (“список А»)
curA := r1 // элемент ПЕРЕД тем элементом списка А,
с которым нужно
    // сравнивать текущий элемент списка В
curB := r2 // элемент ПЕРЕД обрабатываемым
элементом списка В,
while NB < k // Если в блоке В просмотрено k
элементов,
    // прекращаем работу
    CurAPrev:= CurA
    CurA:= PointerNext(CurA)
    CurBPrev:= CurB
    CurB:= PointerNext(CurB)
    x:= Value(CurB)
    while NA < k and x > Value(CurA)
        CurAPrev:= CurA
        CurA := PointerNext(CurA)
        NA:=NA+1
    end_while
    Move (C, CurAPrev, CurBPrev)
    NB:=NB+1;
    if NOT HasNext(CurB) then
        break
    endif
end_while
MainPointer(C):= PointerNext(CurBPrev) // указатель на
// последний элемент блока В
end_alg

```

Рис.3С Слияние двух соседних k-блоков в списке

#### 4. Бинарные деревья поиска.

##### 4.1. Определения.

Замечание. Операция FIND как для массивов, так и для списков, требует просмотра всего списка (или массива). Если известно, что данные упорядочены, то это помогает, но все равно (в среднем) нужно просмотреть список (массив) до середины.

Новая структура – *сбалансированное бинарное дерево*.

*Дерево* (точнее – *бинарное дерево*) - это сетевая структура, каждая запись которой хранит две ссылки – на *левого сына* и на *правого сына*. Записи называются *узлами* дерева. У некоторых записей может не быть одного из сыновей или обоих сыновей (в последнем случае узел называется *листом*). Узел, который ни для кого не является сыном, называется *корнем* дерева, при этом (1) из корня есть путь в любой узел; (2) этот путь – единственный.

*Поддерево* (с корнем в узле  $V$ ) – это множество всех узлов, в которые можно попасть из узла  $V$ , включая сам узел  $V$ . *Левое (правое) поддерево* для узла  $W$  – это поддерево с корнем в левом (правом) сыне узла  $W$ . Если у вершины  $W$  нет какого-то сына, то говорят, что соответствующее дерево – *пустое*.

*Высотой* дерева называется наибольшее количество ссылок на пути от корня к листу. Высота дерева  $T$  обозначается  $H(T)$ .

Пример. На рис.4 изображено бинарное дерево, узлы изображены кружками. В каждом кружке изображено число, которое хранится в этом узле. В корне дерева хранится число 8. Его левый сын – узел с числом 3, правый сын – узел с числом 10. Левое поддерево корня содержит узлы с числами 3, 1, 6, 4, 7; правое поддерево корня содержит узлы с числами 10, 14, 17. У записи с числом 14 нет правого сына, а у записей с числами 1, 4, 7, 13 вообще нет сыновей (это листья). Высота дерева – 3. Конец примера.

Бинарное дерево *поиска* (БДП) – это такое бинарное дерево, что

- 1) в каждом узле хранится число, причем все числа – разные;
- 2) в левом поддереве произвольного узла  $W$  все числа меньше, чем число в узле  $W$ ; в правом поддереве произвольного узла  $W$  все числа больше, чем число в узле  $W$ .

Пример. Деревья на рис. 4 и 5 - это бинарные деревья поиска.

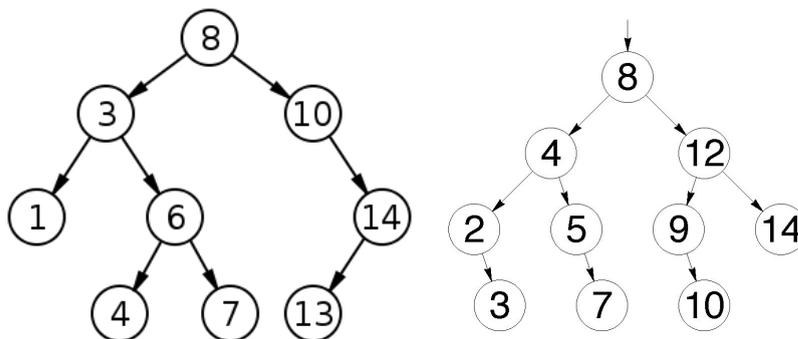


Рис.4 НЕ сбалансированное БДП      Рис.5. Сбалансированное БДП

Утверждение. Ответить на вопрос  $FIND(x)$ , т.е. хранится ли в БДП  $T$  число  $x$ , можно за время  $\sim H(T)$ .

Дерево называется *сбалансированным*, если для любого его узла  $W$  количество узлов в его левом и правом дереве отличается не более, чем на 1.

Пример. Дерево на рис.5 – сбалансированное, а на рис.4 – нет.

Утверждение. Если количество узлов в сбалансированном БДП равно  $N$ , то его высота не превосходит  $\log_2(N)$

Доказательство – не приводим.

#### 4.2. Построение сбалансированного бинарного дерева.

Если все элементы известны заранее, то строить легко.

Берем средний элемент, приписываем его к корневой вершине. Если количество элементов четное – берем больший из двух средних.

Далее точно так же строим левое и правое поддерево.

Если элементы поступают по одному в произвольном порядке, то придется на ходу перестраивать уже построенное дерево – делать балансировку. Это можно сделать за время  $\sim N$ , где  $N$  – текущее количество элементов в дереве. Про это не будем.

Вместо этого разберем другую структуру – дерево отрезков

*Продолжение следует.*

## 12.08 Занятие 4.

### 1. Повторение

### 2. Деревья отрезков как деревья поиска.

#### 2.1. Полное дерево отрезков.

Определение. *Полное дерево отрезков высоты  $k$*  – это полное бинарное дерево (см. рис.1), узлам которого соответствуют отрезки, причем

- 1) корень дерева помечен отрезком  $[1, 2^k]$ ;
- 2) если узел помечен отрезком  $[a+1, a+2^r]$ , где  $r > 0$ , то у узла есть два сына, причем левый сын помечен отрезком  $[a+1, a+2^{r-1}]$ , а правый сын – отрезком  $[a+2^{r-1} + 1, a+2^r]$
- 3) если узел помечен отрезком  $[a, a]$ , то этот узел не имеет сыновей (является листом)

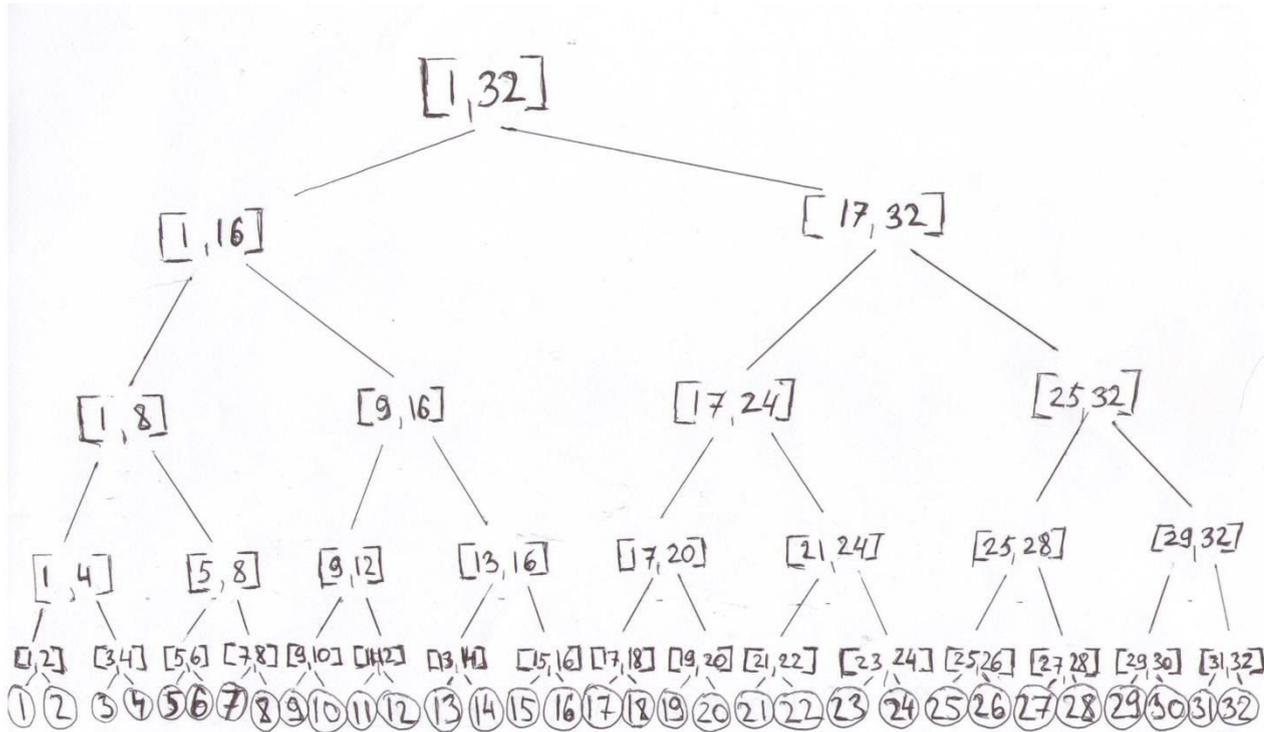


Рис.1. Полное дерево отрезков высоты 5.

Отрезки, которыми помечены узлы полного дерева отрезков, будем называть *бинарными отрезками*.

#### 2.2. Дерево отрезков данного множества.

Пусть  $M$  – множество натуральных чисел, причем все элементы  $M$  не превосходят  $2^k$  ( $k$  – некоторое натуральное число).

*Дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M$*  – это полное дерево высоты  $k$ . Из которого удалены все узлы, соответствующие отрезкам, в которых нет элементов множества  $M$  (см. рис.2).

Замечание. Так как число  $s$  такое, что  $1 \leq s \leq 2^k$ , принадлежит  $k+1$  бинарным отрезкам длины не более  $2^k$ , то дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M$  содержит не более  $|M| \cdot k$  узлов ( $|M|$  – количество узлов в множестве  $M$ ).

#### 2.3. Добавление и удаление узлов в дерево отрезков.

Утверждение. Пусть  $T$  – дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M$ ;  $T_{ins}$  – дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M + \{x\}$  ( $x$  не лежит в  $M$ );  $T_{del}$  – дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M - \{z\}$  ( $z$  лежит в  $M$ ). Тогда как дерево  $T_{ins}$ , так и дерево  $T_{del}$  могут быть получены из дерева  $T$  за время  $\sim k$ .

Доказательство (набросок).

(1) Удаление. Удаляем лист, соответствующий числу  $z$ . Далее двигаемся вверх по дереву  $T$  и

удаляем узлы, соответствующие отрезкам в которых нет элементов множества  $M$ , отличных от  $z$ .

(2) Вставка. Идем от корня вниз. Обнаружив уровень, на котором нет узла, помеченного отрезком, содержащим  $x$ , добавляем эту вершину. Далее добавляем вершину для числа  $x$  на каждом следующем уровне.

Конец доказательства.

Замечание. Если появилось число за пределами диапазона  $[1, 2^k]$ , то можно надстроить дерево. Время надстройки логарифмически зависит от того, насколько добавляемый элемент превосходит  $2^k$ .

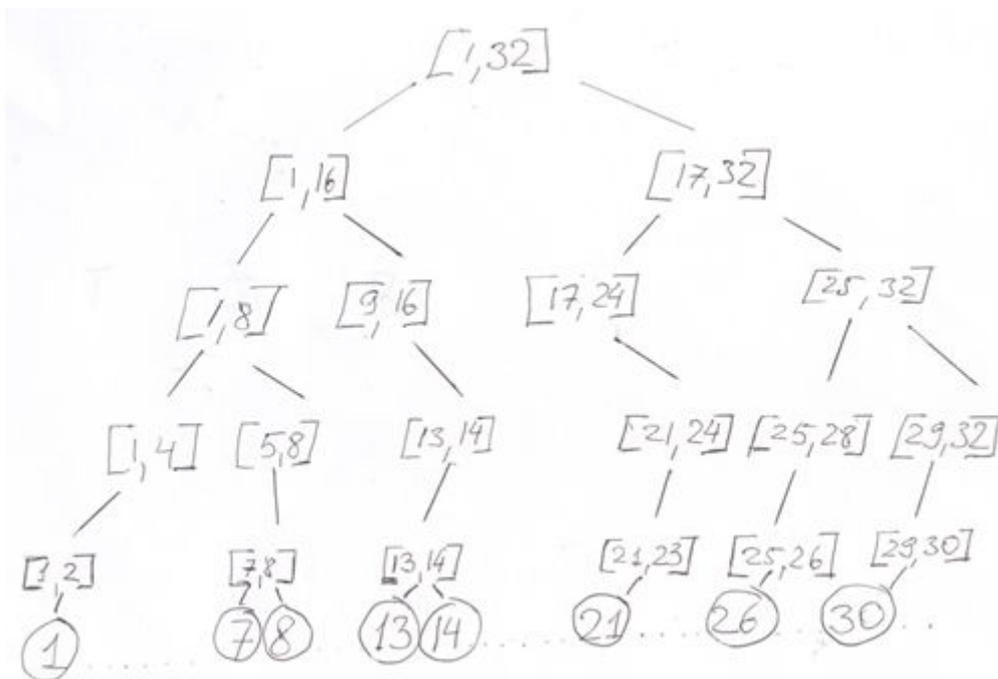


Рис.2. Дерево отрезков высоты 5 для множества  $\{1, 7, 8, 13, 14, 21, 26, 30\}$

#### 2.4. Обогащенные деревья отрезков.

Пусть  $M$  – множество натуральных чисел. Будем считать, что все элементы  $M$  принадлежат отрезку  $[1, 2^k]$ , где  $k$  – некоторое натуральное число.

2.4.1. Задача о сокровищах на дороге (сумма). Для каждого из элементов множества  $M$  задано целое число («вес мешка сокровищ под столбом»). Нужно уметь для каждого допустимого отрезка, лежащего внутри отрезка  $[1, 2^k]$ , назвать сумму весов сокровищ на этом отрезке.

Замечание. Количество возможных запросов  $\sim (2^k)^2$ .

Идея решения – использовать дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M$  с дополнительными пометками (обогащенное дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M$ ). Это дерево будем обозначать  $TSegmSum(M, k)$ . Исходное дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M$  будем обозначать  $TSegm(M, k)$ .

Дерево  $TSegmSum(M, k)$  получается из дерева  $TSegm(M, k)$  дописыванием в каждом узле сумму весов сокровищ на соответствующем отрезке.

Замечание. Дерево  $TSegmSum(M, k)$  строится из дерева  $TSegm(M, k)$  движением от листьев к корню за время  $\sim$  количества узлов в дереве  $TSegm(M, k)$ .

#### 2.4.2. Решение задачи о сокровищах на дороге (сумма).

Пусть нужно узнать сумму сокровищ для отрезка  $[a, b]$ . Двигаясь по дереву  $TSegmSum(M, k)$  от корня к листьям строим разбиение  $[a, b]$  на непересекающиеся бинарные отрезки так, чтобы разбиение было минимальным, то есть так, что никакие два бинарных отрезка, входящих в разбиение, нельзя объединить в больший бинарный отрезок. Сопоставим исходный тестовый отрезок  $[a, b]$  корню дерева  $TSegmSum(M, k)$ . Далее будем переходить от узла дерева к его сыновьям. При этом тестовый отрезок будет «дробиться» на

более мелкие отрезки – по одному на каждом сына узла. А именно, тестовый отрезок узла-сына – это пересечение тестового отрезка узла-отца и бинарного отрезка узла-сына. Если оказалось, что тестовый отрезок узла-сына совпадает с бинарным отрезком этого узла, то бинарный отрезок включается в искомое разбиение. В противном случае к узлу сыну и его тестовому отрезку применяется та же процедура.

Утверждение. Если узел не является корнем, то не более одного из его сыновей получает тестовый отрезок, не совпадающий с бинарным отрезком этого узла.

Доказательство - разберем на примере отрезка [5, 19] и обогащенного дерева, изображенного на рис. 3.

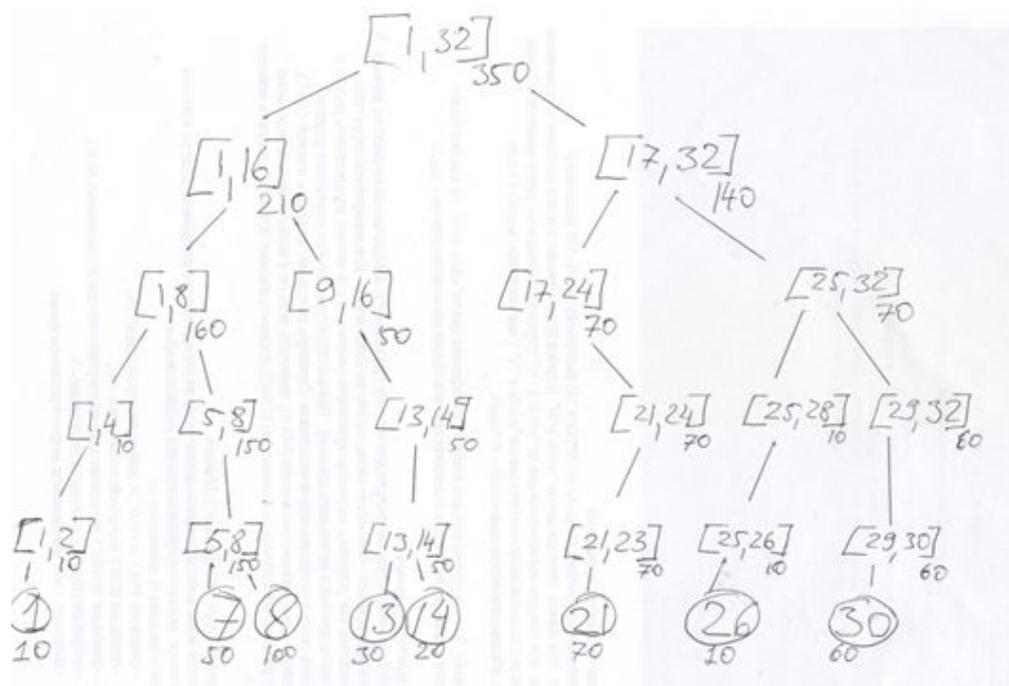


Рис.3. Обогащенное дерево для дерева отрезков, изображенного на рис.2.

Уровень 1. Узел: [1, 32]. Тестовый отрезок  $T(1, 32) = [5, 19]$ . Сыновья: [1, 16], [17, 32].

Новые тестовые отрезки:  $T(1, 16) = [5, 16]$ ;  $T(17, 32) = [17, 19]$ .

Текущее разбиение:  $[5, 16] + [17, 19]$ . Оба тестовые отрезка – не бинарные. Пока искомым бинарных отрезков нет.

Текущая сумма для найденных бинарных отрезков  $S=0$ .

Уровень 2.

А. Узел: [1, 16]. Тестовый отрезок  $T(1, 16) = [5, 16]$ . Сыновья: [1, 8], [9, 16].

Новые тестовые отрезки:  $T(1, 16) = [5, 8]$ ;  **$T(9, 16) = [9, 16]$** . Жирным выделен тестовый отрезок, совпадающий с бинарным.

Б. Узел: [17, 32]. Тестовый отрезок  $T(17, 32) = [17, 19]$ . Сыновья: [17, 24], [25, 32].

Новые тестовые отрезки:  $T(17, 24) = [17, 19]$ ;  $T(25, 32)$  – пустой.

Текущее разбиение:  $[5, 8] + [9, 16] + [17, 19]$ . Есть два небинарных отрезка (по краям) и один бинарный, входящий в искомое разбиение (выделен жирным).

Текущая сумма для найденных бинарных отрезков  $S = 0 + S(9, 16) = 0 + 50 = 50$

Уровень 3.

А. Узел: [1, 8]. Тестовый отрезок  $T(1, 8) = [5, 8]$ . Сыновья: [1, 4], [5, 8].

Новые тестовые отрезки:  $T(1, 4)$  - пустой;  **$T(5, 8) = [5, 8]$** .

Б. Узел: [17, 24]. Тестовый отрезок  $T(17, 24) = [17, 19]$ . Сын: [21, 24] (на отрезке [17, 20] элементов множества  $M$  нет).

Новый тестовый отрезки:  $T(21, 24)$  – пустой.

Текущее разбиение:  **$[5, 8] + [9, 16]$** . Небинарных отрезков нет – это и есть искомое разбиение.

Новый бинарный отрезок - */5, 8/* (выделен курсивом).

Сумма для найденных бинарных отрезков  $S = 50 + S(5, 8) = 50 + 150 = 200$

Ответ: 200.

Конец примера.

Следствие. В разбиении будет не более  $2^k$  бинарных отрезков, найти эти отрезки можно за время  $\sim k$ . Поэтому общее время получения ответа будет  $\sim k$ .

2.4.3. Задача о сокровищах на дороге (максимум). Для каждого из заданных чисел задано целое число («вес мешка сокровищ под столбом»). Нужно уметь для каждого допустимого сегмента (=отрезка) назвать максимальное сокровище на этом отрезке. Эта задача решается так же, как задача о сумме (см. п. 2.4.1-2.4.2), но в узлах обогащенного дерева нужно писать не сумму весов сокровищ соответствующего бинарного отрезка, а вес максимального из этих сокровищ.

2.4.4. Обновление обогащенного дерева сегментов.

Утверждение. Пусть  $T = TSegmSum(M, k)$  - обогащенное дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M$ ;  $TIns$  – обогащенное дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M + \{x\}$  ( $x$  не лежит в  $M$ );  $TDel$  – обогащенное дерево отрезков высоты  $k$  для множества  $M - \{z\}$  ( $z$  лежит в  $M$ ). Тогда как дерево  $TIns$ , так и дерево  $TDel$  могут быть получены из дерева  $T$  за время  $\sim k$ . Доказательство – аналогично доказательству утверждения из п. 2.3. Единственное отличие – нужно пересчитывать суммы в тех узлах, которые мы проходим.

с небольшой сложностью (допускаем пропуск уровней, если цепь – УТОЧНИТЬ)

2.4.5. Вывод

Обогащенные деревья отрезков позволяют для заданного множества  $M$  и натурального числа  $k$ , такого, что все элементы  $M$  не превосходят  $2^k$ , решать задачи ДОБАВИТЬ, УДАЛИТЬ, СУММАпоОТРЕЗКУ, МАКСИМУМпоОТРЕЗКУ, НАЙТИ за время  $\sim k$ .

Если элементы множества  $M$  «примерно равномерно» распределены на участке  $[1, 2^k]$ , то можно считать, что  $k \sim \log(|M|)$ .

Замечание. Если это не так, например, один из элементов множества  $M$  намного больше остальных, то времени  $\sim \log(|M|)$  можно достичь за счет небольшого изменения деревьев отрезков (т.н. «сжатие цепей»).

### 3. Поиск точных вхождений

#### 3.1. Поиск вхождений одного слова: постановка задачи

Дан длинный текст (геном) длины  $L$  и короткое слово (сайт)  $P$  длины  $k$ ; предполагается, что  $k \ll L$  (читается « $k$  много меньше  $L$ »).

Требуется найти все вхождения сайта в геноме.

Замечание. Слово, которое мы ищем принято называть *паттерном* (от англ. *pattern* – образец).

Наивный метод сравнения — «прикладывать» паттерн к геному, начиная с каждой позиции. Приложив паттерн к геному, побуквенно проверяем, совпадают ли буквы в паттерне и соответствующем месте генома. Если нашли несовпадение, сдвигаем начальную позицию в геноме на 1 и повторяем сравнение.

Недостаток метода: если, скажем первые 5 букв просматриваемого участка генома совпадают с началом паттерна, а 6-я буква нет, то при сдвиге начала просмотра генома на 1 мы 4 буквы будем анализировать повторно. Это приводит к оценке времени работы алгоритма поиска  $\sim L \cdot k$ .

Упражнение. Для произвольных  $L$  и  $k$  придумайте текст длины не менее  $L$  и паттерн длиной  $k$  так, чтобы при поиске паттерна в тексте с помощью описанного наивного алгоритма выполнялось  $L \cdot (k-1)/2$  сравнений букв.

Хорошо бы избежать повторного просмотра уже просмотренных букв – то есть получить

алгоритм со временем работы  $\sim L$ .

### 3.2. Поиск вхождений одного слова: идея быстрого алгоритма

Длинный текст (геном) будем обозначать  $G$ , а паттерн –  $P$ . Букву в  $k$ -й позиции генома (паттерна) будем обозначать  $G[k]$  (соответственно,  $P[k]$ ). Позиции будем нумеровать, начиная с 1.

Для примеров будем использовать паттерн  $P=ACAGACAT$ .

Пусть мы «прошли»  $s$  позиций генома и паттерн приложен, начиная с позиции  $s+1$ , где  $s \geq 0$ . То есть буква  $G[s+1]$  сравнивается с буквой  $P[1]=A$ ,

Пример 1. Текущая буква генома сравнивается с 1-й буквой паттерна, т.е. никакой фрагмент генома, заканчивающийся в позиции  $s$ , не является началом паттерна. В этом случае быднм говорить «обнаружено пустое начало паттерна» или «обнаружен пустой *префикс* паттерна» Если  $G[s+1] \neq P[1]=A$ , то мы не смотрели лишних букв и можно просто сдвинуть начало анализируемого фрагмента генома. Следующую букву - букву  $G[s+2]$  - мы снова должны сравнивать с 1-й буквой паттерна  $P[1]=A$ . Если  $G[s+1] = P[1]=A$ , то букву  $G[s+2]$  мы должны сравнивать со 2-й буквой паттерна  $P[2]=C$ . Как видим, в этом случае повторного просмотра букв нет. Сказанное будем изображать так (см. рис.4).

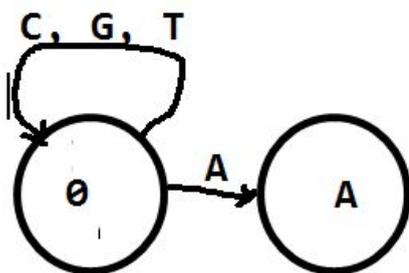


Рис.4

Каждый кружок обозначает, какой префикс в паттерне мы обнаружили (0 обозначает пустой префикс). Соответственно, следующая буква генома (в нашем случае) – буква  $G[s+2]$  должна сравниваться с позицией в паттерне, которая следует за найденным префиксом. Стрелки, выходящие из кружка соответствуют возможным буквам на *текущей* позиции генома. Конец стрелки указывает префикс, который будет обнаружен после сравнения. В нашем примере после сравнении с буквами C,G,T у нас по-прежнему будет пустой паттерн, а после сравнения с буквой A мы обнаружим префикс длины 1.

Пример 2. Найден префикс длины 1  $P[1:1]=A$ . Текущая буква генома сравнивается с 2-й буквой паттерна. Например,  $G[s+1]=P[1]=A$  и мы выполняем сравнение очередной буквы генома (это буква  $G[s+2]$ ) с  $P[2]$ .

Если  $G[s+2]=P[2]=C$ , то найденный префикс продлевается (теперь это префикс AC) и на следующем шаге мы продолжим сравнение с паттерном, т.е. будем сравнивать букву  $G[s+3]$  с буквой  $P[3]$ . Повторного анализа позиции  $G[s+2]$  нет.

Если  $G[s+2]=G$  или  $T$ , то ясно, что с позиции  $s+2$  паттерн начинаться не может (паттерн начинается с A, а  $G[s+2] \neq P[1]=A$ ). Поэтому новое сравнение с 1-й позицией паттерна мы начнем с позиции  $s+3$ , при этом мы располагаем только пустым префиксом. Отметим, что мы снова избежали повторного анализа позиции  $s+2$ .

Пусть, наконец,  $G[s+2]=A \neq P[2]=C$ . В этом случае совпадение с паттерном нарушено и нам нужно сдвинуть начало исследуемого фрагмента генома в позицию  $s+2$ . Но мы уже знаем, что  $G[s+2]=A=P[1]!$  Поэтому можно сразу перейти к сравнению  $G[s+3]$  со ВТОРОЙ буквой паттерна  $P[2]$  – мы располагаем префиксом длины 1!. Схема сравнений изображена на рис. 5.

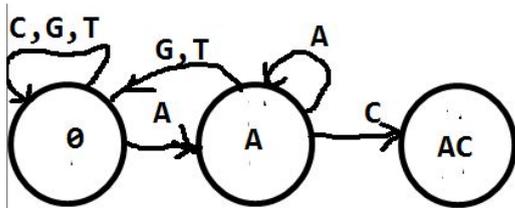


Рис.5

Как видим, во всех случаях, мы перешли к анализу позиции  $G[s+3]$ , избежав повторного анализа позиции  $G[s+2]$ . При этом, с какой буквой паттерна сравнивается буква  $G[s+3]$ , зависит от буквы  $G[s+2]$  (напомним, что мы рассматриваем случай  $G[s+1] = P[1] = A$ ). Если  $G[s+2] = G$  или  $T$ , то сравниваем букву  $G[s+3]$  с  $P[1]$ ; если  $G[s+2] = A$ , то сравниваем  $G[s+3]$  с  $P[2]$ ; если  $G[s+2] = C$ , то сравниваем  $G[s+3]$  с  $P[3]$ .

Подобным образом можно рассмотреть случаи, когда текущая буква генома сравнивается с каждой из букв паттерна. Формальное правило выглядит так.

*Пусть текущая буква генома  $G[t] = x$  сравнивается с  $(r+1)$ -й буквой паттерна. Это значит, что предшествующие  $r$  букв генома совпадают с  $r$  первыми буквами паттерна (у нас есть префикс  $P[1..r]$ ). То есть в позиции  $t$  генома заканчивается слово  $v = P[1]...P[r]x$ . Пусть  $n$  – такое наибольшее число, что конец слова  $v$  длины  $n$  является началом (префиксом) паттерна (но не совпадает с паттерном целиком!). Это и будет новый текущий найденный префикс паттерна. Следующую букву генома – букву  $G[t+1]$  нужно сравнивать с  $(n+1)$ -й буквой паттерна – следующей буквой после найденного префикса.*

Рассмотрим еще 2 примера.

Пример 3. Текущая буква генома  $G[t] = x$  сравнивается с 4-й буквой паттерна  $P[4] = G$ , то есть, найденный префикс – это префикс  $ACA$  (см. рис.6).

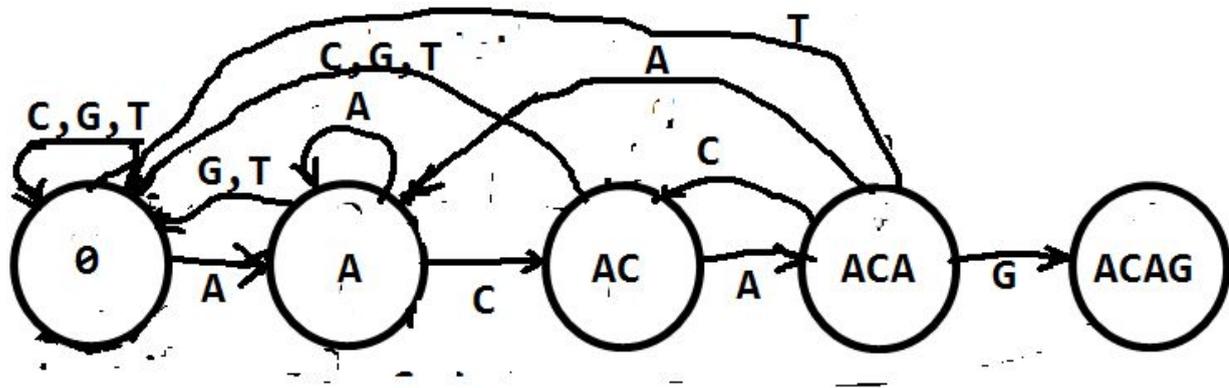


Рис.6

Если  $x = P[4] = G$  ( в геноме найдено  $ACAG$ ), то следующая буква генома  $G[t+1]$  сравнивается с  $P[5]$  ( $n=4$ , найденный префикс –  $ACAG$ , см. определение  $n$  в *формальном описании*).

Если  $x = P[4] = A$  ( в геноме найдено  $ACAA$ ), то  $n=1$ , найденный префикс –  $A$  и следующая буква генома  $G[t+1]$  сравнивается с  $P[2] = C$ .

Если  $x = P[4] = C$  ( в геноме найдено  $ACAC$ ), то  $n=2$ , найденный префикс –  $AC$  и следующая буква генома  $G[t+1]$  сравнивается с  $P[3] = A$ .

Если  $x = P[4] = T$  ( в геноме найдено  $ACAT$ ), то  $n=0$ , найденный префикс - пустой и следующая буква генома  $G[t+1]$  сравнивается с  $P[1] = A$ .

Пример 4. Текущая буква генома  $G[t] = x$  сравнивается с последней буквой паттерна  $P[8] = T$ , см. рис.7. Предшествующие 7 букв генома совпадают с соответствующими буквами

паттерна, то есть найденный префикс - это ACAGACA.

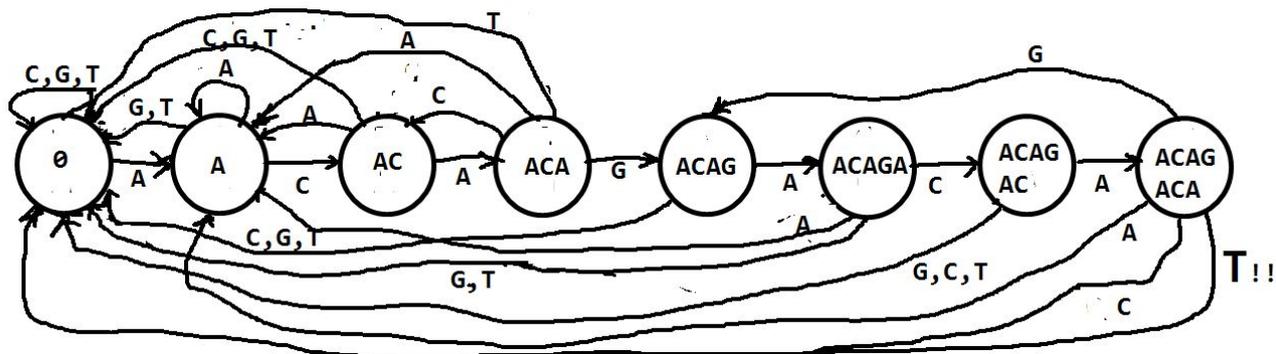


Рис.7

Если  $x = P[4] = T$  ( в геноме найдено ACAGACAT), то найдено вхождение паттерна. Это обозначено восклицательными знаками на соответствующей стрелке, такую стрелку назовем *допускающей*. Следующая буква генома  $G[t+1]$  будет сравниваться с  $P[1]$  ( $n=0$ , см. определение  $n$  в *формальном описании*). Мы продолжаем поиск новых вхождений паттерна. Если  $x = P[4] = A$  ( в геноме найдено ACAGACAA), то  $n=1$  и следующая буква генома  $G[t+1]$  сравнивается с  $P[2] = C$ . Если  $x = P[4] = C$  ( в геноме найдено ACAGACAC), то  $n=2$  и следующая буква генома  $G[t+1]$  сравнивается с  $P[3] = A$ . Если  $x = P[4] = G$  ( в геноме найдено ACAG), то  $n=4$  и следующая буква генома  $G[t+1]$  сравнивается с  $P[5] = A$ .

Замечание. Рассмотрим паттерн ACAGACAA (он отличается от нашего паттерна тем, что последняя буква не T, а A). Для такого паттерна возможны перекрывающиеся вхождения. Например, в тексте  $F = ACAGACAACAGACAA$  есть 2 вхождения:  $F[1..8]$  и  $F[8..15]$ . Допускающая стрелка из 8-го узла с буквой A ведет в этом случае во второй узел ( $n=1$ , см. определение  $n$  в *формальном описании*).

Замечание. Построенная нами конструкции известна в теории алгоритмов под названием *конечного автомата* (классическое определение немного отличается от нашего). Конечный автомат имеет конечный набор *состояний* (они у нас обозначены кружками). Состояния нашего автомата соответствуют началам (по-научному - *префиксам*) паттерна. На вход автомата по очереди подаются буквы определенного текста (у нас это буквы генома). Получив букву, автомат переходит в новое состояние. Находясь в определенном состоянии и получив на вход определенную букву, автомат может выдать сигнал о том, что обнаружено «допустимое слово». Конечные автоматы используются во многих алгоритмах поиска паттернов

### 3.3. Паттерны, включающие более одного слова.

Часто сайты связывания в геноме бывают *вырожденными*, то есть связывание происходит в месте, где в геноме находится одна последовательность нуклеотидов (слово) из некоторого набора. Такой набор слов тоже называется *паттерном* (паттерны, которые рассматривались в пп. 3.1, 3.2 – это *простые* или *однословные* паттерны).

Описанная идея (построение конечного автомата, которому на вход по очереди подаются буквы генома) применима и для паттернов, которые содержат несколько слов.

В этом случае состояния соответствуют префиксам всех слов паттерна (если у нескольких слов паттерна есть общее начало, ему соответствует одно состояние).

Формальное правило построения автомата теперь выглядит так:

Рассмотрим слово  $w$ , которое является началом (*префиксом*) одного или нескольких слов паттерна. Пусть  $x$  – буква (в случае геномного алфавита – одна из букв A, C, G, T). Пусть

текущая буква генома  $G[t] = x$  сравнивается с  $(r+1)$ -й буквой паттерна. Пусть  $n$  – такое наибольшее число, что конец слова  $w$  длины  $n$  является началом одного из слов паттерна (но не совпадает с этим словом целиком!). Пусть  $z$  и есть это самое начало. Тогда стрелка из состояния  $w$ , помеченная буквой  $x$  ведет в состояние  $z$ . Если при этом слово  $w$  принадлежит паттерну, то стрелка является допускающей.

На рис.8 изображен автомат для поиска вхождений паттерна, состоящего из двух слов ACAGACAT и ACAACACA. Все стрелки, которые явно не показаны на рисунке, ведут в начальное состояние, которое соответствует пустому префиксу.

Замечание. Если убрать стрелки, ведущие назад, останется дерево. Это дерево называется префиксным деревом.

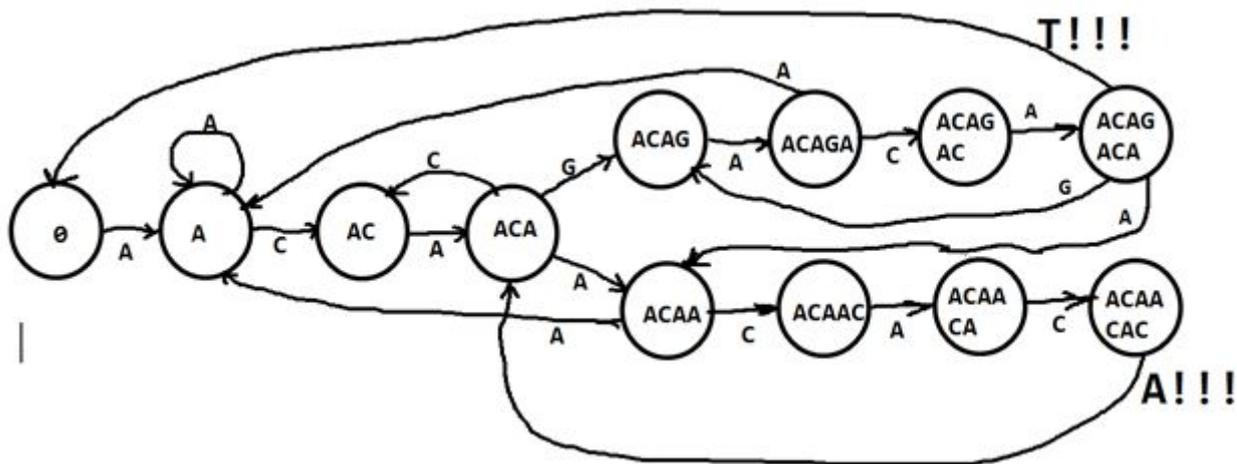


Рис.8. Автомат для поиска вхождений паттерна, состоящего из двух слов ACAGACAT и ACAACACA. Все стрелки, которые явно не показаны на рисунке, ведут в начальное состояние, которое соответствует пустому префиксу.

#### 4. Подведение итогов.

За 4 занятия мы познакомились со следующими темами:

(Занятие 1)

- формальная запись алгоритма, время работы алгоритма,
- задача сортировки; наивный алгоритм сортировки; время его работы; потребность в улучшении

(Занятие 2)

- задача слияния массивов; алгоритм слияния массивов и алгоритм MergeSort с использованием массивов; количество сравнений в этих алгоритмах и общее время работы

(Занятие 3)

- списки; списки с доступом к концу; явное использование указателей в языках программирования;
- понятие структуры данных, допустимые операции для каждой из рассмотренных структур данных:
- алгоритмы сцепления списков и вставки списка в другой список;

(Занятие 4)

- задача поиска объекта (числа) в множестве; сбалансированные бинарные деревья поиска; время поиска при их использовании
- идея балансировки; примеры ее использования
- деревья отрезков (различные виды); время решения с их помощью задач НАЙТИ, ДОБАВИТЬ, УДАЛИТЬ, МАКСИМУМпоОТРЕЗКУ, СУММАпоОТРЕЗКУ;
- задача поиска всех вхождений паттерна в тексте (геноме) для случая простого паттерна (из одного слова) и паттерна, содержащего несколько слов; конечный автомат на основе префиксного дерева; решение задачи с помощью этого автомата.

