Une astuce pour détecter des cycles

- Nous allons modéliser l'état de l'algorithme par une collection d'ensembles *disjoints*.
- Chaque ensemble correspond aux sommets d'une composante connexe.
- Au début chaque sommet est isolé, c'est-à-dire, chaque sommet est une composante connexe.
- makeset(x) : créer l'ensemble $\{x\}$.
- Nous aurons besoin de vérifier si deux sommets sont dans la même composante connexe.
- find(x): à quel ensemble appartient x?
- Lorsque nous rajoutons une arête, nous fusionnons deux composantes connexes.
- union(x,y): fusionner les deux ensembles qui contiennent x et y.

L'algorithme de Kruskal (version "union-find")

Entrées : Un graphe connexe G = (V, E) avec des poids w_e sur les arêtes

Sorties : Ensemble d'arêtes $X \subseteq E$ d'un arbre couvrant de G

pour tous les $u \in V$ faire

 \lfloor makeset(u)

$$X \leftarrow \varnothing$$

Trier les arêtes E par poids croissant

pour tous les $uv \in E$, dans l'ordre croissant de poids **faire**

Remarque

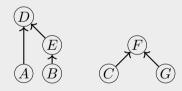
L'algorithme appelle makeset |V| fois, find 2|E| fois, et union |V|-1 fois.

Structure des données "union-find"

ullet Nous pouvons stocker un ensemble S comme une arborescence

Exemple

Une représentation de $\{A, B, D, E\}$ et $\{C, F, G\}$ par des arborescences :



Pointeurs et rank

- ullet Les sommets de cette arborescence sont les éléments de S (dans un ordre quelconque)
- À chaque élément x on associe un pointeur $\pi(x)$ vers son parent.
- En suivant le chemin $(x, \pi(x), \pi(\pi(x)), \ldots)$, on arrive finalement à la racine r.
- On peut considérer r comme le représentant de S.
- Cet élément est distingué par le fait que $\pi(r) = r$.
- À chaque sommet on associe aussi un *rank* qui mesure la hauteur du sous-arborescebce dont le sommet est la racine.

Les fonctions makeset et find

Fonction makeset(x)

$$\pi(x) \leftarrow x$$

$$\mathrm{rank}(x) \leftarrow 0$$

Fonction find(x)

tant que $x \neq \pi(x)$ faire $x \leftarrow \pi(x)$

retourner x

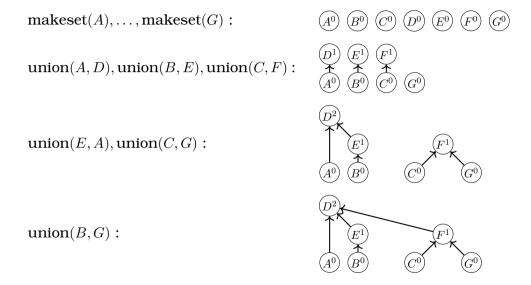
Complexité constante

Complexité dépend de la hauteur de l'arborescence, donc il est important de limiter la hauteur de l'arborescence.

Fusionner deux ensembles efficacement

- Soient *A* et *B* deux ensembles disjoints qu'on souhaite fusionner.
- Si r_A est la racine de A et r_B est la racine de B, il suffit de définir $\pi(r_A) = r_B$ ou $\pi(r_B) = r_A$.
- Si la hauteur de A est supérieure a celle de B, et on définit $\pi(r_A) = r_B$, alors la hauteur du nouveau arbre augmente de 1.
- Par contre, si on définit $\pi(r_A) = r_B$, alors la hauteur n'augmente pas.
- Avec cette stratégie, la hauteur augmente uniquement lorsque les deux arborescences ont la même hauteur (rank).

Une illustration



La fonction union

Fonction union

$$\begin{array}{l} r_x \leftarrow \mathrm{find}(x) \\ r_y \leftarrow \mathrm{find}(y) \\ \mathbf{si} \ r_x = r_y \ \mathbf{alors} \\ \sqsubseteq \ \mathrm{Retour} \\ \mathbf{si} \ rank(r_x) > rank(r_y) \ \mathbf{alors} \\ \sqsubseteq \ \pi(r_y) \leftarrow r_x \\ \mathbf{sinon} \\ \parallel \ \pi(r_x) \leftarrow r_y \\ \mathbf{si} \ rank(r_x) = rank(r_y) \ \mathbf{alors} \end{array}$$

 $| \operatorname{rank}(r_u) \leftarrow \operatorname{rank}(r_u) + 1$

- rank(x) est la hauteur de la sous-arborescence avec racine x.
- Cela implique, par exemple, que rank(x) < rank(π(x)), pour tout sommet x.

Nombre de sommets en terme de rank

Lemme

Soit x un sommet d'une arborescence A. Si rank(x) = k, alors la sous-arborescence avec racine x a au moins 2^k sommets.

Démonstration

- Vrai pour k = 0.
- Supposons que la proposition est vraie pour un entier $k \ge 0$, et soit x un sommet d'une arborescence A telle que rank(x) = k + 1.
- On a rank(x) = k + 1 parce que l'on a fusionné deux arborescences A_1, A_2 , la racine de chacune ayant rang k.
- Par l'hypothèse de récurrence, A_1 et A_2 ont donc chacune au moins 2^k nœuds.
- *A* a donc au moins $2 \cdot 2^k = 2^{k+1}$ sommets.

Complexité de l'algorithme de Kruskal

- Par conséquent, $rank(x) \leq \log_2 n$, pour tout sommet x.
- find et union sont donc de complexité $O(\log n)$.
- Nous pouvons conclure que l'algorithme de Kruskal est de complexité $O(m\log m) = O(m\log n)$, par exemple, en utilisant mergesort pour trier les arêtes.

Relation entre arbres couvrants de poids minimum et coupes

Rappel

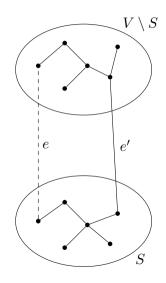
Soit G=(V,E) un graphe et soit $U\subseteq V$. Alors, $\delta(U)$ est l'ensemble des arêtes avec une (et une seule) extrémité dans U. On dit que $\delta(U)$ est une coupe.

• Il y a une relation importante entre les arbres couvrants de poids minimum et les coupes :

Lemme

Soit X un sous-ensemble des arêtes d'un arbre couvrant de poids minimum de G=(V,E). Soit $S\subseteq V$ t.q. aucune arête de X n'est présente dans la coupe $\delta(S)$. Soit e l'arête la plus légère dans $\delta(S)$. Alors $X\cup\{e\}$ est un sous-ensemble des arêtes d'un arbre couvrant de poids minumum.

Démonstration



- Soit T = (V, Y) un arbre couvrant de poids minimum de G t.q. $X \subseteq Y$.
- Supposons que $e \notin Y$ (sinon $X \cup \{e\} \subseteq Y$ et on a fini).
- Le graphe $(V, Y \cup \{e\})$ contient un cycle C (voir la characterisation des arbres).
- Il doit y avoir (au moins) une arête $e' \in Y \cap \delta(S)$.
- Par l'hypothèse, $w_e \leq w_{e'}$.
- Donc, $T' = (V, (Y \setminus \{e'\}) \cup \{e\})$ est un arbre couvrant de G de poids minimum qui contient $X \cup \{e\}$.

L'algorithme de Prim

Entrées : Un graphe connexe G=(V,E) avec des poids w_e sur les arêtes

Sorties : Ensemble d'arêtes $X \subseteq E$ d'un arbre couvrant de G

$$X \leftarrow \emptyset$$

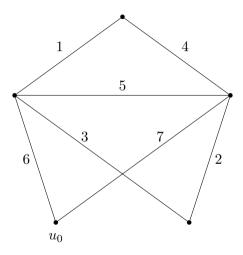
Choisir arbitrairement un sommet s et le marquer

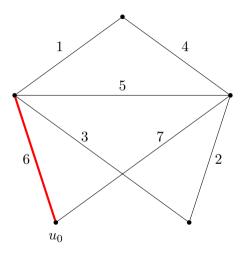
tant que ∃ un sommet non marqué adjacent à un sommet marqué faire

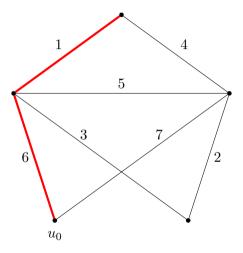
Trouver un sommet v non marqué adjacent à un sommet marqué u minimisant le poids de l'arête uv

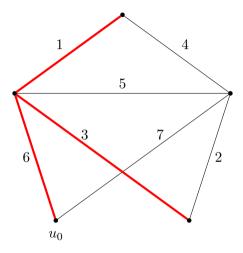
$$X \leftarrow X \cup \{uv\}$$

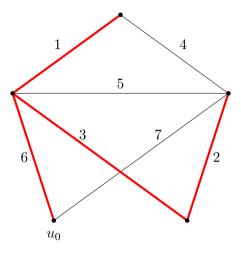
Marquer v











L'algorithme de Prim (implémentation avec files de priorité)

```
Entrées : Un graphe connexe G = (V, E) avec des poids w_e sur les arêtes
Sorties : Ensemble d'arêtes X \subseteq E d'un arbre couvrant de G
pour tous les u \in V faire
    coût[u] \leftarrow \infty
 prev[u] \leftarrow \emptyset
Choisir une source u_0
\mathbf{coût}[u_0] \leftarrow 0
H \leftarrow \mathsf{makequeue}(V)
                                                 // file de priorité avec coûts comme clés
tant que H \neq \emptyset faire
    v \leftarrow \text{deletemin}(H)
    pour tous les vz \in E faire
        si co\hat{u}t[z] > w_{vz} alors
       \operatorname{coût}[z] \leftarrow w_{vz}
    \begin{array}{c} \texttt{prev}[z] \leftarrow v \\ \texttt{decreasekey}(H, z) \end{array}
```

Complexité de l'algorithme de Prim

- L'algorithme de Prim est très proche à l'algorithme de Dijkstra.
- La seule différence est dans les valeurs des clés :
 - Dans l'algorithme de Prim, la valeur d'un sommet est le poids de l'arête entrante la plus légère
 - Dans l'algorithme de Dijkstra, c'est la longueur d'un chemin de la source vers ce sommet.
- La complexité est la même que celle de l'algorithme de Dijkstra, selon le type de tas utilisé :

```
liste O(n^2) tas binaire O((n+m)\log n) = O(m\log n) tas de Fibonacci O(m+n\log n)
```