

Análisis de algoritmos

La complejidad de un algoritmo = los recursos computacionales que consume (tiempo de ejecución y espacio en memoria)

Al analizar una algoritmo investigamos las propiedades de la complejidad del algoritmo. Para analizar un algoritmo se usan estas 3 **notaciones asintóticas** (permite clasificar las funciones “a la larga”, para grandes valores de n), dónde n es el tamaño de la entrada de la función.

- $\Theta(n)$ → Límite asintótico exacto = f crece al mismo ritmo que $\Theta(n)$
- $O(n)$ → Límite asintótico superior = f no crece más rápido que $O(n)$
- $\Omega(n)$ → Límite asintótico inferior = f crece al menos tan rápido como $\Omega(n)$

Costes frecuentes

$\log n$	$<$	\sqrt{n}	$<$	n	$<$	$n \log n$	$<$	n^2	$<$	n^3	$<$	k^n	$ $	$\Theta(1)$
Logarítmico				Lineal		Casi-Lineal		Cuadrático		Cúbico		Exponencial	$ $	Constante

Propiedades: (f i g son funciones)

- El coste de una **operación elemental** es $\Theta(1)$, esto incluye:
 - Asignación de tipos básicos (int, bool, double)
 - Operaciones aritméticas (suma, resta, multiplicación y división) e incrementos y decrementos de una variable.
 - Lectura o escritura de tipo básico
 - Una comparación
 - Acceso a un componente de un vector
- Suma de costes: $\Theta(f) + \Theta(g) = \Theta(\max\{f, g\})$
- Producto: $\Theta(f) \cdot \Theta(g) = \Theta(f \cdot g)$
- Si una constante $c > 0 \rightarrow O(f) = O(c \cdot f)$
- Si $0 < \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{g(n)}{f(n)} < +\infty \rightarrow g \in \Theta(f)$ y $f \in \Theta(g) \rightarrow$ Demuestra que dos funciones son iguales:
 $f(n) = g(n)$
- Paso de parámetro por valor (o return de un vector) $\rightarrow \Theta(n)$ (Porque el parámetro es copiado)
- Paso de parámetro por referencia $\rightarrow \Theta(1)$ (Referenciamos dónde se encuentra la variable)
- Cambio de base un logaritmo: $\log_c x = \frac{\log_b x}{\log_b c}$

Análisis de algoritmos iterativos

if B then S1		El coste de B es h
else S2	$O(\max\{f + h, g + h\})$	El coste de S1 es f
		El coste de S2 es g
while B {		El coste de B es f
S	Si $p = \max\{f + h\} \rightarrow T = O(p \cdot g)$	El coste de S es h
}		g = número de iteraciones

Análisis de algoritmos recursivos

$$T(n) = a \cdot T(n - c) + f(n) \rightarrow T(n) = \begin{cases} \Theta(n^k) & \text{If } a < 1 \\ \Theta(n^{k+1}) & \text{If } a = 1 \\ \Theta\left(\frac{n}{a^c}\right) & \text{If } a > 1 \end{cases}$$

Dónde a es el número de llamadas recursivas, $c \geq 1$ es el número que restamos al parámetro que pasamos en la llamada recursiva y $f(n) = \Theta(n^k)$ es el coste de la parte no recursiva del algoritmo.

Ejemplos: Si $f(n) = \Theta(1) \rightarrow n^k = 1 \rightarrow k = 0$, Si $f(n) = \Theta(n) \rightarrow n^k = n \rightarrow k = 1$

$$T(n) = a \cdot T\left(\frac{n}{b}\right) + f(n) \rightarrow T(n) = \begin{cases} \Theta(n^{\log_b a}) & \text{If } k < \log_b a \\ \Theta(n^k \cdot \log n) & \text{If } k = \log_b a \\ \Theta(n^k) & \text{If } k > \log_b a \end{cases}$$

Dónde $a \geq 1$ es el número de llamadas recursivas, $b > 1$ es el número que dividimos al parámetro que pasamos en la llamada recursiva y $f(n) = \Theta(n^k)$ es el coste de la parte no recursiva del algoritmo.

También se pueden expresar en una recurrencia:

$$T(n) = \begin{cases} \text{caso base} & \text{si } 0 \leq n < n_0 \\ \text{recurrencia substractiva o divisora} & \text{si } n \geq n_0 \end{cases}$$

Dividir y Vencer

Dividir y vencer es una estrategia que resuelve un problema en 3 pasos:

- 1- Dividiendo el problema principal en subproblemas, casos más pequeños del mismo problema.
- 2- Resolviendo los subproblemas recursivamente.
- 3- Combinando las respuestas adecuadamente para resolver el problema principal.

Algoritmos de dividir y vencer

Mergesort (Ordenación por fusión) → Siempre: $\Theta(n \log n)$.

- 1- Divide la secuencia de entrada en dos mitades.
- 2- Ordena cada mitad recursivamente
- 3- Fusiona las dos secuencias ordenadas

```
void merge(vector<elem>& T, int l, int m, int u) {
    vector<elem> B(u - l + 1);
    int i = l, j = m + 1, k = 0;
    while (i <= m and j <= u) {
        // If the element of the lower part of the sequence is smaller than the
        // upper one then add the element of the lower part to the sequence
        if (T[i] <= T[j]) B[k++] = T[i++];
        // Otherwise add the element of the upper part to the sequence
        else B[k++] = T[j++];
    }
    // Add to the new sequence B the elements that hasn't been added yet
    while (i <= m) B[k++] = T[i++];
    while (j <= u) B[k++] = T[j++];
    // Overwrites the part of the sequence that has been processed
    for (k = 0; k <= u - l; ++k) T[l + k] = B[k];
}

// Initial call: mergesort(T, 0, T.size() - 1)
void mergesort(vector<elem>& T, int l, int u) {
    if (l < u) {
        int m = (l + u) / 2;
        mergesort(T, l, m);           // Sort the half downwards positions
        mergesort(T, m + 1, u);       // Sort the half upwards positions
        merge(T, l, m, u);            // Merge the two sorted sequences
    }
}
```

Quicksort (Ordenación rápida) → $\Omega(n \log n)$, $O(n^2)$ y de media $\Theta(n \log n)$.

- 1- Escoge un elemento de la lista que hará de pivote
 - a. Si el pivote es el primer elemento de la lista → Si la entrada esta ordenada el algoritmo pierde tiempo $\Theta(n^2)$
 - b. Si pivote es un elemento aleatorio → En media divide el problema en subproblemas parecidos, pero no siempre hace el algoritmo más rápido.
 - c. Si el pivote es la mediana de tres elementos (porque hacer la mediana de todo sería muy costoso) → Hace una buena estimación, normalmente se escoge el primer, el último y el elemento del medio.
- 2- Hacer dos grupos
 - a. Los elementos mayores que el pivote van a un lado.
 - b. Los elementos menores que el pivote al otro lado, los elementos iguales al pivote pueden ir a cualquiera de los dos lados.
- 3- Hace dos llamadas recursivas dividiendo la lista en dos (mayores y menores)
- 4- Repite el proceso por cada sublista.
- 5- Devuelve las dos sublistas ordenadas seguidas.

```
int partition(vector<elem>& T, int l, int u) {
    int x = T[l]; // In this case we take the first element as pivot
    int i = l - 1;
    int j = u + 1;
    while (1) {
        while (x < T[--j]);
        while (T[++i] < x);
        if (i >= j) return j;
        // If there is an element in the lower and upper part that is not
        // in the correct part, exchange them.
        swap(T[i], T[j]);
    }
}

// Initial call: quicksort(T, 0, T.size() - 1);
void quicksort(vector<elem>& T, int l, int u) {
    if (l < u) {
        int q = partition(T, l, u);
        // Elements smaller than the pivot
        quicksort(T, l, q);
        // Elements bigger than the pivot
        quicksort(T, q + 1, u);
    }
}
```

BinarySearch (Búsqueda Binaria) → Devuelve la posición de un elemento en un conjunto ordenado crecientemente → $\Omega(1)$, $O(\log n)$ y de media $\Theta(\log n)$.

- 1- Selecciona el elemento que se encuentra en la posición del medio del conjunto.
- 2- Mirar si el elemento seleccionado es mayor o menor que el elemento que buscamos:
 - a. Si es mayor seleccionamos la parte superior del conjunto.
 - b. Si es menor seleccionamos la parte inferior del conjunto.
- 3- Repite el proceso hasta encontrar el número que buscamos, si el elemento buscado no se encuentra en el conjunto devuelve el elemento más cercano por la parte superior.

```
// Initial call: binarySearch(T, x, 0, T.size() - 1)
int binarySearch(const vector<elem>& T, const int& x, int l, int u) {
    if (l > u) return u; // The element is not in the array

    int m = (l + u) / 2;
    if (x == T[m]) return m; // The position of the number has been found
    else if (x < T[m]) return binarySearch(T, x, l, m - 1); // [----]-----
    else return binarySearch(T, x, m + 1, u); // -----[-----]
}
```

QuickSelect (Selección rápida) → Busca el j – th elemento más pequeño de un conjunto no ordenado dado → $\Omega(n)$, $O(n^2)$ y de media $\Theta(n)$.

1. Escoge un elemento del conjunto que hará de pivote.
2. Todos los elementos más grandes que el pivote se sitúan a la derecha de este.
3. Escoge otro elemento de la parte izquierda del conjunto como pivote.
4. Repetimos el proceso mientras el pivote $k > j$.

```
// Initial call: binarySearch(T, 0, j, T.size() - 1)
int quickSelect(vector<int> T, int l, int j, int u) {
    if (l == u) return T[l];

    int k = partition(T, l, u); // Same function as quickSort algorithm
    if (k == j) return T[k]; // The j-th smallest element has been found
    else if (j < k) return quickSelect(T, l, j, k - 1); // [-----]-----
    else return quickSelect(T, k + 1, j, u); // -----[-----]
}
```

InsertionSort (Ordenación por inserción) y **BubbleSort** (Ordenación de burbuja) → $\Omega(n)$, $O(n^2)$ y de media $\Theta(n^2)$.

Algoritmo de Karatsuba → Calcula el producto de dos números naturales de n bits → $\Theta(n^{\log_2 3})$.

- 1- Supongamos que x e y son dos números naturales, los pasamos a binario y dividimos x e y en 2 mitades de n bits cada uno, en el caso de que no haya el mismo número de bits (n) o n no sea una potencia de 2 → añadir 0's a la izquierda:

$$\begin{aligned} \text{a. } x &= [x_I][x_D] = 2^{n/2}x_I + x_D & x &= \begin{array}{|c|c|} \hline 01\dots & 11\dots \\ \hline x_I & x_D \\ \hline \end{array} & y &= \begin{array}{|c|c|} \hline 10\dots & 10\dots \\ \hline y_I & x_D \\ \hline \end{array} \\ \text{b. } y &= [y_I][y_D] = 2^{n/2}y_I + y_D \end{aligned}$$

- 2- Calcular $x \cdot y = 2^{n/2}x_I y_I + 2^{n/2}(x_I y_D + x_D y_I) + x_D y_D$

Quick exponentiation → $\Theta(\log n)$.

```
double fast_exponentiation(double x, int n) { // Computes x^n
    if (n == 0) return 1;

    double y = exponential(x, n / 2);
    if (n % 2 == 0) return y * y;
    else return y * y * x;
}
```

Algoritmo de Strassen → Calcula el producto de dos matrices de tamaño $n \times n$ → $\Theta(n^{\log_2 7})$.

De esta manera se reducen el número de multiplicaciones necesarias de 8 a 7

$$\begin{pmatrix} A_{11} & A_{12} \\ A_{21} & A_{22} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} B_{11} & B_{12} \\ B_{21} & B_{22} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} C_{11} = M_2 + M_3 & C_{12} = M_1 + M_2 + M_5 + M_6 \\ C_{21} = M_1 + M_2 + M_4 - M_7 & C_{22} = M_1 + M_2 + M_4 + M_5 \end{pmatrix}$$

$$\begin{aligned} M_1 &= (A_{21} + A_{22} - A_{11}) \cdot (B_{11} + B_{22} - B_{12}) \\ M_2 &= A_{11} \cdot B_{11} \\ M_3 &= A_{12} \cdot B_{21} \\ M_4 &= (A_{11} - A_{21}) \cdot (B_{22} - B_{12}) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} M_5 &= (A_{21} + A_{22}) \cdot (B_{12} - B_{11}) \\ M_6 &= (A_{12} - A_{21} + A_{11} - A_{22}) \cdot B_{22} \\ M_7 &= A_{22} \cdot (B_{11} + B_{22} - B_{12} - B_{21}) \end{aligned}$$

Diccionarios

Un diccionario es una estructura de datos formada por diferentes llaves, que se usan como identificador para una información o valor. Estas llaves son únicas, no se pueden repetir.

Elemento = (llave, información)

Las operaciones permitidas son:

- Asignar: añadir un elemento (llave, información) al diccionario. Si existía un elemento con la misma llave, se sobrescribe la información.
- Eliminar: dada una llave, suprime el elemento que tiene dicha llave. Si no hay ningún elemento con dicha llave, no hace nada.
- Presente: dada una llave, devuelve un booleano que indica si el diccionario contiene un elemento con la llave dada.
- Búsqueda: dada una llave, devuelve una referencia al elemento con esa llave.
- Consulta: dada una llave, devuelve una referencia a la información de esa llave.
- Tamaño: devuelve el tamaño del diccionario.

A continuación veremos las diferentes estructuras de datos que implementan los diccionarios:

Tabla de acceso directo (un vector): son estructuras que cada posición del vector corresponde a una llave, por lo que gana en eficiencia, ya que las operaciones en el peor caso serán $\Theta(1)$, pero sacrificamos espacio.

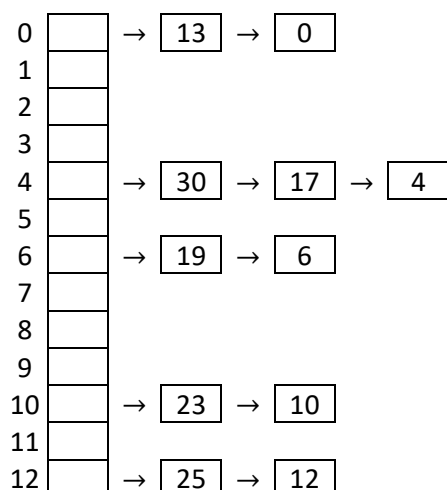
Hash tables (tabla de dispersión): son estructuras eficientes para implementar los diccionarios. → $O(n)$ y de media $\Theta(1)$ (Con hipótesis razonables). Supongamos que tenemos un máximo de n llaves y declaramos una tabla T de m posiciones, donde $m \leq n$.

- Si $m = n$, usamos acceso directo: el elemento de la llave k va al espacio $T[k]$.
- Si $m < n$, usamos tablas de dispersión: el elemento de la llave k va al espacio $T[h(k)]$, donde h es una función de dispersión y nos indica entre las m posiciones dónde estará la llave k .

Un método de función de dispersión es $h(k) = k \bmod m$

Llamamos **colisiones** a dos claves que coinciden en un mismo espacio, esto es debido a que hay menos posiciones que claves, por lo tanto es inevitable, aunque lo ideal es que haya cuantas menos colisiones. Hay diferentes métodos para tratar las colisiones:

- **Separate Chaining** (Encadenamiento separado): la solución de las colisiones por encadenamiento se resuelven haciendo que cada entrada de la tabla contenga una lista encadenada con las



diferentes llaves de dispersión. De esta manera la función de dispersión h indica dónde debe ir cada llave.

El coste por consulta:

- En el peor de los casos $\Theta(n)$: suponiendo que todos los elementos se encuentren en el mismo valor de dispersión, formando una sola lista.
- De media $\Theta(1)$: porque la función de dispersión tarda $\Theta(1)$ y luego devuelve una llave de la lista.

Asignar y suprimir (con búsqueda previa), en el peor de los casos tiene coste $\Theta(n)$.

El **factor de carga** (load factor): indica la media de elementos por posición $\alpha = n/m$. De esta manera sabemos que el coste medio por búsqueda, asignación o eliminación (ambas con búsqueda previa) es de $\Theta(1 + \alpha)$.

- **Open Addressing** (Direccionamiento abierto): Todos los elementos se almacenan en la tabla de dispersión, por lo que la tabla siempre será mayor o igual que el número de llaves existentes (la tabla puede ir aumentando de tamaño). Hay diferentes maneras de aplicar este método:
 - **Linear probing** (Exploración lineal): inicialmente comprueba la posición correspondiente a la función de dispersión de la llave dada, si no prueba con la siguiente posición, así consecutivamente.

0	0	0	0	occupied	0	0	occupied
1		1	13	occupied	1	13	occupied
2		2		free	2	25	occupied
3		3		free	3		free
4	4	4	4	occupied	4	4	occupied
5		5	17	occupied	5	17	occupied
6	6	6	6	occupied	6	6	occupied
7		7	19	occupied	7	19	occupied
8		8		free	8	30	occupied
9		9		free	9		free
10	10	10	10	occupied	10	10	occupied
11		11	23	occupied	11	23	occupied
12	12	12	12	occupied	12	12	occupied

Si el **factor de carga** es demasiado grande \rightarrow lanza una excepción o redimensiona (normalmente doblando el tamaño) la tabla de dispersión y hace un **rehash**, que consiste en copiar el contenido de la la tabla inicial pero readaptando las llaves a las nuevas posiciones, es una operación costosa.

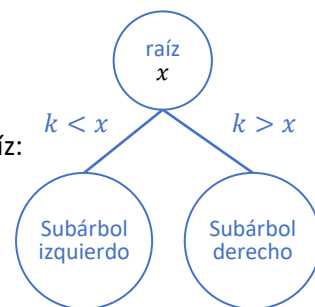
$\{0, 4, 6, 10, 12\}$ \rightarrow $\{13, 17, 19, 23\}$ \rightarrow $\{25, 30\}$

Binary Search Tree (BST, Árboles binarios de búsqueda): Son estructuras arborescentes las cuales la llave que contienen los nodos cumplen las siguientes propiedades:

- Los nodos mayores que la raíz van al subárbol derecho.
- Los nodos menores que la raíz van al subárbol izquierdo.

Consulta: supongamos que k es la llave que buscamos y x el la llave de la raíz:

- Si $k = KEY(x) \rightarrow$ Búsqueda completada.
- Si $k < KEY(x) \rightarrow$ Hacemos una llamada recursiva al subárbol izquierdo.
- Si $k > KEY(x) \rightarrow$ Hacemos una llamada recursiva al subárbol derecho.



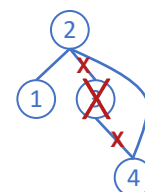
Inserción:

- Si $k = KEY(x) \rightarrow$ Sobrescribimos la información.
- Si $k < KEY(x) \rightarrow$ Hacemos una llamada recursiva al subárbol izquierdo para insertarlo ahí.
- Si $k > KEY(x) \rightarrow$ Hacemos una llamada recursiva al subárbol derecho para insertarlo ahí.

Eliminación

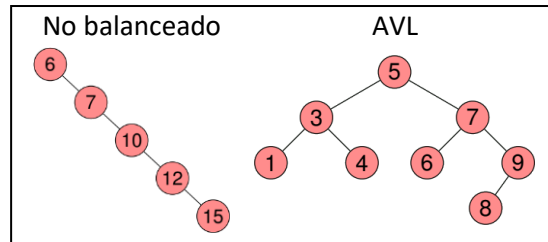
- Si el nodo que queremos eliminar es una hoja (ambos subárboles están vacíos) \rightarrow Eliminar el nodo.
- Si el nodo que queremos eliminar solo tiene un subárbol \rightarrow sustituir el árbol existente por el padre.
- Si el nodo tiene los dos subárboles \rightarrow Buscar el nodo más grande en el subárbol izquierdo y remplazarlo por el nodo que queremos eliminar.

La altitud esperada de un árbol con n nodos es de $\Theta(\log n)$, por lo que los costes de las operaciones anteriores es de media $\Theta(\log n)$, en el peor de los casos $\Theta(n)$, si coincide la altura con el nombre de nodos.



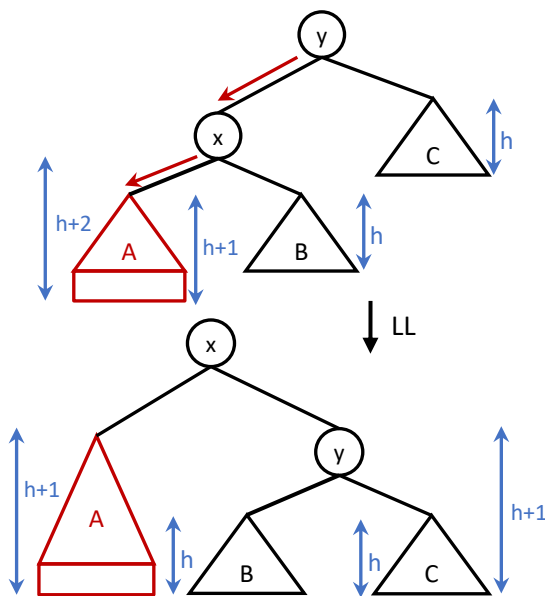
AVLs es un BST balanceado, es decir, que la máxima diferencia que puede haber entre los subárboles izquierdo I y derecho D es 1: $|altura(I) - altura(D)| \leq 1$

La **consulta** funciona de la misma manera que un BST no balanceado, pero el coste en el peor de los casos es $\Theta(\log n)$, debido a que la altura de un AVL de tamaño n es $\Theta(\log n)$.

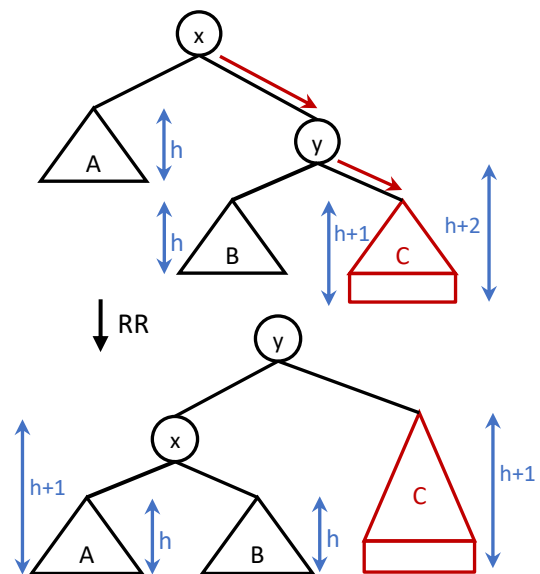


Actualizar (insertar y eliminar) un AVL funcionan igual que un BST no balanceado, pero después comprobamos que el árbol se mantenga balanceado (respetando la norma de la altura), para ello utilizamos las **rotaciones**, estas tienen coste $\Theta(1)$, de esta manera el peor de los casos al actualizar un AVL tiene coste $\Theta(\log n)$.

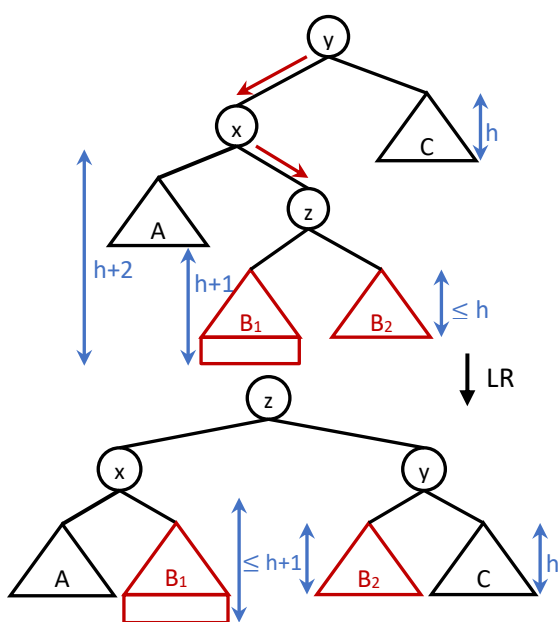
LL (left-left) simple rotation



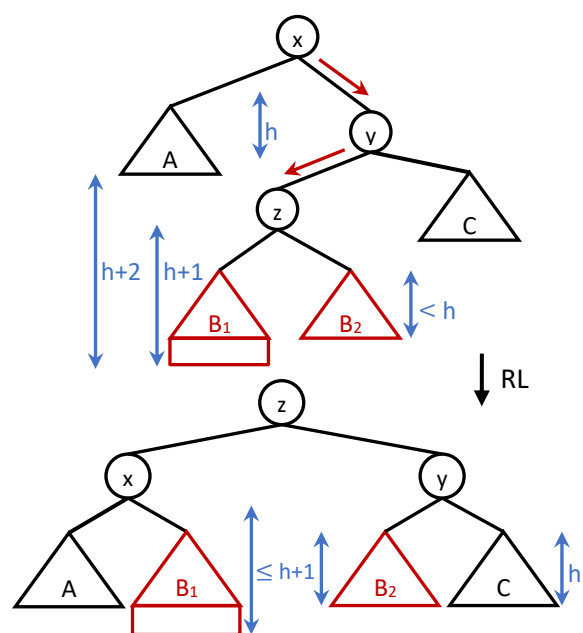
RR (right-right) simple rotation



LR (left-right) double rotation



RL (right-left) double rotation



Priority queues (colas con prioridad)

Almacena un conjunto de elementos, cada uno tiene una prioridad asociada a él por el cual se ordena. Las colas de prioridad insertan y suprimen elementos de la mínima (o máxima) prioridad.

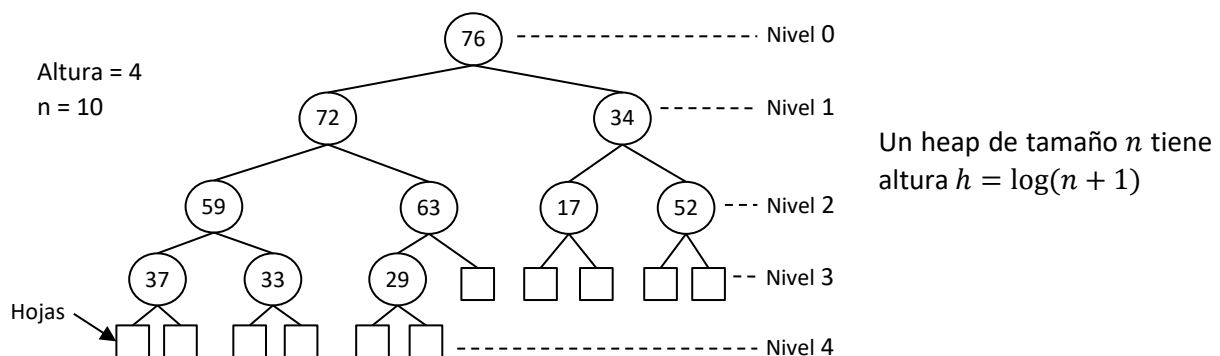
Las estructuras de datos de los diccionarios, excepto las tablas de dispersión, pueden usarse para implementar colas de prioridad con coste $\Theta(\log n)$.

Heap → es un árbol binario que:

- Todos los subárboles vacíos se encuentran en los últimos dos niveles del árbol.
- Si un nodo tiene un subárbol izquierdo vacío, el derecho también deberá estar vacío.

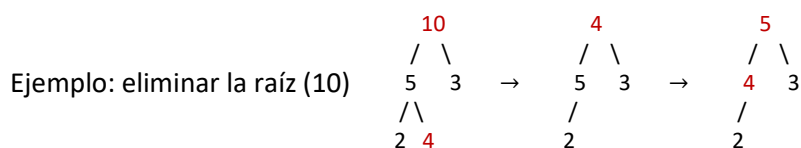
Hay dos tipos de heaps:

- Max-heaps → La prioridad de un elemento es mayor o igual que sus descendientes.
- Min-heaps → La prioridad de un elemento es menor o igual que sus descendientes.



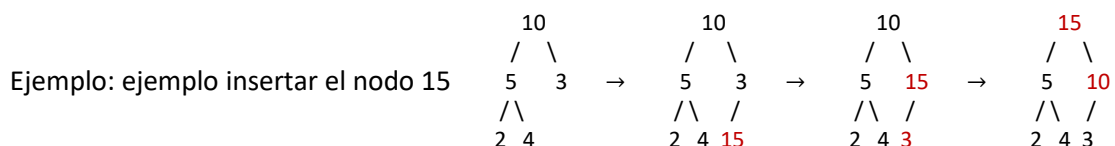
Proceso de **eliminar** un nodo $\Theta(\log n)$:

- 1- Sustituir la raíz o el elemento que se desea eliminar por su último elemento.
- 2- Eliminar el último elemento del heap
- 3- Comparar los subárboles izquierdo y derecho para ver si cumplen la condición de ser **menores (max-heap)** o **mayores (min-heap)** e ir intercambiando los nodos hasta que la prioridad del heap se cumpla.



Proceso de **insertar** un nodo $\Theta(\log n)$:

- 1- Insertar el **nuevo nodo** como última hoja **de izquierda a derecha**.
- 2- Comparar el **nuevo nodo** con su **predecesor** (el de arriba).
- 3- Si el **nuevo nodo** es **mayor (max-heap)** o **menor (min-heap)** que su predecesor los intercambiamos. Repetimos los pasos 2 y 3 hasta que la prioridad se cumpla o llegue a la raíz.



Heapsort

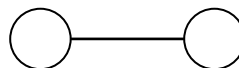
Ordena un conjunto de n elementos construyendo un heap de n elementos, para posteriormente extraerlos uno por uno del heap. El coste es $\Theta(n \log n)$.

Grafos

Conceptos básicos sobre grafos

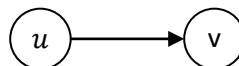
Un **grafo** es un par $G = \langle V, E \rangle$ donde V es un conjunto finito de vértices (nodos) y E es un conjunto de aristas; cada arista $e \in E$ es un par no ordenado de vértices (u, v) siendo $u \neq v$ y $u, v \in V$.

$$\begin{aligned} \text{El número de aristas } |E| &= m; 0 \leq m \leq \frac{n(n-1)}{2} \\ \sum_{v \in V} \text{in-deg}(v) &= \sum_{v \in V} \text{out-deg}(v) = |E| \end{aligned}$$



Un **dígrafo** o grafo dirigido es un grafo, pero las aristas tienen una dirección asociada.

$$\begin{aligned} \text{El número de aristas } m; 0 \leq m \leq n(n-1) \\ \sum_{v \in V} \text{deg}(v) &= 2 \cdot |E| \end{aligned}$$



Para un arco $e = (u, v)$, al vértice u se le llama **origen** y al vértice v **destino**. Se dice que v es el **sucesor** de u , contrariamente, u es el **predecesor** de v . Los vértices de e se le llaman **extremos** y decimos que u y v son **adyacentes**, también decimos que la arista e es **incidente** a v .

Grado: número de aristas incidentes a un vértice $u \rightarrow \text{deg}(u)$.

- **In-degree:** número de sucesores de un vértice $u \rightarrow \text{in-deg}(u)$.
- **Out-degree:** número de predecesores de un vértice $u \rightarrow \text{out-deg}(u)$.

Un grafo es:

- **Denso:** si el número de aristas se acerca al máximo número de vértices, $m = \Theta(n^2)$, cómo por ejemplo los grafos completos.
- **Disperso:** si es contrario al caso anterior, cómo por ejemplo: los grafos ciclo y los d -regulares.
- Un **camino** si existe mínimo una arista entre cada vértice y el último, excepto entre el primero y el último, que no es necesario.
- Un **camino simple** es un camino en que ningún vértice se repite, excepto el primero y el último.
- Un **ciclo** si existe un camino en el cual el primer y último vértice son el mismo.
- **Acíclico** si no contiene ningún ciclo.
 - **Hamiltoniano** si contiene al menos un camino que visite todos los vértices del grafo una sola vez.
 - **Euleriano** si contiene un camino que visite todos los vértices del grafo sin repetir arista.
- **Conexo** si existe un camino para cada par de vértices.

El **Diámetro** de un grafo es la distancia máxima entre un par de vértices.

El **centro** de un grafo es un nodo el cual su distancia máxima a cualquier nodo es la distancia mínima.

Un **subgrafo** de G es el mismo grafo quitando vértices o aristas, hay dos tipos:

- **Subgrafo inducido:** contiene exactamente las mismas aristas, pero no todos los vértices.
- **Subgrafo generador:** contiene exactamente los mismos vértices, pero no todas las aristas.

Un **componente conexo** C de grafo G es un grafo inducido máximamente conectado, es decir que es un subgrafo que si añadiéramos otro vértice resultaría en un subgrafo inducido no conexo.

Un **árbol** es un grafo conexo acíclico, donde $|E| = |V| - 1$.

- Un **árbol generador** es un subgrafo generador y un árbol a la vez.

Un **bosque** es un subgrafo generador acíclico que consiste en un conjunto de árboles, cada uno un árbol generador conexo.

- Un **bosque generador** es un subgrafo generador acíclico que consta de un conjunto de árboles, cada uno un árbol generador conexo.

Se acostumbran a ver dígrafos o grafos en los que los vértices contienen una etiqueta numérica la cual representa el peso de ese vértice. Este tipo de grafos se les llama **grafo etiquetado / ponderado / con peso**, y cada etiqueta del vértice se le llama **peso**.

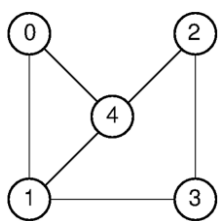
Implementación de los grafos

Matriz de adyacencia: son muy costosas en espacio. Si $|V(G)| = n \rightarrow$ su coste en espacio para representar un grafo es de $\Theta(n^2)$. Su uso es adecuado para **grafos densos**.

- Cada entrada $M[i][j]$ es un booleano que indica si los nodos i y j están unidos por una arista.
- Para un (di)grafo etiquetado $M[i][j]$ indica el peso asignado a la arista entre los nodos i y j .

Listas de adyacencia: tiene un coste $\Theta(n + m)$ dónde $n = |V|$ y $m = |E|$. Como norma general usar esta implementación.

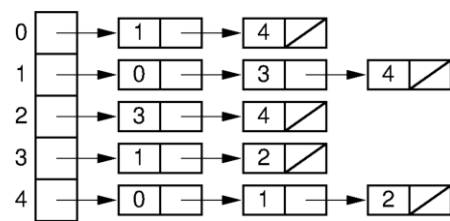
- Se usa un vector T , tal que al buscar un nodo u , $T[u]$ apunte a una lista de aristas incidentes a u o a una lista de vértices $v \in V$ adyacentes a u .
- Para dígrafos, hay una lista de sucesores para cualquier vértice u , y además si se desea, una lista de predecesores de cualquier vértice u .



Grafo

	0	1	2	3	4
0		1			1
1	1			1	1
2				1	1
3		1	1		
4	1	1	1		

Matriz de adyacencia



Listas de adyacencias

DFS (Depth-First-Search)

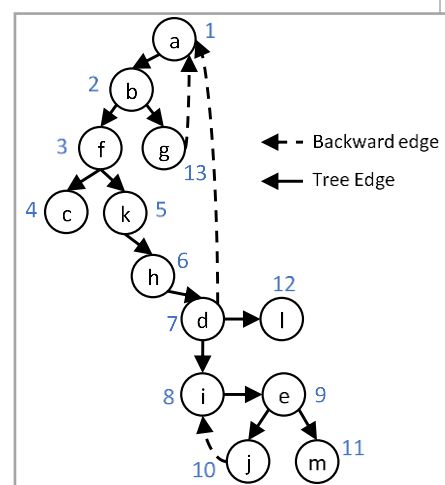
Empezamos visitando un nodo v , a partir de este, vamos recorriendo de manera recursiva todos los nodos no visitados adyacentes/sucesores a v . Un vértice se mantiene **abierto** hasta que se hayan recorrido recursivamente todos los nodos adyacentes/sucesores a v , después el vértice queda cerrado. $\Theta(n + m)$

```
list<int> DFS(const graph& G) {
    int n = G.size();
    list<int> L;
    vector<boolean> vis(n, false);

    for (int u = 0; u < n; ++u)
        DFS_REC(G, u, vis, L);
    return L;
}

void DFS_REC(const graph& G, int u,
             vector<boolean>& vis, list<int>& L) {
    if (not vis[u]) {
        vis[u] = true;
        L.push_back(u);

        // Checks all adjacent nodes
        for (int v : G[u])
            DFS_REC(G, v, vis, L);
    }
}
```



```

    }
}

```

Usos del DFS:

- Detectar ciclos o encontrar Componentes Conexas (CC).
- Saber si un grafo es bipartido.

Un **DAG** (Grafo dirigido acíclico) es un grafo dirigido que no contiene ciclos.

Una **ordenación topológica** de un DAG crea una secuencia de todos los vértices de tal manera que ningún vértice es visitado hasta que todos sus predecesores hayan sido visitados. $\Theta(n^2)$

```

list<int> topological_sort(const graph& G) {
    int n = G.size();
    vector<int> ge(n, 0);

    // Count the number of predecessors of each vertex
    for (int u = 0; u < n; ++u) {
        for (int i = 0; i < G[u].size(); ++i) {
            ++ge[G[u][i]];
        }
    }

    // Adds vertices without predecessors to the stack.
    stack<int> S;
    for (int u = 0; u < n; ++u) {
        if (ge[u] == 0) {
            S.push(u);
        }
    }

    list<int> L;
    while (not S.empty()) {
        int u = S.top();
        S.pop();
        L.push_back(u);

        // Checks all adjacent nodes
        for (int i = 0; i < G[u].size(); ++i) {
            int v = G[u][i];
            // If all predecessors has been visited
            if (--ge[v] == 0) {
                S.push(v); // Add to the stack
            }
        }
    }
    return L; // Returns the list with sorted nodes
}

```

BFS (Breadth-First Search)

Dado un vértice s visitamos todos los vértices en la componente conexa de s en orden creciente de distancia desde s . Cuando un vértice ha sido visitado, todos los vértices no visitados se añaden a la cola de vértices que posteriormente serán visitados. $\Theta(|V| + |E|)$.

```
// Finds the distance between a given source and destination
int BFS(const graph& G, int source, int destination) {
    // Vector that helps us to know the visited vertices
    vector<int> distance(G.size(), -1); // -1 indicates that hasn't been visited
    queue<int> q;
    q.push(source); // Initialize the queue
    distance[source] = 0; // Set the source as visited

    while (not q.empty()) {
        int aux = q.front();
        q.pop();

        // The node destination has been found!
        if (aux == destination) return distance[aux];

        for (int s : adjacent(aux)) {
            // Check if has been visited
            if (distance[s] == -1) {
                // Mark as visited and set the distance from source
                distance[s] = distance[aux] + 1;
                q.push(s);
            }
        }
    }
    return -1; // Cannot go to destination from source
}
```

Un algoritmo BFS a partir de un vértice s , calcula:

- El camino más corto entre vértices.
- Diámetro de un grafo.
- El centro de un grafo.

Funciona con grafos y con dígrafos sin pesos.

Se usa como modelo para los siguientes algoritmos:

Algoritmo Dijkstra

Es un algoritmo que encuentra el camino más corto de un vértice a todos los otros vértices de un (di)grafo. Su coste en el peor de los casos es $\Theta((m + n) \log n)$.

Árboles de Expansión Mínimos: Algoritmo de Prim

Un árbol de expansión **mínimo** de G es un subgrafo $T = (V_A, A)$ de G que sigue siendo un árbol (conexo y acíclico), contiene todos los vértices de G (es decir, $V_A = V$) y su **peso total es el mínimo entre todos los árbol de expansión de G** .

Procedimiento: Empieza con un vértice dado, lo visita y busca la arista menos pesada incidente a los vértices que no han sido visitado, sigue este procedimiento hasta que todos los vértices del grafo original estén en el subgrafo. $\Theta(m \times n)$.

Búsqueda exhaustiva