Analisi e Progetto di Algoritmi

UniShare

Davide Cozzi @dlcgold

Gabriele De Rosa @derogab

Federica Di Lauro @f_dila

Indice

1	Intr	oduzio	one	3										
2	Intr	ntroduzione al corso												
	2.1	1 Argomenti												
	2.2	_	so Algoritmi 1	5										
		2.2.1	Equazioni di Ricorrenza	5										
3	Programmazione Dinamica													
		3.0.1	Programmazione Dinamica	16										
		3.0.2	Un Problema di Sequenze	17										
		3.0.3	Longest Common Substring	17										
		3.0.4	Il Problema delle Scatole	19										
	3.1	Longe	st Common Subsequence	20										
		3.1.1	Growing LCS, GLCS	24										
		3.1.2	Heaviest Common Subsequence (HCS)	26										
		3.1.3	ALCS	27										
	3.2	Proble	emi di Ottimo	28										
		3.2.1	Problema Knapsack (dello zaino)	28										
		3.2.2	Subset Sum	29										
		3.2.3	Knapsack frazionario	30										
		3.2.4	Approfondimento Greedy	31										
		3.2.5	Problema dell'Autostrada	31										
		3.2.6	TSP	32										
		3.2.7	Matroidi	32										
4	Gra	ıfi		34										
	4.1	Visita	di un Grafo	35										
		4.1.1	Visita in Ampiezza BFS	36										
		4.1.2	Visita in Profondità DFS	40										
		4.1.3	Ordinamento Topologico	45										
	4.2	Algori	itmo di Floyd-Warshall	45										

lΝ	DICE	ט	1.	NDI	CE
	4.3	Algort	timo di Bellman-Ford		47
	4.4	Strutt	ture Dati per Insiemi Disgiunti		47
		4.4.1	Rappresentazione a Lista Concatenata		48
		4.4.2	Rappresentazione con Foreste di Insiemi Disgiunti .		48

4.4.24.4.3

Capitolo 1

Introduzione

Questi appunti sono presi a lezione. Per quanto sia stata fatta una revisione è altamente probabile (praticamente certo) che possano contenere errori, sia di stampa che di vero e proprio contenuto. Per eventuali proposte di correzione effettuare una pull request. Link: https://github.com/dlcgold/Appunti.

Grazie mille e buono studio!

Capitolo 2

Introduzione al corso

2.1 Argomenti

Si hanno diversi tipi di problemi:

- problemi di ottimo dove si cercano singole soluzioni efficienti (massimi o minimi) tra molte soluzioni possibili. Si usa anche la programmazione greedy, dove si sceglie in base ai costi locali per ottenere massimi e minimi senza però guardare i costi complessivi.
- problemi non risolubili in tempi accettabili, per i quali si usa la programmazione dinamica, che cerca di individuare sottostrutture ottime per risolvere il problema, cercando la soluzione migliore memorizzando le altre soluzioni e utilizzandole. Si cerca comunque la soluzione meno dispendiosa in termini di tempo.
- **problemi NP-completi**, ovvero problemi per cui non si può trovare un algoritmo o non si può trovare un algoritmo con una complessità asintotica polinomiale. Si useranno anche tecniche non deterministiche. Si cercherà di studiare uno dei 10 problemi più difficili della matematica: $P \subseteq NP$?

Studieremo poi i grafi non pesati con gli algoritmi BFS (per cercare in ampiezza) e DFS (per cercare in profondità). Studieremo anche i grafi pesati con problemi di cammino minimo.

2.2 Ripasso Algoritmi 1

Innazitutto due algoritmi con lo stesso scopo si possono confrontare in base a tempo e spazio, scegliendo anche in base alle esigenze hardware. Per lo spazio si calcola quanto spazio viene richiesto da variabili e strutture dati, soprattutto queste ultime che dipendono dalla dimensione dell'input. Per quanto riguarda il tempo si usano le tecniche di conto soprattutto basate sui cicli e, in generale, su tutte operazioni da effettuare. Il tempo si basa sull'input n e si indica con T(n) e si esprime in forma asintotica, interessandoci quindi unicamente all'ordine di grandezza. Si hanno il caso peggiore, indicato con l'O-grande e quello migliore indicato con l'o-piccolo a seconda di n.

Si ricorda poi la tecnica della ricorsione con algoritmi che si muovono su se stessi mediante dei "passi" arrivando ad un caso base di uscita. Per calcolare i tempi di un algoritmo ricorsivo si ha T(n) = F(n) + T(n-1) con F che rappresenta le istruzioni delle subroutines. Questa equazione di ricorrenza non è facilmente calcolabile ma può essere espansa muovendosi sui passi fino a che non si arriva a qualcosa di calcolabile grazie al caso 0, questo è il metodo iterativo (anche se si ha anche il metodo per sostituzione). Per gli algoritmi ricorsivi si hanno anche i divide et impera (dove il problema P è diviso in sottoproblemi risolti separatemente, con la divide, e poi combinati alla fine, con la combina) dove i tempi non sono sempre calcolabili ma se lo sono si usa il metodo dell'esperto (studiando le tre possibili casistiche).

2.2.1 Equazioni di Ricorrenza

Le equazioni di ricorrenza hanno solitamente la seguente forma:

$$\begin{cases} T(n) = T(n-1) + f(n) \\ T(1) = \Theta(1) \end{cases}$$

Esistono tre metodi per risolvere le equazioni di ricorrenza:

- Iterativo (detto anche Albero di ricorsione)
- Sostituzione
- Esperto (detto anche Principale)

Metodo Iterativo

Si può usare sia per algoritmi ricorsivi e per Divide et Impera. Ad ogni passo si prende il valore a destra dell'uguaglianza e lo si sostituisce, arrivando, dopo k passi ad una formula generale. Sempre k ci darà il caso base. Posso rappresentare questo metodo con l'albero delle chiamate ricorsive, guardando quanto è alto l'albero e quanto impiega ad ogni livello

Esempio 1. Calcolo i tempi di:

$$\begin{cases} T(N) = T(n-1) + 8 \\ T(1) = 6 \end{cases}$$

procedo nella seguente maniera:

$$T(n) = T(n-1) + 8 = [T(n-2) + 8] + 8 = T(n-2) + 2 \cdot 8$$

$$= [T(n-3) + 8] + 2 \cdot 8 = T(n-3) + 3 \cdot 8$$

$$= [T(n-4) + 8] + 3 \cdot 8 = T(n-4) + 4 \cdot 8$$

$$= T(n-k) + k \cdot 8$$

per k = n - 1 si ha:

$$T[n - (n-1)] + (n-1) \cdot 8 = T(1) + (n-1) \cdot 8 = 6 + (n-1) \cdot 8 = \Theta(n)$$

Altri esempi su sito e appunti di Chiodini

Metodo per Sostituzione

Si ipotizza un tempo di calcolo (si possono usare gli asintotici con O e Ω lo si dimostra per induzione

Esempio 2.

$$\begin{cases} T(n) = 2 \cdot T\left(\frac{n}{2}\right) + n & n > 1 \\ T(1) & n = 1 \end{cases}$$

Ipotizzo $O(n \cdot \log n)$ e dimostro per induzione:

$$T(n) = O(n \cdot \log n) < c \cdot n \cdot \log n$$

Serve una dimostrazione forte: ipotizzo T(m) vera per $1 \le m \le n-1$ quindi si ha:

$$T(n) = 2 \cdot T\left(\frac{n}{2}\right) + n \le 2 \cdot \left[c \cdot \frac{n}{2} \cdot \log \frac{n}{2}\right] + n$$

$$= c \cdot n \cdot \log \frac{n}{2} + n = c \cdot n \cdot (\log_2 n - \log_2 2) + n$$

$$= c \cdot n \cdot \log_2 n - c \cdot n + n \le c \cdot n \cdot \log n \text{ se } c \ge 1$$

Analizzo ora il caso base:

T(1)=1 quindi voglio $1 \le c \cdot \log_2 1$ ovvero $1 \le c \cdot 0$ ovvero mai. testo fino a che non trovo $T(3)=2 \cdot T(1)+3=29+3=5$ che mi va bene, infatti $5 \le c \cdot 3 \cdot \log_2 3$

Metodo dell'Esperto

Posso usare questo metodo solo nel caso di un'equazione di ricorrenza di questo tipo:

$$\begin{cases} T(n) = a \cdot T\left(\frac{n}{b}\right) + f(n) \\ T(1) = \Theta(1) \end{cases}$$

dove:

- $a \cdot T\left(\frac{n}{b}\right)$ è l'Impera ed è $\sim n^{\log_b a}$
- f(n) è il divide e il combina (ovvero la parte iterativa)

Si definiscono tre casi:

- caso 1: $n^{\log_b a} > f(n)$ quindi $T(n) \sim n^{\log_b a}$. Si hanno le seguenti condizioni necessarie: $f(n) = O(n^{\log_b a \epsilon})$ (con $\epsilon > 0$) e quindi $T(n) = \Theta(n^{\log_b a \epsilon})$
- caso 2: $n^{\log_b a} \cong f(n)$ quindi $T(n) \sim f(n) \cdot \log n$. Si hanno le seguenti condizioni necessarie $f(n) = \Theta(n^{\log_b a})$ e quindi $T(n) = \Theta(n^{\log_b a})$
- caso 3: $n^{\log_b a} < f(n)$ quindi $T(n) \sim f(n)$. Si hanno le seguenti condizioni necessarie: $f(n) = \Omega(n^{\log_b a + \epsilon})$ (con $\epsilon > 0$) e $a \cdot f\left(\frac{n}{b}\right) \le k \cdot f(n)$ (con k < 1) quindi $T(n) = \Theta(f(n))$

Esempio 3. Risolvo:

$$T(n) = 9 \cdot T\left(\frac{n}{3}\right) + n$$

Si ha: f(n) = n, a = 9 e b = 3.

Ho che $n^{\log_3 9} = n^2$ quindi ho il primo caso:

 $f(n) = O(n^{\log_b a - \epsilon}) = O(n^{2 - \epsilon})$ Posso dire che $\exists \epsilon : O(n^{2 - \epsilon}) = n$?

 $Si \ \forall \epsilon < 1$, per esempio $\epsilon = \frac{1}{2}$. Quindi il Metodo dell'esperto è applicabile (nel primo caso) e si ha quindi $T(n) = \Theta(n)$

Esempio 4. Si può analizzare meglio il MergeSort:

$$T(n) \cong 2 \cdot T\left(\frac{n}{2}\right) + \Theta(n)$$

Si ha: $f(n) = \Theta(n)$ e $n^{\log_b a} = n^{\log_2 2} = n$

Posso applicare il Metodo dell'esperto nel secondo caso avendo così:

$$T(n) = \Theta(n \cdot \log n)$$

Esempio 5.

$$T(n) = 3 \cdot T\left(\frac{n}{4}\right) + n \cdot \log n$$

Si ha: $f(n) = n \cdot \log n$ e $n^{\log_b a} = n^{\log_4 3}$ e siamo nel terzo caso:

$$f(n) = \Omega(n^{\log_4 3 + \epsilon})$$

se pongo $\epsilon = 1 - \log_4 3$ ottengo n. Il terzo caso richiede una doppia verifica:

$$3 \cdot \frac{n}{4} \cdot \log \frac{n}{4} \le k \cdot n \log n$$

che vale per $k = \frac{3}{4}$ infatti si ha:

$$\frac{3}{4} \cdot n \cdot \log \frac{n}{4} \le \frac{3}{4} \cdot n \cdot \log n$$

Si hanno quindi entrambi i requisiti e si può asserire che $T(n) = \Theta(n \cdot \log n)$

Esempio 6. Calcolo i tempi di:

$$T(n) = 2 \cdot T\left(\frac{n}{2}\right) + n \cdot \log n$$

Si ha: $n^{\log_b a} = n^{\log_2 2} = n$ e $f(n) = n \cdot \log n$. Provo a procedere col terzo caso, dimostrando che:

$$n \cdot \log n = \Omega(n^{\log_b a + \epsilon}) = \Omega(n^{1 + \epsilon}) = \Omega(n \cdot n^{\epsilon})$$

Ma tale ϵ non esiste in quanto $n^{\epsilon} > \log n$ infatti:

$$\lim_{n\to\infty}\frac{n\cdot\log n}{n\cdot n^\epsilon}=0,\ \forall\,\epsilon>0$$

 $Bisogna\ quindi\ applicare\ un\ altro\ metodo\ per\ risolvere\ l'equazione\ di\ ricorrenza$

Esempio 7. Calcolo la seguente equazione di ricorrenza:

$$\begin{cases} T(n) = 1 & n = 1 \\ T(n) = 2 \cdot T(\frac{n}{2}) + 1 & n > 1 \end{cases}$$

Quindi avrò un albero binario di soli 1 di profonfità 2^k Quindi $T(n) = \sum_{i=0}^k 2^i = 2^{k+1} - 1$ con $k = \log n$ in quanto si avranno in totale $n = 2^k = 2 \cdot 2^k - 1$. Quindi ottengo 2n - 1 quindi avrò $\Theta(n)$.

Abbiamo poi visto alcune strutture dati: array, list, stack, queue, tree (e binary-tree) e heap.

Capitolo 3

Programmazione Dinamica

Partiamo dall'algoritmo che calcola la lista di Fibonacci:

```
function FIB(n)

if n = 1 then

return \ n

else

return \ FIB(n-1) + FIB(n-2)
```

Si vede che non sappiamo calcolarne la compplessità, che non è polinomiale ma magari esponenziale o addirittura fattoriale.

Sia T(n) il costo della chiamata alla funzione. Se n=0 o n=1 ho T(n)=1. Andando avanti avrò T(n)=1+T(n-1)+T(n-2) che non è risolvibile con le tecniche che conosciamo. Vediamo come risolverla: riscriviamo l'equazione non omogenea:

$$T(n) - T(n-1) - T(n-2) = 1$$

e facciamo una piccola approssimazione:

$$T(n) - T(n-1) - T(n-2) = 0$$

ottenendo un'equazione lineare omogenea a cui sommerò qualcosa per ottenre il risultato della non omogenea. Quindi risolvo l'omogenea ipotizzando un valore per T(n), per esempio $T(n) = r^n$, e testiamolo, diventa:

$$r^n - r^{n-1} - r^{n-2} = 0$$

moltiplico da entrambe le parti per r^2 perché posso:

$$r^2 \cdot r^n - r \cdot r^n - r^n = 0$$

$$r^2 - r - 1 = 0$$

che è un'equazione di secondo grado con soluzioni $r = \frac{1 \pm \sqrt{5}}{2}$ Quindi

$$T(n) - T(n-1) - T(n-2) = 0$$

ha due soluzioni:

$$C_1 \left(\frac{1+\sqrt{5}}{2}\right)^n$$

$$C_2 \left(\frac{1-\sqrt{5}}{2}\right)^n$$

quindi:

$$T_0(n) = C_1 \left(\frac{1+\sqrt{5}}{2}\right)^n + C_2 \left(\frac{1-\sqrt{5}}{2}\right)^n$$

Ora cerco la soluzione particolare, sostituisco in:

$$T(n) - T(n-1) - T(n-2) = 1$$

Tutte le $T(\cdot)$ con k ottenendo $k-k-k=1 \to k=-1$. Quindi la soluzione finale è:

$$T(n) = C_1 \left(\frac{1+\sqrt{5}}{2}\right)^n + C_2 \left(\frac{1-\sqrt{5}}{2}\right)^n - 1 = \Theta\left(\left(\frac{1+\sqrt{5}}{2}\right)^n\right)$$

che è la sezione aurea

Miglioriamo l'algoritmo introducendo un array di n celle F, inizializzarlo

$$F[1 \dots n]$$

for $i \leftarrow 1$ to n **do**
 $F[i] \leftarrow empty$

e procedere con la ricorsione con annotazione, che scrive i vari step su un array (sprecando quindi memoria) e modificando fibonacci per ottenre la versione con annotazione:

function
$$FIBANN(n)$$

if $f[n] == empty$ then

```
if n \le 1 then
F[n] \leftarrow n
else
F[n] = FIBANN(n-1) + FIBANN(n-2)
return \ F[n]
```

Quindi se si richiede qualcosa di già usato lo si ritorna prendendolo dall'array. Questo è esponenziale Iterativamente sarebbe:

```
function FIBIT(n)

F[0] \leftarrow 0

F[1] \leftarrow 1

for i \leftarrow 2 to n do

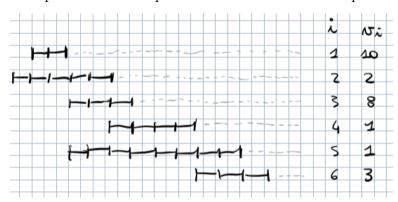
F[i] \leftarrow F[i-1] + F[i-2]

return \ F[n]
```

questo è polinomiale

Un Nuovo Problema

Abbiamo una serie di task che possono essere svolte con un certo costo v_i , che partono in tempi diversi e non possono essere svolte contemporaneamente:



Per ogni attività si ha quindi un s_i , tempo di inizio, un f_i , tempo di fine, e un v_i , il costo, con $i \dots n$ che indica l'attività. Definiamo $A \subseteq \{1, \dots, n\}$ come l'insieme che contiene attività mutualmente compatibili sse:

$$\forall i, j \in A \ [s_i, f_i) \cap [s_j, f_j) \neq \emptyset$$

definiamo anche comp(A):

$$\begin{cases} \text{true} & \text{se mutualmente compatibili} \\ \text{false} & \text{altrimenti} \end{cases}$$

che verifica se dei task sono mutualmente compatibili.

Inoltre $V(A) = \sum_{i \in A} v_i$ per vedere il costo totale di una serie di task, con:

$$P(\{1,\ldots,n\}) \to \{true, false\}$$

 $V: P(\{1,\ldots,n\}) \to \mathbb{R}$

Quindi la soluzione sarà un insieme di task tale che:

$$S \subseteq \{1, \dots, n\} \to comp(S) = true, \ V(S) = \max\{v(A)\}\$$

Definiamo in maniera formale: l'instanza è una $n \in \mathbb{N}$ e $X_n \in \{1, \ldots, n\}$. Ad ogni attività $i \in X_n$ ci sono associate il tempo di inizio s_i , di fine f_i e il valore v_i .

La soluzione è un sottoinsieme $S \subseteq X_N$ di attività compatibili secondo la funzione comp e tale che $v(S) = \max_{A \subseteq X_n, comp(A) = TRUE} \{v(A)\}$. La soluzione basata sulla forza bruta (calcolo tutte le combinazioni) è $\Omega(2^n)$ nel caso migliore; non va bene.

Usiamo quindi la programmazione dinamica devo però prima cercare la soluzione in termini ricorsivi, cercando i sottoproblemi. La struttura da "far calare" è X_n a step di n-1 lavorando quindi su $S_{n-1} \subseteq X_{n-1}$ tale che valga quanto sopra.

Il sottoprobelma i-esimo sarà $X_i = \{1, \dots i\}$ con $S_i \subseteq X_i$ con le condizioni di sopra.

Il sottoproblema con i = 1 avrà $X_1 = \{1\}$ fatto solo dalla prima attività e quindi avrò $S_1 = \{1\}$ e quindi $v(S_1) = v_1$, ovvero 10 nel nostro caso.

Inoltre se i = 0 avrò l'insieme vuoto che ha valore 0.

Quindi $S_1 = \{1\}$, con $V(S_1) = 1$, e $S_0 = \emptyset$, con $v(s_0) = 0$ e questi potrebbero essere i miei casi base.

Ragioniamo su 6, se 6 è soluzione allora sarà insieme alla soluzione delle altre attività compatibili, ovvero quella di 4 essendo la prima compatibile in ordine, o meglio $s_6 = \{6\} \cup S_4$. Per la 5 sarà 1, per la 4 sarà 2, per la 3 sarà 1 e per la 2 non sarà nessuna, come per 1, e quindi sarà 0. Ho appena definito $p(i) = \max\{j | j < i, j \text{ compatibile con i}\}$ assumendo che $\max \emptyset = 0$, quindi l'attività con indice maggiore compatibile precedente a quella in studio.

Questo schema funziona per attività ordinate sull'ordine di fine.

Quindi:

$$S_i = \begin{cases} \{i\} \cup S_{p(i)} & \text{se } i \in S_i \\ S_{i-1} & \text{se } i \notin S_i \end{cases}$$

e:

$$v(S_i) = \begin{cases} v_i + v(S_{p(i)}) \\ v(S_{i-1}) \end{cases}$$

Il modo di procedere consiste nel valcolare i valori e aggiornare il massimo:

$$v(S_i) = \max\{v_i + v(S_{p(i)}), v(s_{i-1})\}, i > 0$$

sapendo $v(S_1) = 1 e v(s_0) = 0.$

Ma in realtà $v(S_1) = 1$ è ricavabile da $v(S_0)$ con la formula quindi avremo solo un caso base: $v(S_0) = 0$, i = 0.

Quindi abbiamo trovato la ricorrenza, considerando anche che:

$$S_i = \begin{cases} \{i\} \cup S_{p(i)} & \text{se } v_i + v(S_{p(i)}) \ge v(S_{i-1}) \\ S_{i-1} & \text{se } v_i + v(S_{p(i)}) < v(S_{i-1}) \end{cases}$$

Quindi ottengo l'algoritmo ricorsivo per calcolare i vari v_i :

```
\begin{aligned} & \textbf{function} \ R\_OPT(i) \\ & \textbf{if} \ i == 0 \ \textbf{then} \\ & \textbf{return} \ 0 \\ & \textbf{else} \\ & \textbf{return} \ \max(v_i + R\_OPT(p[i]), R\_OPT(i-1)) \end{aligned}
```

Ma è ingestibile dal punto di vista della complessità. Utilizzo quindi un vettore M[0..n], introducendo la programmazione dinamica, dove in M[i] memorizzo il valore della soluzione del problema di taglia i, ovvero $v(S_i)$. Facciamo quindi la ricorsione con l'annotazione:

```
\begin{aligned} & \text{for } j \leftarrow 0 \text{ to } n \text{ do} \\ & M[j] \leftarrow empty \\ & \text{function } AR\_OPT(i) \\ & \text{ if } M[i] == empty \text{ then} \\ & \text{ if } i == 0 \text{ then} \\ & M[i] \leftarrow 0 \\ & \text{ else} \\ & M[i] \leftarrow \max(v_i + AR\_OPT(p[i]), AR\_OPT(i-1)) \\ & \text{ return } M[i] \end{aligned}
```

che resta una tecnica top-down. Ma solitamente si lavora bottom-up nella programmazione dinamica. Quindi non abbiamo di caricare l'array e non abbiamo bisogno di if/else:

```
\begin{aligned} & \textbf{function} \ PD\_OPT(i) \\ & M[0] \leftarrow 0 \\ & \textbf{for} \ j \leftarrow 1 \ \textbf{to} \ i \ \textbf{do} \\ & M[j] \leftarrow \max(v_j + M[P[j]], M[J-1]) \\ & \textbf{return} \ M[i] \end{aligned}
```

ovviamente prima di tutto ho il caricamento di p[i], come è stato descritto sopra.

Ora si ha una complessità pari a $\Theta(n)$ per quest'ultimo algortimo, che calcola

 $v(S_i)$ ma bisogna sommare $\Theta(n \log n)$, in quanto bisogna ordinare le attività sul tempo di fine.

Ora devo capire cos'è S_i , uso il **weighted interval scheduling** per stamparlo (usando l'array M), usando un algoritmo ricorsivo che non ripete cose già usare, un algoritmo ricorsivo in coda che quindi è comodo ed efficiente da lasciare ricorsivo:

```
\begin{aligned} & \textbf{function } WIS\_PRINT(i) \\ & \textbf{if } i \neq 0 \textbf{ then} \\ & \textbf{if } v_i + M[p(i)] \geq M[i-1] \textbf{ then} \\ & print(i) \\ & WIS\_PRINT(p(i)) \\ & \textbf{else} \\ & WIS\_PRINT(i-1) \end{aligned}
```

C'è uno step necessità di un teorema:

Teorema 1. Siano s_0, \ldots, s_{i-1} le varie soluzioni dei sottoproblemi allora:

$$S_i = \begin{cases} \{i\} \cup S_{p(i)} & \text{se } i \in S_i \\ S_{i-1} & \text{se } i \notin S_i \end{cases}$$

Dimostrazione. Assumo che $i \notin S_i$. Se per assurdo $S_{i-1} \neq S_i$ e non fosse soluzione del problema i-esimo allora sicuramente $v(S_i) > v(S_{i-1})$. Siccome $i \notin S_i$ allora $S_i \subseteq \{1, \ldots, i-1\}$ e quindi $comp(S_i) = TRUE$ ma questo comporta un assurdo, infatti so che S_{i-1} è soluzione di i-1 ma lo sarebbe anche S_i ma so che $v(S_i) > v(S_{i-1})$ quindi S_{i-1} non sarebbe soluzione di i-1; quindi abbiamo un assurdo dato da una contraddizione. **resto della dimostrazione settimana prossima**

3.0.1 Programmazione Dinamica

Un problema di decisione prevede unicamente 2 tipi di risultato: vero e falso. Si ha una distinzione dei problemi:

- **problemi intrattabili**, che potrebbero avere una risposta calcolabile in un tempo idnefinito o addirrittura che non possono essere dimostrati
- problemi di ricerca, che si occupano di trovare una soluzione positiva ad una certa istanza (per esempio dei problemi che trattano i percorsi)

• **problemi di ottimo**, dove si cerca una e una sola soluzione che massimizza o minimizza una certa funzione costo

Si parla di **algoritmi euristici** quando si una un algoritmo che ci da una soluzione che magari non è la migliore. A questi si aggiungono **algoritmi di approssimazione** che si occupano di cercare l'ordine di una soluzione rispetto a quella "migliore".

3.0.2 Un Problema di Sequenze

Prendiamo una stringa $X = \langle x_1, \ldots, x_n \rangle$. Una sottosequenza di X è un insieme di indici con $i_1 \ldots i_k$ con $k \leq n$ e indici strettamente crescenti ma non necessariamente consecutivi. Quindi data una sequenza $X = \langle x_1, \ldots, x_n \rangle$ e una sottosequenza $Z = \langle z_1, \ldots, z_n \rangle$ diciamo che:

$$\exists i_1, \dots i_k \to x_{i_1} < x_{i_2} < \dots < x_{i_k}, \ i_i > i_{i-1}$$

Si assuma che gli indici partano da 1.

Quindi, per esempio, per la stringa $X = \langle A, B, C, B, D, A, B \rangle$ si possono avere le sottosequenze $A_1 = \langle B, C, D, B \rangle$ (con indici 2, 3, 5, 7), $A_2 = \langle A, B, A, B \rangle$ (con indici 1, 2, 6, 7 oppure 1, 4, 6, 7) etc. . . .

3.0.3 Longest Common Substring

Si definisce una **sottosequenza comune** Z a due sequenze X e Y se Z è sottosequenza sia di X che di Y (non è necessario che gli indici siano nello stesso ordine).

Cerchiamo ora un algoritmo che trovi la più grande sottostringa comune, appunto **long common substring (LCS)**, con però elementi ordinati in grandezza, quindi *longest increasing subsequence (LIS)*.

Con una soluzione iterativa avremmo $O(2^n)$ quindi pensiamo ad una soluzione con la programmazione dinamica.

Cerchiamo quindi un problema associato, cercando la sottoesequenza di X più lunga che termina in una certa posizione i. In questo studio delle sequenze gli indici aumentano solo se il valore che indicizzano è superiore a quello rpecedente, altrimenti diminuisocno di una unità (a meno che non sia l'indice 1 che resta uguale), quindi, per esempio, la stringa $X = \langle A, B, C, B, D, A, B \rangle$ avrà indici 1, 2, 3, 2, 4, 3, 4.

Definiamo L[i] la lunghezza massim della LIS che termina col carattere in posizione i.

Procedo salvando la lunghezza della sottosequenza iù lunga fino a i.

Si definisce X_i la restrizione della sequenza considerando solo i primi i caratteri. Chiamiamo Z_i la più lunga sottosequenza di X che termina con X_i . Salviamo le varie Z in un array L[1..N] con L[i] che è la lunghezza massima della sottosequenza di X che termina con X_i . Si ha il caso base:

$$L[1] = 1$$

e il caso generale:

$$L[i] = 1 + \max_{1 \le j \le i-1} \{L[j] | X_j < X_i\}, \ 1 < i \le N$$

ricordando che max $\emptyset = 0$. La soluzione sarà quindi:

$$\max_{1 \le i \le N} \{L[i]\}$$

Scriviamo quindi l'algoritmo:

```
\begin{aligned} & \textbf{function} \ LIS(X[1..N]) \\ & L[1..N] \\ & X[0] = -1 \\ & L[1] = 1 \\ & L[0] = 0 \\ & \textbf{for} \ i \leftarrow 2 \ \textbf{to} \ N \ \textbf{do} \\ & R \leftarrow maxAcc(l[], i, i - 1, X[i]) \\ & L[i] = R + 1 \\ & RT \leftarrow \max(L[i], 1, N) \\ & \textbf{return} \ RT \end{aligned}
```

Con la funzione $\max Acc$ che calcola il massimo degli accettabili. Questo algoritmo è $O(n^2)$.

calcolo L[i] che è la sequenza più lunga che termina col carattere i:

$$L[i] = \begin{cases} 0 & i = 0 \\ 1 & i = 1 \\ 1 + \max(L[j] | c[j] < c[i], j = 1 \dots i - 1) & i > 1 \end{cases}$$

Scriviamo il vero algoritmo:

```
function LIS(S[1..n])
L[1] \leftarrow 1
maxTot \leftarrow 1
for i \leftarrow 2 to n do
max \leftarrow 0
for j \leftarrow 1 to i - 1 do
if S[j] < S[i] \text{ AND } L[i] > max \text{ then}
max \leftarrow j
l[i] \leftarrow L[max] + 1
P[i] \leftarrow max
if L[i] > maxTot \text{ then}
maxTot \leftarrow i
=0
return maxTot
```

Con maxTot salva il massimo dell'arrayb delle lunghezza. Che ha tempo di esecuzione pari a $T(n) = 3c + 5cn + 3c\sum_1^n i = O(n^2)$. Questa funzione verrà chiamata in una ciclo for. Per rendere il tutto più efficiente quindi memorizzo, anzichè memorizzare tutti i valori degli array che si vengono a creare contenenti le sequenze buone, l'indice del maxTot precedente, nella lista P, avendo una complessità di salvataggio sulla memoria pari a O(n).

3.0.4 Il Problema delle Scatole

Ho una tripla $B_i = (a_i, b_i, c_i)$ rappresentanti lunghezza, larghezza e altezza di una scatola. B_i è quindi un insieme di scatole che non possono essere ruotate. Voglio sapere a lunghezza più lunga di scatole che possono essere contenute una dentro l'altra. Cerco quindi il massimo valore di k tale per cui, per una sequenza B_1, \ldots, B_i :

$$\exists x \to B_1, \dots, B_i | B_{i1} \subset B_{i2} \subset \dots_{ik}, \ i_1 < \dots < i_k$$

Si introduce un vettore z con n elementi tale che z[i] sia la lunghezza massima di una sottosequenza crescente di elementi B_1, \ldots, B_i . Quindi:

$$z[i] = \begin{cases} 1 + \max\{z[j] | 1 \le j < i, \ a_j < a_i, \ b_j < b_i, \ c_j < c_i\} & i > 1\\ 1 & i = 1 \end{cases}$$

inoltre $\max\{\emptyset\} = 0$. Abbiamo quindi il seguente algoritmo:

```
\begin{aligned} & \textbf{function } \text{MaxBox}(\text{B}[1..n]) \\ & z[1] \leftarrow 1 \\ & \textbf{for } i \leftarrow 2 \textbf{ to } n \textbf{ do} \\ & max \leftarrow 0 \\ & \textbf{for } j \leftarrow 1 \textbf{ to } i-1 \textbf{ do} \\ & \textbf{ if } a_j < a_i \textbf{ AND } b_j < b_i \textbf{ AND } c_j < c_i \textbf{ AND } z[j] < max \textbf{ then } \\ & max \leftarrow z[j] \\ & z[i] \leftarrow max \end{aligned}
```

Si ha complessità apri a $O(n^2)$ mentre lo spazio richiesto è quello per memorizzare il vettore, ovvero $\Theta(n)$.

Può anche essere scritto ricorsivamente ma risulta troppo esoso in termini di spazio.

3.1 Longest Common Subsequence

Ritorniamo al problema di inizio capitolo. Abbiamo due stringhe, $X = \langle x_1, \dots x_n \rangle$ e $Y = \langle y_1 \dots y_n \rangle$ con Z sottosequenza comune a X e Y.

Per ragionare secondo la programmazione dinamica identifichiamo le istanze relative ai sottoproblemi come X_i e Y_j che sono n+1 e m+1 prefissi del problema. Un sottoproblema generico è identificato da una coppia di indici e ad ogni sottoproblema è associata una lunghezza. L alunghezza della massima sottosequenza comune K è la maggiore tra tutte le lunghezze delle sottosequenze comuni W. Si ha quindi che:

$$Z_k = LCS(X_i, Y_i)$$

Inoltre si ha che, sapendo che x_i è l'ultimo simbolo:

$$LCS(x_{i-1}, y_{j-1}) | x_i \text{ se } x_i = y_j$$

altrimenti, se $z_k \neq x$, si ha che:

$$Z_k = LCS(X_i, Y_j) = LCS(X_{i-1}, Y_j) \text{ e } C_{i,j} = C_{i-1,j}$$

mentre, se $x_x \neq y_j$ si ha che:

$$Z_k = LCS(X_i, Y_j) = LCS(X_i, Y_{j-1}) \text{ e } C_{i,j} = C_{i,j-1}$$

Quindi cerco un algoritmo del tipo:

$$LCS(x,y) \rightarrow LCS(x - \{A\}, y - \{A\})$$

Costruisco quindi una matrice C che indica come sono allineate le sequenze con un algoritmo che controlla i primi i caratteri di X e i primi j di Y.

La prima riga e la prima colonna sono fissi 0, e il controllo inizia dalla prima riga di 0. Non appena l'algoritmo trova un match, copia nella casella della matrice corrispondente il valore contenuto nella casella precedente sulla diagonale a sinistra, incrementandolo di 1, mentre se i caratteri confrontati sono diversi viene copiato nella casella il massimo tra il valore a sinistra e il calore sopra. L'ultima casella in basso a destra (quella di posizione (n, m)) rappresenta la lunghezza massima.

Quindi C[i,j] contiene la lunghezza della stringa più lunga tra gli i caratteri di X e i j di Y.

Si ha quindi un caso base sfruttando la prima riga e la prima colonna formate da soli zeri:

$$C[i,j] = 0$$
 se $i = j = 0$

e un caos generico:

$$C[i,j] = \begin{cases} C[i-1,j-1] + 1 & \text{se } x_i = y_i \\ \max\{C[i-1,j], C[i,j-1]\} & \text{se } x_i \neq y_i \end{cases}$$

per esempio per X=<A,B,C,B,D,A,B> e Y=<B,D,C,A,B,A> avremmo:

X / Y	0	В	D	С	A	В	A
0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	0	0	0	1	1	1
В	0	1	1	1	1	2	2
С	0	1	1	2	2	2	2
В	0	1	1	2	2	3	3
D	0	1	2	2	2	3	3
A	0	1	2	2	3	3	4
В	0	1	2	2	3	4	4

ottengo quindi:

function LCS(X, Y)for $i \leftarrow 0$ to n do

```
C[i,0] \leftarrow 0 for j \leftarrow 0 to m do C[0,j] \leftarrow 0 for 1 \leftarrow 1 to n do for j \leftarrow 1 to m do if X[i] == Y[j] then C[i,j] \leftarrow C[i-1,j-1] + 1 else C[i,j] \leftarrow \max(C[i-1,j],C[i,j-1]) return C[n,m]
```

Ho quindi un tempo $\Theta(nm) \sim \Theta(n^2)$ e uno spazio richiesto pari a $\theta(nm)$ che è quello della matrice.

La sottosequenza poi la prendo usando gli indici $i \in j$

Per risparmiare spazio posso riempire la matrice cancellando le righe inutili, quindi al peggio uso due righe, quella he sto costruendo e quella precedente, raggiungendo $\Theta(2n)$ come uso di spazio ma rendendo più difficile la risalita per ritrovare quale è effettivamente la sequenza, in quanto dovrei risalire la matrice costruendola nuovamente.

L'algoritmo di riscostruzione della stringa è il seguente, prendendo in ingresso le due stringhe e la matrice appena caricata:

```
\begin{aligned} & \textbf{function} \ buildLCS(X,Y,C) \\ & result \leftarrow null \\ & i \leftarrow length(X) \\ & j \leftarrow length(Y) \\ & \textbf{while} \ i > 0 \ \textbf{AND} \ j > 0 \ \textbf{do} \\ & \textbf{if} \ X[i] == Y[j] \ \textbf{then} \\ & result \leftarrow X[i] + result \\ & i \leftarrow i - 1 \\ & j \leftarrow j - 1 \\ & \textbf{else} \\ & \textbf{if} \ C[i - 1, j] > C[i, j - 1] \ \textbf{then} \\ & i \leftarrow i - 1 \\ & \textbf{else} \\ & j \leftarrow j - 1 \end{aligned}
```

Capitolo 3. Programmazione Dinamica 3.1. Longest Common Subsequence

Quindi parto dall'ultima casella in basso a destra, se corrisponde a due caratteri uguali salvo il carattere e mi sposto indietro sulla diagonale. Altrimenti vedo se il valore sopra è maggiore di quello a sinistra e in quel caso mi sposto su quello, altrimenti mi sposto su quello a sinistra e ricomincio da 0 finchè non arrivo a fine matrice.

Trovo così una sottostringa in quanto se la casella a sinistra è uguale a quella sopra devo prendere entrambe le direzioni, geneando così K LCS tutte corrette.

3.1.1 Growing LCS, GLCS

Cerco una LCS in cui gli elementi sono oridnati in ordine crescente. Suppngo di avere X = [1, 4, 12, 3, 16, 8] e Y = [12, 1, 3, 17, 8]. La Z sarebbe quindi Z = [1, 3, 8].

Una soluzione banale è trovare tutte le sottosequenze, calcolando la lunghezza solo di quelle crescenti, ma avrebbe tempo esponenziale.

Sfruttando la programmazione dinamica controllo ogni volta che la sottosequenza comune precedente sia comparibile (che quindi sia crescente) aggiungendo anche un ulteriore carattere. Sfrutto la stessa logica della LCS con la matrice C[n, m] con n lunghezza di X e m lunghezza di Y. Identifichiamo con C[i, j] il numero di caratteri che compongono la più lunga sottosequenza comune crescente che termina con $x_i = y_i$.

Si ottiene la seguente equazione di ricorrenza:

$$\begin{cases} G[i,j] = 0 & \text{se } x_i \neq y_i \\ G[i,j] = \max\{C[a,b] | 1 \le a \le i, 1 \le b \le m, x_a < x_i, y_b < y_j\} + 1 & \text{se } x_i = y_j \end{cases}$$

Come per LCS le caselle corrispondenti a caratteri che non matchano vengono settate a 0. Quando invece si ha un match tra i due caratteri si inserisce il valore della più lunga sottosequenza comune precedente, che viene ricercata tra tutti i valori precedenti, aggiungendo 1. Alla fine della compilazione della tabella si cerca il massimo tra tutte le caselle. Nel complesso si hanno 4 cicli per la costruzione più altri 2 cicli per la ricerca del massimo. Nel complesso si ottiene $\Theta(n^2m^2) \sum \Theta(n^4)$ con unon spazio pari $\Theta(nm)$.

Prendendo X = <1, 4, 12, 3, 7, 16, 8, 1 > e y = <12, 1, 3, 17, 8, 1 > oettengo:

X/Y	1	4	12	3	7	16	8	1
12	0	0	1	0	0	0	0	0
1	1	0	0	0	0	0	0	1
3	0	0	0	2	0	0	0	0
17	0	0	0	0	0	0	0	0
8	0	0	0	0	0	0	3	0
1	1	0	0	0	0	0	0	1

Quindi il massimo è 3

Capitolo 3. Programmazione Dinamica 3.1. Longest Common Subsequence

vediamo qundi l'algoritmo:

```
function GLCS(X,Y)
    for i \leftarrow 1 to n do
        for j \leftarrow 1 to m do
            if X[i] \neq Y[j] then
                 G[i,j] \leftarrow 0
             else
                 max \leftarrow 0
                 for a \leftarrow 1 to i - 1 do
                     for b \leftarrow 1 to j - 1 do
                          if G[a,b] > max AND x[a] < x[i] then
                              max \leftarrow G[a, b]
                 g[i,j] \leftarrow max + 1
    maxtot \leftarrow 0
    for i \leftarrow 1 to n do
        for j \leftarrow 1 to m do
             if G[i, j] > maxtot then
                 maxtot \leftarrow G[i,j]
    return maxtot
```

3.1.2 Heaviest Common Subsequence (HCS)

Vediamo un'altra variante della LCS, dove ogni elemento delle stringhe X e Y viene associato ad un peso e si cerca la sequenza comune più pesante (che non è necessariamente la più lunga). Analizziamo le stringhe X=<A,B,C,B,A,D,E> e Y=<D,A,B,B,A,E> dove si hanno i seguenti pesi:

$$pesi = \begin{cases} W(A) = 1 \\ W(B) = 1 \\ W(C) = 2 \\ W(D) = 30 \\ W(E) = 20 \end{cases}$$

L'algoritmo è simile a quello di LCS ma ad ogni aggiornamento della sequenza comune va aggiunto il peso del nuovo elemento.

Definiamo P[i, j] il peso massimo della sottosequenza comune a X e Y ristretta ai primi i caratteri di X e ai primi j di Y. Si ottiene quindi:

$$P[i,j] = \begin{cases} P[i-1,j-1] + w(X[i]) & \text{se } x_i = y_i \\ \max\{P[i-1,j], P[i,j-1]\} & \text{se } x_i = y_i \end{cases}$$

inoltre P[i,j] = 0 se entrambi gli indici sono nulli. Come per LCS la soluzione si troverà nell'ultima posizione a destra della matrice, ovvero in P[n,m]. Per le stringhe si otterrebbe una matrice così:

X / Y	0	A	В	С	В	A	D	Е
0	0	0	0	0	0	0	0	0
D	0	0	0	0	0	0	30	30
A	0	1	1	1	1	1	30	30
В	0	1	2	2	2	2	30	30
В	0	1	1	2	5	3	30	30
A	0	1	2	2	3	4	30	30
E	0	1	2	2	3	4	30	50

Per ricostruire la sequenza, partiamo dall'ultima casella in basso a destra e controllo se ho migliorato in diagonale (in tal caso quello è un elemento della sottosequenza comune). Altrimenti vado a vedere dove ho preso il massimo in verticale o orizzontale, naturalmente non considerando tali caratteri come appartenenti alla sottosequenza.

Vediamo l'algoritmo:

```
\begin{aligned} & \textbf{function } HCS(X,Y) \\ & \textbf{for } i \leftarrow 0 \textbf{ to } n \textbf{ do} \\ & C[i,0] \leftarrow 0 \\ & \textbf{for } j \leftarrow 0 \textbf{ to } m \textbf{ do} \\ & C[0,j] \leftarrow 0 \\ & \textbf{for } i \leftarrow 1 \textbf{ to } n \textbf{ do} \\ & \textbf{ for } j \leftarrow 1 \textbf{ to } m \textbf{ do} \\ & \textbf{ if } X[i] == Y[j] \textbf{ then} \\ & C[i,j] \leftarrow C[i-1,j-1] + w(X[i]) \\ & \textbf{ else} \\ & C[i,j] \leftarrow C[i-1,j] \\ & \textbf{ if } C[i,j-1] > C[i-1,j] \textbf{ then} \\ & C[i,j] \leftarrow C[i,j-1] \end{aligned}
```

L'algortimo richiede $\Theta(nm)$ sia come tempo che come spazio

3.1.3 ALCS

Parliamo di Alternanting LCS. Ipotizziamo sequenze numeriche. Cerchiamo la più lunga sottosequenze comune che rispetti una certa alternanza. Per esempio analizziamo il pari e dispari. Parto da LCS e vedo come modificarlo. Creo una matrice M[i,j] che contiene le lunghezze delle LCS alternante considerando i primi i caratteri della prima sequenza X e i primi j di Y. Si ha quindi innazitutto che:

$$M[i,j] = \begin{cases} \max\{M[i-1,j], M[i,j-1]\} & \text{se } X_i \neq Y_j \\ 1 + M[i-1,j-1] & \text{se } X_i = Y_j \end{cases}$$

ma non si ha rappresentazione dell'alternanza pari/dispari, diventa quindi cge M[i,j] conterrà la LCS alternante che termina con X_i e Y_j . Diventa quindi:

$$M[i,j] = \begin{cases} 0 & \text{se } X_i \neq Y_j \\ 1 + \max\{M[a,b] | 1 \leq a \leq i, \ 1 \leq b \leq j, \ and \ (x_a \mod 2 \neq x_b \mod 2)\} \end{cases}$$
 se $X_i = Y_j$

La soluzione quindi è il valore più grande contenuto nella matrice:

$$L = \max\{M[i, j] | 1 \le i \le n, \ 1 \le j \le m\}$$

aggiungere algoritmo

Per riempire ho tempo $\Theta(n^4)$ e spazio $\Theta(n^2)$

3.2 Problemi di Ottimo

3.2.1 Problema Knapsack (dello zaino)

Sia data una serie di oggetti appartentenenti all'insieme $X_n = \{1, \ldots, n\}$. $\forall i \in X_n$ si hanno due variabili: v_i corrispondente al valore di un oggetto e w_i corrispondente al peso di quell'oggetto. Il problema da risolvere consiste nel riempire uno zaino di capacità L con la combinazione ottimale di oggetti che massimizzi il valore. Voglio quindi una soluzione $S_n \subseteq X_n$. Avendo in ballo peso e valore useremo una matrice M[n, L], dove M[i, j] rappresenterà il massimo valore ottenibile scegliendo tra i primi i oggetti per avere peso S. Formalmente si avrà:

$$\begin{cases} M[0,j] = 0 \\ M[i,0] = 0 \\ M[i,j] = \max\{M[i-1,j], M[i-1,j-w_i] + v_i\} \end{cases}$$

E la soluzione sarà il valore contenuto nell'ultima casella M[n, L]. Vediamo un esempio di matrice, con $X = \{1, 2, 3, 4, 5\}, V = \{1, 6, 18, 22, 28\}, W = \{1, 2, 5, 6, 7\}$ e L = 11:

X/L	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0	1	6	7	0	0	0	0	0	0	0	0
3	0	1	6	7	0	18	19	24	25	0	0	0
4	0	1	6	7	0	18	22	24	29	29	0	0
1 2 3 4 5	0	1	6	7	0	18	22	28	29	34	35	40

Dove la soluzione è appunto 40.

capire come risalire a oggetti

Questo algoritmo lavora in tempo $\Theta(nL)$ e in spazio $\Theta(nL) \sim \Theta(L)$). Questo algoritmo funziona su L comparabile al numero dei pesi nonostante sia NP-complete, con tempo esponenziale e di difficile risoluzione negli altri casi. Vediamo ora l'algoritmo $(n \ \hat{e} \ il \ numero \ di \ oggetti)$

function Knapsack(X, v, w, L)

```
\begin{aligned} &\text{for } j \leftarrow 1 \text{ to } L \text{ do} \\ &M[0,j] \leftarrow 0 \\ &\text{for } i \leftarrow 1 \text{ to } n \text{ do} \\ &M[i,0] \leftarrow 0 \\ &\text{for } i \leftarrow 2 \text{ to } n \text{ do} \\ &\text{for } j \leftarrow 2 \text{ to } L \text{ do} \\ &\text{ if } w_i > j \text{ then} \\ &M[i,j] \leftarrow M[i-1,j] \\ &\text{ else} \\ &M[i,j] \leftarrow \max\{M[i-1,j], M[i-1,j-w_i] + v_i\} \end{aligned} return M[n,L]
```

3.2.2 Subset Sum

Sia dato un insieme di oggetti $X_n = \{1, ..., n\}$, ognuno con un certo valore v_i . Si ricerca un sottoinsieme che come somma dei valori un certo valore k. Siamo di fronte ad un altro problema pseudo-polinomiale (è polinomiale se $k \sim n$).

Come appoggio usiamo una matrice M[n+1,k] di booleani tale che:

$$M[i,j] = \begin{cases} T & \text{se esiste un sottoinsieme dei primi i elementi di valore totale j} \\ F & \text{altrimenti} \end{cases}$$

quindi, dopo aver posto 0 ovunque si ha i = 0 (la prima colonna), si ha:

$$M[i,j] = \begin{cases} T & \text{se } v_i = j \\ M[i-1,j] \ OR \ M[i-1,j-v_i] & \text{se } j-v_i > 0 \end{cases}$$

Cerchiamo ora la soluzione. Se M[n,k]=0 allora non esiste nessun sottoinsieme di valore k. Invece se M[n,k]=1 bisogna risalire la matrice per trovare gli elementi appartenetenti alla soluzione.

Quindi si avrà:

```
posR \leftarrow n

posC \leftarrow k

while posC > 0 do

if M[posR - 1][posC] == T then
```

```
print(posR)
posC \leftarrow posC - v[posR]
posr \leftarrow posR - 1
```

3.2.3 Knapsack frazionario

Vediamo ora un esempio di **programmazione greedy**, ricordando che questa tecnica:

riguarda problemi che hanno l'obiettivo di arrivare al risultato ottimo utilizzando sottostrutture ottime locali.

Vediamo ora knapsack frazionario che, a differenza dell'algoritmo orginale, prevede che un oggetto possa essere preso anche parzialmente. Si indica con w_i il peso degli oggetti e con v_i il loro valore. Chiamiamo L la capacità dello zaino e con p_i il profitto di un oggetto:

$$p_i = \frac{v_i}{w_i}$$

Cerco quindi di massimizzare il profitto.

Procedo quindi ordinando, usando quindi la tecncia greedy, gli oggetti in ordine decrescente rispetto al profitto e inserendo gli oggetti sfruttando questo ordine fin tanto che il peso dell'oggetto che sto inserendo non è maggiore alla capacità residua. A questo punto frazioniamo l'oggetto (che prende il nome di **oggetto critico**). Si ha quindi il caso migliore nel caso non si debba mai frazionare e si ha tempo $O(n \log n)$ (usando, per esempio, mergesort) per l'ordinamento e O(n) per la scelta. Si ha quindi (con P vettore dei profitti, W vettore dei pesi, V vettore dei valori, n numero degli oggetti e L peso massimo trasportabile):

```
\begin{aligned} & \textbf{function} \ Knap\_frazionario(V, W, n, L) \\ & s \leftarrow 0 \\ & peso \leftarrow 0 \\ & \textbf{for} \ i \leftarrow 1 \ \textbf{to} \ n \ \textbf{do} \\ & R[i] \leftarrow \frac{V[i]}{W[i]} \\ & mergesort(R) \end{aligned}
```

```
i \leftarrow 1
while peso < L AND i \le n do

if W[i] + peso \le L then
s \leftarrow s + 1
else
s \leftarrow s + \frac{(L-p)}{W[i]}
peso \leftarrow peso + W[i]
i \leftarrow i + 1
return s
```

Si ha quindi $O(n \log n)$ e dipende solo dal numero di oggetti, si ha quindi un algortimo polinomiale.

3.2.4 Approfondimento Greedy

Come abbiamo visto con knapsack frazionario facciamo una scelta *greedy* nel momento in cui prendo la spluzione che mi sembra migliore in un dato momento, infatti queste scelte sono dette *localmente ottime*.

I problemi di ottimo in cui si riesce ad arrivare ad una soluzione di ottimo mediante una sequenza di soluzioni localmente ottima ammettono smepre una soluzione greedy.

Un algoritmo greedy segue un certo schema. Parto inizializzando un insieme di soluzioni a vuoto, eventualmente calcolo il parametro di selezione, ordino gli elementi in base a quel parametro e infine per ogni elemento vedo se appartiene alle soluzioni. In questo modo si impiega $O(n \log n)$ per ordinare e O(n) per scegliere.

3.2.5 Problema dell'Autostrada

Si ipotizzi di essere all'inizio di un'autostrada (al kilometro 0) di lunghezza N. Si ipotizzi di avere R kilometri di autonomia e che ci siano n pompe di benzina. Si cerca di minimizzare il numero di soste.

Usiamo la tecnica greedy e ordiniamo il vettore delle soste, sapendo che ci fermeremo sse la stazione successiva è fuori portata. Vediamo quindi l'algortimo, sapendo che K è il vettore delle soste, S vettore delle soluzioni (si usa notazione insiemistica nello psuedo codice) e R è l'autonomia in kilometri:

```
\begin{aligned} & \text{function } Sosta(K,R) \\ & S \leftarrow \emptyset \\ & pos \leftarrow 0 \\ & mergesort(K) \\ & \text{for } i \leftarrow 1 \text{ to } n-1 \text{ do} \\ & \text{ if } K[i] \geq pos + R \text{ AND } K[i+1] > pos + R \text{ then} \\ & S \leftarrow S \cup K[i] \\ & pos \leftarrow K[i] \\ & \text{ if } K[i] \geq pos + R \text{ AND } N > pos + R \text{ then} \\ & S \leftarrow S \cup K[N] \\ & pos \leftarrow K[N] \\ & pos \leftarrow K[N] \end{aligned}
```

Ma non stiamo analizzando il caso in cui due stazioni distino più di R, ma questo a livello teoirco lo possiamo ovviare dando per scontato ipotizzando che l'input sia corretto (ovvero che K non permetta questa situazione). Come Dimostrato sopra si ha $O(n \log n)$

3.2.6 TSP

Vediamo il problema del traveling saleman problem (TSP). Si ha che un viaggiatore deve visitare una e una sola volta tutte le N città in cui deve vendere i prodotti. Vuole minimizzare il costo per fare il giro completo delle città e tornare al punto di partenza. Si ha che ogni città è collegata ad ogni altra con un certo peso (che rappresenta il costo che si deve pagare per spostarsi tra le due città).

Una possibile soluzione greedy consiste nel scegliere sempre il cammino meno "pesante", ma questo rischia di far perdere alcune combinazioni di cammini che insieme "costerebbero" meno, perdendo quindi la soluzione migliore. Possiamo concludere che non si può risolvere con la programmazione greedy in maniera ottimizzata.

3.2.7 Matroidi

Con il problema del TSP abbiamo visto che non sempre si può arrivare ad una soluzione con la programmazione greedy. Cerchiamo quindi uno strumento teorico per stabilire a priori se si può arrivare ad una soluzione con la programmazione greedy. Questo strumento è detto **matroide**.

Definizione 1. Si definisce un **sistema di indipendenza** < E, F >. Si ha che F è l'insieme di tutti i possibili sottoinsiemi construibili a partire dagli elementi di E, che è un insieme finito. F è quindi **l'insieme delle parti** di E. La coppia < E, F > è sistema di indipendenza sse:

$$\forall A \in F, \exists B \subset A \Rightarrow B \in F$$

sarebbe l'ideale d'ordine rispetto alla relazione di inclusione. F contiene quindi tutte le soluzioni di un problema, tra cui le soluzioni di ottimo. Un sistema di indipoendenza $\langle E, F \rangle$ è un matroide se:

$$\forall A, B \in F \ con \ |A| + 1 = |B| \Longrightarrow \exists b \in B - A \to |A| \cup \{b\} \in F$$

Definiamo una funzione di costo per esplicare il problema di ottimo:

$$w: E \to \mathbb{R}^+$$

$$w: F \to \mathbb{R}^+, \ w(F) = \sum_{e_i \in F} w(e_i)$$

Il problema di ottimizzzione sarà quindi composto da **istanza**, il sistema di indipendenza $\langle E, F \rangle$ e la funzione di peso w, e **soluzione**. Si hanno due condizioni per le soluzioni:

- 1. ammissibilità, ovvero che la soluzione deve essere accettabile secondo i criteri del problema
- 2. massimo, ovvero cerco la soluzione migliore

Un sistema di indipendenza ha una soluzione ottima greedy se e solo se esso è un matroide.

Teorema di Rado

Teorema 2. $< E, F > \grave{e}$ matroide sse $\forall w : E \to \mathbb{R}^+$ l'algortimo greedy restituisce l'ottimo per oqni w

Dire che un problema non è un matroide, vuol dire che non tutte le funzioni peso sono associabili a un algoritmo greedy. Non significa che per nessun obiettivo non esiste mai un algoritmo greedy che produce la soluzione ottima

Capitolo 4

Grafi

Ci occupiamo ora della risoluzione di quei problemi che possono essere ricondotti ad un grafo per essere risolti.

Definizione 2. Un grafo è un insieme G = (V, E), con V insieme dei vertici e E insieme degli archi. Per per gli archi si ha anche una funzione rappresentante il peso:

$$w: E \to R$$

Dato un certo $e \in E$ e un certo $i \in V$ un **cappio** viene rappresentato con e(i,i)

Si hanno due modi principali di rappresentare un grafo:

1. una collezione di **liste di adiacenza**, da usare quando la cardinalità di E è molto inferiore a quella di V elevata al quadrato:

$$|E| \ll |V|^2$$

Questa rappresentazione consiste in un vettore Adj composto da un numero V di liste (una lista per ogni vertice). $\forall u \in V$ la lista di adiacenza Adj[u] contiene "puntatori" a tutti i vertici $v \in V$ tali che $\exists c(u,v) \in E$, quindi tutti i vertici adiacenti ad $u \in G$. Generalmente i vertici vengono memorizzati in modo arbitrario. Se G è un grafo orientato la somma delle lunghezze di tutte le liste di adiacenza è E, se non è orientato è 2|E| (in quanto un arco appare nelle liste di adiacenza di due vertici).

In ogni caso si ha un uso dello spazio approssimabile a:

$$O(\max\{|V|, |E|\}) = O(|E| + |V|)$$

o, se orientato:

$$O(\max\{|E|, |V|\}) = O(2|E| + |V|)$$

Nel caso di un grafo pesato si salvano insieme vertici e pesi.

Si ha la limitazione che per cercare un arco e(u, v) bisogna cercare v in Obj[u], che è un processo abbastanza lento Le liste di adiacenza permettono di conoscere quali nodi sono collegati al nodo di partenza, ma non necessariamente se ci siano cammini tra più di due di essi.

Per i tempi di accesso si ha un tempo peggiore pari a:

un tempo medio di $\Theta(\frac{|V|}{2})$ e uno miglior di $\Omega(1)$

2. una **matrice di adiacenza**. In questo caso si assume che i vertici siano numerati in modo arbitrario. Si ha quindi una matrice A, di dimensione $|V| \times |V|$ e indici i e j, tale che:

$$a_{i,j} = \begin{cases} 1 & \text{se } e(i,j) \in E \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

In un grafo non orientato si ha una simmetria della matrice (in quanto un arco appare nelle liste di adiacenza di due vertici) quindi può essere comodo, in determinati casi, memorizzare i dati solo nella diagonale superiore, quasi dimezzando i tempi di memorizzazione. Con un grafo pesato rappresento il peso di un arco e(u,v) nella casella di indice u,v. Se un arco non esiste si memorizza il valore nullo NIL, oppure valori comodi come 0,-1 o ∞ . Se un grafo non è pesato si può addirittura usare un singolo bit per ogni elemento della matrice.

Si ha tempo costante per accedere alla matrice O(1) ma si ha $O(|V|^2)$ per quanto riguarda lo spazio necessario.

Questa tecnica è molto comoda in presenza di grafi densi

4.1 Visita di un Grafo

Si hanno due principali tecniche di visita:

1. visita in ampiezza BFS (breadth-first search)

2. visita in profondità DFS

BFS analizza una sola componente del grafo che è connessa alla sorgente, dando informazioni sulle distanze da tutti i vertici (per trovare quella minima), mentre la DFS analizza tutte le componenti dando informazioni su quali vertici sono collegati e quali no.

4.1.1 Visita in Ampiezza BFS

È uno dei modi più semplici di vistare un grafo ma nonostante ciò è alla base di algoritmi importanti come l'algoritmo di Dijkstra per i cammini minimi con sorgente singola e l'algoritmo di Prim per gli alberi minimi. Dato un grafo G(E, V) con uno specifico vertice s detto sorgente la visita in ampiezza esplora tutti gli archi di G per scoprire che vertici sono raggiungibili da s e ne calcola la distanza (numero di archi necessari per raggiungerlo). Si produce un BFS tree che ha s come radice e tutti i vertici raggiungibili da s come nodi. $\forall v$ raggiunbile da s il cammino dell'albero è il cammino minimo.

Per questo algoritmo non si distinguono grafi orientati o meno.

L'algortimo scopre tutti i vertici distangti k prima di quelli distanti k+1 Per tenere traccia del lavoro all'inizio si "colora" di **bianco** tutti i vertici, che poi possono diventare **grigi** o **neri**. La prima volta che un vertice viene visitato smette di essere bianco. Inoltre vengono distinti i vertici già visitati tra grigi e neri. Se $e(u, v) \in E$ e u è nero allora b è grigio o nero. Ovvero tutti i vertici adiacenti a quelli neri sono già stati scoperti, invece un vertice grigio può avere vertici non ancora scoperti, quindi bianchi, come vertici adiacenti. Quando un vertice bianco v viene scoperto durante la scansione della lista di adiacenza di un vertice u già scoperto vengono aggiunti all'albero sia v che e(u, v). In questo caso u è **padre o predecessore** di v nel BFS tree. Dato un vertice viene scoperto una sola volta si ha che nell'albero ogni vertice ha un solo vertice.

Vediamo l'algortimo:

```
1: function BFS(G,s)
          for \forall u \in V \setminus \{s\} do
 2:
                color[u] \leftarrow white
 3:
 4:
                d[u] \leftarrow \infty
               p[u] \leftarrow NIL
 5:
          color[s] \leftarrow gray
 6:
          d[s] \leftarrow 0
 7:
          p[s] \leftarrow NIL
 8:
          Q \leftarrow \emptyset
 9:
10:
          enqueue(Q, s)
          while Q \neq \emptyset do
11:
12:
                u \leftarrow dequeue(Q)
                for \forall v \in Adj[u] do
13:
                     if col[v] == white then
14:
15:
                          p[v] \leftarrow u
                          d[v] \leftarrow d[u] + 1
16:
17:
                          color[v] \leftarrow gray
                          enqueue(Q, v)
18:
                dequeue(u)
19:
                color[u] \leftarrow black
20:
```

Questo metodo assume che il grafo in input sia rappresentato con liste di adiacenza che mantiene diverse strutture dati addizionali associate ad ogni vertice. Con color si memorizza il colore, con p il predecessore (che può non esserci venendo settato a NIL) e con d si salva la distanza dal sorgente s. Si usa anche unda queue Q per gestire l'insieme dei vertici grigi. Analizziamo meglio l'algortimo:

- le righe dalla 2 alla 5 colorano tutti i vertici di bianco, settando la distanza ad un valore simbolico, per esmepio ∞ e il predecessore a NIL
- la riga 6 colora di grigio il sorgente s, che viene infatti "scoperto" subito. Di conseguenza alla riga 7 si setta a 0 il la distanza di s (dista da se stesso 0 ovviamente) e alla riga 8 si setta il predecessore a NIL (in quanto il sorgente non ha predecessori)
- la riga 9 inizializza la queue Q e alla riga 10 si inserisce s in qaunto vertice grigio

- tra le righe 11 e 19 si ha il ciclo principale dell'algoritmo. Il ciclo termina quando non si hanno più vertici grigi (vertici già scoperti le cui liste di adiacenza non sono completamente esaminate), quindi $Q \neq \emptyset$. La riga 11 determina il vertice grigio che si trova in testa alla queue Q. Il ciclo for, tra le righe 13 e 18, esamina ogni vertice v della lista di adiacenza del vertice grigio preso in considerazione. Se v è bianco esso viene "scoperto" tra le linee 15 e 17, colorandolo, e settando la distanza come quella del vertice grigio, che lo ha in lista e quindi è anche il predecessore, +1. Viene infine posto in fondo alla queue.
- infine alla riga 19 si toglie il vertice grigio dalla coda, lo si "colora" di nero nella riga 20 e si riprende a ciclare

Analizziamo il codice ipotizzando un grafo in input G = (V, E) Dal codice si capisce che ogni vertice viene inserito (e quindi anche eliminato) al massimo una volta nella coda. Le operazioni di inseriemnto e di eliminazione da una coda hanno costo O(1), quindi il tempo per le operazioni sulla coda è O(V). Sapendo che la somma delle lunghezze di tutte le liste di adiancenza è E il tempo masismo per la scansione totale delle liste è O(E). Quindi il tempo totale per la procedura BFS è un tempo lineare:

$$O(E+V)$$

Definizione 3. Si definisce distanza sul cammino minimo $\delta(s,v)$ dal vertice sorgente s al vertice v come il numero minimo di archi di un cammino tra i due vertici. L'assenza di un cammino comporta $\delta(s,v)=\infty$

Lemma 1. Sia G = (V, E) un grafo $e \ s \in V$ un vertice arbitrario. Si ha che:

$$\forall e(u,v) \in E \Longrightarrow \delta(s,v) \leq \delta(s,u) + 1$$

Se ipotizziamo poi che si esequa BFS dal vertice sorgente s si ha che:

$$\forall v \in V \Longrightarrow d[v] \geq \delta(s,v)$$

e quindi d[v] è limite superiore di $\delta(s, v)$.

Si supponga inoltre che v_1 sia la testa di Q e v_t il fondo. Si ha che:

$$d[v_t] < d[v_1] + 1$$

e:

$$d[v_i] \le d[v_{i+1}], \ \forall i = 1, \dots, t-1$$

Dimostrato tutto ciò si ha il **teorema delle correttezza della vista in** ampiezza:

Teorema 3. Dato un grafo G = (V, E) si supponga di esegurire BFS a partire dalla sorgente s. Durante la sua esecuzione si ha che ogni $v \in V$ raggiungibile da s viene scoperto e al termine si ha:

$$d[v] = \delta(s, v), \ \forall v \in V$$

Inoltre, $\forall v \neq s$ raggiungibile da s si ha che **uno dei cammini minimi da** s **a** v è il cammino minimo da s a p[v] seguito dall'arco e(p[v], v)

Proviamo a vedere una variante di BFS, dove si visitano solo i vertici distanti k da s:

```
1: function BFS(G, s, k)
 2:
          for \forall u \in V \setminus \{s\} do
               color[u] \leftarrow white
 3:
               d[u] \leftarrow \infty
 4:
               p[u] \leftarrow NIL
 5:
          color[s] \leftarrow gray
 6:
          d[s] \leftarrow 0
 7:
          p[s] \leftarrow NIL
 8:
          Q \leftarrow \emptyset
 9:
          enqueue(Q, s)
10:
11:
          while Q \neq \emptyset do
               u \leftarrow dequeue(Q)
12:
               for \forall v \in Adj[u] do
13:
                    if col[v] == white then
14:
                         p[v] \leftarrow u
15:
                         d[v] \leftarrow d[u] + 1
16:
                         if d[v] < k then
17:
                              color[v] \leftarrow gray
18:
                              enqueue(Q, v)
19:
                         else
20:
                              color[v] \leftarrow black
21:
               dequeue(u)
22:
               color[u] \leftarrow black
23:
```

Vediamo ora un algoritmo che stabilisce se un grafo sia connesso (per ogni coppia di vertici esiste un cammino, relazione di raggiungibilità simmetrica)

```
\begin{aligned} & \textbf{function } is-connected(G) \\ & s \leftarrow random(V) \\ & BFS(G,S) \\ & \textbf{for } v \in V \textbf{ do} \\ & \textbf{ if } \textbf{ then} color[v] == white \\ & \textbf{ return } false \\ & \textbf{ else} \\ & \textbf{ return } true \end{aligned}
```

4.1.2 Visita in Profondità DFS

Vediamo ora la visita in profonditò, DFS (depth-first search). Con questa strategia si esplora il grafo andando ad ogni istante il più possibile in "profondità". Con questa tecnica gli archi vengono esplorati a partire dall'ultimo vertice scoperto v che abbia ancor archi uscenti non esplorati. Una volta che gli archi di v sono stati esplorati si esplora a ritroso il vertice che aveva v come uscente. Si itera fino a finire i vertici raggiungibili dalla sorgente e, una volta concluso, si impone, eventualmente, un nuovo vertice non raggiungibile dalla sorgente come nuovo sorgente, continuando così a iterare fino a scoprire tutti i vertici.

Anche con questo tipo di visita quando un vertice v viene scoperto durante la scansione di una lista di adiacenza di un vertice u già scoperto la DFS setta p[v] = u, formando così un insieme di diversi alberi, uno per sorgente, che formano il **grafo dei predecessori** $G_p = (V, E_p)$, con gli **archi dell'albero**:

$$E_p = \{ (p[v], v) : v \in V, p[v] \neq NIL \}$$

Questo insieme di alberi BFS è detto foresta BFS.

Come la BFS si procede colorando i vertici. Ogni vertice inizialmente è bianco, quando viene scoperto diventa grigio e nero quando la sua lista di adiacenza viene completamente esaminata, garantendo che ogni vertice finisca in un solo albero BFS, che sono quindi disgiunti tra loro. Durante la visita si marcano i vertici con alcune informazioni temporanee, un'etichetta d[u] che registra quando u viene scoperto (diventando grigio) e un'etichetta f[u] che registra quando si finisce di esaminare la lista di adiacenza di u (diventando nero). Entrambe queste etichette non sono altro che variabili intere comprese tra 1 e 2|V|, in quanto ogni vertice può essere scoperto una e una sola volta e può terminare la sua visita una e una sola volta. Si ha che:

$$d[u] < f[u], \ \forall u \in V$$

Infatti sicuramente un vertice all'inizio è bianco, al tempo d[u] diventa grigio e solo dopo, al tempo f[u], diventa nero.

Vediamo lo pseudocodice, ricordando che con c[u] si indica il colore del vertice:

```
1: function DFS(G)
         for \forall u \in V[G] do
 2:
              c[u] \leftarrow white
 3:
              p[u] \leftarrow NIL
 4:
         time \leftarrow 0
 5:
         for \forall u \in V[G] do
 6:
 7:
              if c[u] == white then
                  DFS\_Visit(u)
 8:
 9:
10: function DFS\_visit(u)
         c[u] \leftarrow gray
11:
12:
         time \leftarrow time + 1
13:
         d[u] \leftarrow time
         for \forall v \in Adj[u] do
14:
              if c[v] == white then
15:
                  p[v] \leftarrow u
16:
                  DFS\_Visit(v)
17:
18:
         c[u] \leftarrow black
         time \leftarrow time + 1
19:
         f[u] \leftarrow time
20:
```

Analizziamo l'algoritmo:

- le righe dalla 2 alla 4 colorano i vertici di **bianco** e inizializzano i predecessori da *NIL*
- la riga 5 azzera il contatore globale del tempo
- le righe dalla 6 alla 8 controllano tutti i vertici di V e visitano tutti quelli bianchi con la procedura DFS_Visit . Ogni volta che si fa questa chiamata il vertice u che si sta considerando diventa la radice di un nuovo albero della foresta DFS. Alla fine di ogni iterazione il vertice considerato avrà il tempo di scoperta e il tempo di fine visita

- la riga 11 colora di *grigio* il vertice considerato in quanto è stato "scoperto"
- la riga 12 e la riga 13 memorizzano il tempo di scoperta del vertice incrementando di 1 la variabile globale del tempo e assegnando il valore al tempo di scoperta del vertice considerato
- le righe dalla 14 alla 17 esaminano i vertici adiacenti al vertice considerato e visitano ricorsivamente ogni vertice adiacente bianco. Ogni volta che un vertice v adiacente viene preso in considerazione si considera esplorato dalla visista in profondità l'arco e(u, v), con u vertice preso in considerazione dal metodo DFS_Visit
- la riga 18 colora il vertice considerato di *nero*, in quanto ogni arco uscente dal vertice considerato è stato esplorato
- le righe 19 e 20 aggiornano la variabile di tempo globale e salvano il tempo di fine visita

Analizziamo ora i tempi. Si hanno due cicli di complessità $\Theta(V)$ ciascuno nel metodo DFS. Inoltre il metodo DFS_Visit viene chiamato una e una sola volta $\forall v \in V$. Sempre in DFS_Visit si ha un ciclo che viene eseguito |Adj[v]| volte. Ma sappiamo che:

$$\sum |Adj[v]| = \Theta(E)$$

che è quindi il costo totale di *DFS_Visit*.

Possiamo quindi dire che il tempo di esecuzione complessivo è:

$$\Theta(V+E)$$

La *DFS* ha proprietà interessanti:

- il sottografo dei predecessori G_p forma effettivamente una foresta di alberi DFS, quindi u = p[v] sse DFS_Visit è stata chimata durante la visita delle liste di adiacenza di u
- i tempi di scoperta e fine visita, se sostituiti da parenetsi formano una'espressione ben formata, ovvero sono perfettamente bilanciate.

Infatti si ha il **teorema delle parentesi**:

Teorema 4. In ogni DFS di G = (V, E) per ogni coppia di vertici $u \in V$ si soddisfa una e una sola delle seguenti condizioni:

- gli intervalli [d[u], f[u]] e [d[v], f[v]] sono completamente disquinti
- l'intervallo [d[u], f[u]] è interamente contenuto in [d[v], f[v]]e u è discendete di v nell'albero DFS
- l'intervallo [d[v], f[v]] è interamente c0ontenuto in [d[u], f[u]]e v è discendete di u nell'albero DFS
- si ha il corollario degli intervalli dei discendenti:

Corollario 1. Un vertice v è un discendente proprio di un vertice u nella foresta DFS fi un grafo G sse:

$$d[u] < d[v] < f[v] < f[u]$$

• si ha il teorema del cammino bianco

Teorema 5. In una foresta DFS di un grafo G = (V, E) un vertice v è discendete di u sse, al tempo d[u] di scoperta di u, v è ragiungibile da u con un cammino fatto solo di vertici bianchi

Gli archi in un grafo visitato con DFS possono essere così etichettati:

- tree-edge, che sono gli archi della foresta DFS. Un arco (u, v) è arco dell'albero se v è stato scoperto esplorando quell'arco
- back-edge, che sono gli archi (u, v) che connettono un vertice u ad un antenato v in un albero DFS. I cappi sono considerati back-edge
- forward-edge, che sono gli archi (u, v) che non sono archi dell'albero e che connettono un vertice u ad un discendente di v in un albero DFS
- cross-edge, che sono i vertici non appartenetenti alle categorie sopra. Questi archi possono connettere vertici nello stesso albero DFS, purché un vertice non sia antento di un altro. Possono connettere vertici in alberi DFS distinti.

In questa distinzione ci aiutano i colori:

- se v è white allora (u, v) è un tree-edge
- se v è gray allora (u, v) è un back-edge

• se v è black allora (u, v) è un forward-edge o cross-edge (se il tempo di scoperta di u è minore del tempo di scoperta di v allora è un arco in avanti, altrimenti è un arco trasversale)

Nel caso di grafo non orientato il primo tra (u, v) e (v, u) che viene etichettato viene usato per etichettare nello stesso modo l'altro.

Vediamo l'algoritmo che modifica la DFS_visit stampando le tipologie d:i arco

```
function DFS\_visit(v)
   time \leftarrow time + 1
   d[v] \leftarrow time
   c[v] \leftarrow gray
   #si rimuove P[v] solo se il grafo non è orientato
   for a \in Adj[v] \backslash P[v] do
       if c[a] == white then
           print((v, a), "tree")
           DFS\_visit(a)
       else if c[a] == gray then
           print((v, a), "back")
       else if c[a] == black then
           if d[a] < f[a] then
               print((v, a), "forward")
           else
               print((v, a), "cross")
```

4.1.3 Ordinamento Topologico

Usando la DFS posso effettuare l'ordinamento topologico di grafi orientati aciclici (\mathbf{DAG}). Tale ordinamento è un ordinamento lineare di tutti i suoi vertici tale che G contiene un arco (u,v), allora u compare prima di v nell'ordinamento (questa cosa è possibile solo grazie al fatto che è aciclico). Tale ordinamento può essere visto quindi come un ordinamento dei suoi vertici lungo una linea orizzontale in modo che tutti gli archi orientati vadano da sinistra a destra. Si procede così:

- si chiama DFS e si calcolano i tempi di fine visita su ogni vertice v
- dopo aver visitato un vertice lo si inserisce in testa ad una lista concatenata
- si ritorna la lista

4.2 Algoritmo di Floyd-Warshall

Dato un grafo orientato G=(V,E) e una funzione peso $w:E\to\mathbb{R}$, che associa gli archi del grafo ad un valore reale, si cerca il cammino di peso minimo tra due vertici u e v dove il peso del cammino è la somma dei pesi degli archi del cammino. Si assume che possano esserci archi di peso negativo ma non cicli negativi. Questo algortimo sfrutta una matrice M^n (di programmazione dinamica ???) che è la matrice delle distanze calcolate utilizzando al massimo i nodi da 1 a n come nodi intermedi. All'inizio la matrice contiene le distanze tra i vertici adiancenti:

$$M^{0}[i,j] = \begin{cases} 0 & \text{se } i = j \\ w_{i,j} & \text{se } i \neq j \land (i,j) \in E \\ \infty & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Quindi ho una matrice $n \times n$ con l'elmento (i, j) che contiene il peso di un cammino minimo tra i vertici $i \in j$.

Il sottografo indotto dalla i-esima riga dalla matrice sarà un albero di cammini minimi con radice i e definisco la amtrice dei predecessori:

$$P[i,j] = \begin{cases} nil & \text{se } i = j \lor (i,j) \not\in E \\ p[\cdot,j] & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Definisco il sottografo dei predecessori per ul vertice i-simo come:

$$G_{\pi,i} = (V_{\pi,i}, E_{\pi,i})$$

con:

- $V_{\pi,i} = \{j \in V : p[i,j] \neq nil\} \cup \{i\}$
- $V_{\pi,i} = \{(p[i,j],j) : j \in V_{\pi,i} \{i\}$

L'algortimo suppone che i vertici siano numerati da 1 a n e considera un sottoinsieme di vertici da 1 a k, con ovviamente k < n. Per ogni coppia di vertici considera tutti i cammini possibili tra i due vertici i cui vertici intermedi siano nel sottoinsieme di vertici da 1 a k e sia p un cammino di peso minimo fra di essi:

- se k non è un vertice intermedio del cammino p allora tutti i vertici intermedi del cammino p sono compresi tra 1 e k1. Di conseguenza, un cammino minimo da i a j con i vertici intermedi compresi tra 1 e k1 è ancora un cammino minimo da i a j con i vertici compresi tra 1 e k
- se k è un vertice intemedio spezzo p in due sottocammini p_1 (da i a k) e p_2 (da k a j) e opero come nel passo precedente, dimostrando che i due sottocammini sono minimo e rimangono tali anche con l'aggiunta di un vertice k

Quindi si ha che:

$$M^{k}[i,j] = \begin{cases} w_{i,j} & \text{se } k = 0\\ \min\{M^{k-1}[i,j], \min^{k-1}M[i,k] + M^{k}[k,j]\} & \text{se } k \ge 1 \end{cases}$$

La matrice $M^n[i,j]$ mi darà le soluzioni per ogni coppia di vertici $i,j \in V$.