

Progettazione di Algoritmi

Marco Casu



Contents

1	Teoria dei Grafi	3
1.1	Introduzione e Definizioni	3
1.2	Rappresentazione Fisica	4
1.3	Ricerca di un Ciclo	4
1.4	Cammini sui Grafi	6
1.4.1	Depth-First Search	7
1.4.2	Componenti di un Grafo	10
1.5	Ordinamento Topologico	11
1.5.1	Contatore nel DFS e Relazioni sull'Arborescenza	13
1.5.2	Pozzo Universale	18
1.5.3	Ordine Topologico in Tempo Lineare	19
1.6	Ponti sui Grafi non Diretti	21
1.7	Componenti Fortemente Connesse	23
1.7.1	Contrazione di Vertici	24
1.7.2	C-radice di un Componente Fortemente Connesso	25
1.8	Breadth First Search	28
1.8.1	Distanza fra Insieme e Distanza tramite Vettore dei Padri	30
1.9	Grafi Pesati	31
2	Gli Algoritmi Greedy	35
2.1	Problemi sugli Intervalli	35
2.2	Minimum Spanning Tree	39
2.2.1	L'algoritmo di Kruskal	39
2.2.2	L'algoritmo di Prim	42
3	Algoritmi Divide et Impera	44
3.0.1	Teorema Principale	44
3.1	Problemi sui Vettori	45
3.1.1	Problema del Massimo Sotto-array	45
3.1.2	Elemento Maggioritario	47
3.1.3	Distanza Minima fra due Punti	48
4	Programmazione Dinamica	52
4.1	Problema dello Spazio Libero	52
4.2	Problemi sui Grafi	56
4.2.1	Scheduling di Processi	58
4.3	Problemi sulle Stringhe	64
4.3.1	Sottostringa Comune Massima (LCS)	66
4.3.2	Edit Distance fra due Stringhe	68

1 Teoria dei Grafi

1.1 Introduzione e Definizioni

Un grafo, è una coppia (V, E) , dove V è un insieme di *nodi o vertici*, ed E un insieme di archi che collegano i nodi. Un grafo è detto **semplice** se, per ogni coppia di nodi, essi sono collegati da al massimo un arco, e non esistono dei cicli su un singolo nodo. Nel corso ci occuperemo di *visitare* i grafi in profondità ed in ampiezza (concetti che verranno ripresi più in avanti).

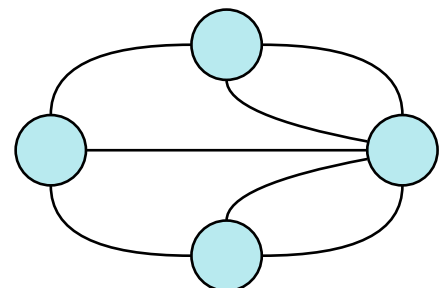
Un grafo, può vedere i suoi archi *orientati*, in questo caso si dice che il grafo è **diretto**. Due nodi sono **adiacenti** se collegati da un arco, ed il **grado** di un nodo non è altro che il numero di nodi adiacenti ad esso.



Esiste un problema classico dal 1700, noto come *problema dei ponti di Königsberg*, si consideri la seguente città posta nei pressi di un fiume che la divide in diversi settori, collegati da appositi ponti, rappresentata con il seguente grafo :



si rappresenta :



Ci si chiede se è possibile passeggiare per la città, visitando tutti i settori, senza passare per due volte sullo stesso ponte. Consideriamo il modello del grafo, una passeggiata su un grafo non è altro che una sequenza ordinata di vertici ed archi che si alternano, come : $v_0, e_1, v_1, \dots, e_k, v_k$. Esiste una passeggiata su questo grafo, ossia una sequenza che non vede ripetizioni degli archi?

Osservazione : Per visitare un nodo è necessario passare per due archi, uno entrante ed uno uscente. Se entriamo in un nodo di grado 3, resterà un arco non visitato, per visitarlo sarà necessario entrarvi nuovamente da tale arco, per poi uscire da un altro precedentemente già visitato (questo ovviamente se non si comincia la passeggiata dal nodo in questione).

Ci rende chiaro il seguente fatto : Se il grado di un nodo x è dispari, a meno che la passeggiata non inizi o finisca su x , uno dei suoi archi verrà attraversato più di una volta. *Eulero* studiò questo problema, si dice infatti che la passeggiata su un grafo è **euleriana** se non si passa 2 volte sulle stesso arco.

Si consideri però il seguente grafo :



Pur vedendo ognuno dei suoi nodi avere grado pari, ossia 2, tale grafo non permette alcuna passeggiata aleatoria, in quanto non è *connesso*.

Un grafo si dice **connesso** se, per ogni coppia di vertici, essi sono collegati da una passeggiata, ossia è possibile raggiungere un vertice partendo da un altro. Le precedenti osservazioni ci portano al seguente risultato.

Teorema (Eulero) : Un grafo ha una passeggiata euleriana se e solo se è connesso, ed esistono al massimo 2 vertici di grado dispari.

Il fatto che sono concessi 2 vertici di grado dispari, è dato dal fatto che essi saranno l'inizio e la fine della passeggiata.

1.2 Rappresentazione Fisica

Che struttura dati possiamo utilizzare per rappresentare un grafo? Vediamo due alternative :

- **Matrice di Adiacenza** - Utilizziamo una matrice $n \times n$, dove n è il numero di nodi del grafo. Nella posizione i, j ci sarà 1 se il vertice v_i è adiacente al vertice v_j , altrimenti 0. Il costo di "check" per l'adiacenza di due vertici è costante, basta consultare un'entrata della matrice, nonostante ciò, lo spazio che occupa tale rappresentazione è $O(n^2)$.
- **Liste di Adiacenza** - Ad ogni vertice del grafo è associata una lista, contenente tutti i suoi vertici adiacenti, per controllare se due vertici sono adiacenti, è necessario fare una ricerca lineare su tale lista, ed ha costo $O(\deg(v))$, dove v è il vertice sulla quale si sta effettuando la ricerca, ed è ovviamente limitato da $n - 1$ (numero di vertici).

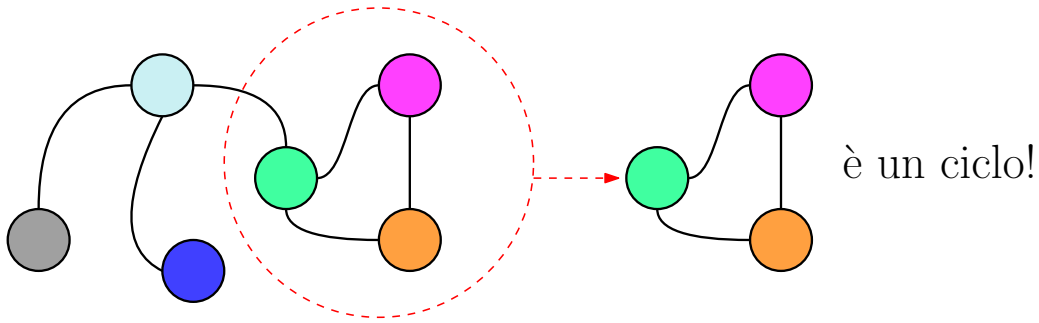
Le dimensioni della struttura dati sono $O(n + \sum_{v \in V(G)} \deg(v))$.

Nel caso in cui un grafo dovesse vedere ogni vertice adiacente a tutti gli altri, la ricerca costerebbe $O(n)$ e le dimensioni sarebbero $O(n^2)$, ciò differisce però dal caso reale, la rappresentazione con liste di adiacenza risulta un buon compromesso fra costo computazionale e dimensioni. Sarà usuale denotare m il numero di archi e n il numero di vertici. Le liste di adiacenza occupano quindi spazio $O(n + m)$, si osservi inoltre la seguente identità :

$$\sum_{v \in V(G)} \deg(v) = 2 \cdot m \text{ dove } m := |E|$$

1.3 Ricerca di un Ciclo

Definizione : Un *ciclo* in un grafo, non è altro che un *sottografo connesso* dove ogni vertice è di grado 2. Identifica un "cammino circolare", e la ricerca dei cicli nei grafi è un problema molto noto.

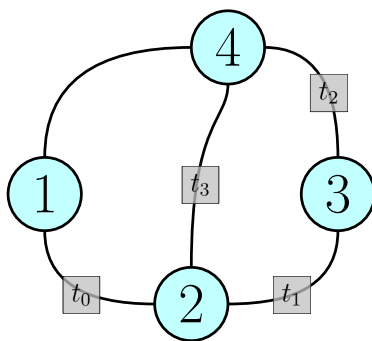


Consideriamo adesso un problema, vogliamo definire un algoritmo che, dato in input un grafo $G = (V, E)$, dove ogni vertice ha grado maggiore o uguale a 2, restituisca in output un qualsiasi ciclo presente nel grafo, mantenendo un costo computazionale $O(n + m) = O(|V| + |E|)$.

Si consideri la seguente *idea* informale di soluzione :

Ogni vertice ha almeno 2 nodi adiacenti, è quindi sempre possibile entrare in un vertice ed uscirne da un arco diverso da quello dalla quale si è entrati. Si parte da un qualsiasi vertice nel grafo, e si procede selezionando uno qualsiasi dei due nodi adiacenti successivi, almeno uno dei due non sarà quello dalla quale si è entrati, procederemo in questa maniera camminando in maniera casuale sul grafo, finchè non troveremo un nodo che è stato già visitato in precedenza, ciò indica che si è eseguito un cammino ciclico.

Utilizzeremo un vettore con lo scopo di salvare i nodi visitati, il ciclo sarà rappresentato dai nodi presenti nel vettore, partendo dall'ultimo elemento, continuando a ritroso fino a trovare il nodo identico all'ultimo. Si consideri il seguente esempio in cui gli archi sono contrassegnati dall'iterazione dell'algoritmo nella quale sono stati attraversati :



Ha prodotto l'array $V = [1, 2, 3, 4, 2]$
è il ciclo

Una volta completato la ricerca del ciclo, elimineremo dal vettore tutti gli elementi a partire dal primo fino all'elemento antecedente a quello identico all'elemento finale.

Pseudocodice

Input : Un grafo $G = (V, E)$.

Output : I nodi di un sottografo di G che è un ciclo.

```

CercaCiclo(graph G){
  x = V[random] // Un vertice a caso
  W=[x] // Inizializzo il vettore output
  current = x
  y=adiacente di x // Un adiacente a caso
  next=y
  while(next ∉ W){
    W.append(next)
    current=next
    if (1° adiacente di current ∉ W[W.length()-2]){ // Il penultimo
      next = 1° adiacente di current
    }else{next = 2° adiacente di current
    }
  }
  while(W[0]≠next){
    W.remove(W[0]) // Rimuove il primo elemento
  }
  return W
}

```

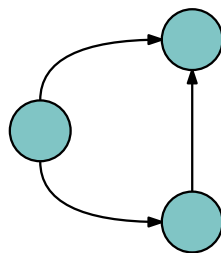
Qual'è la complessità di tale algoritmo? Entrambi i cicli **while** eseguono $O(n)$ iterazioni, il fatto è che, nel primo ciclo while, il controllo $\text{next} \notin W$ deve scorrere comunque tutto il vettore, rendendo il costo dell'algoritmo $O(n^2)$, non rispettando le specifiche iniziali, ossia $O(n + m)$.

1.4 Cammini sui Grafi

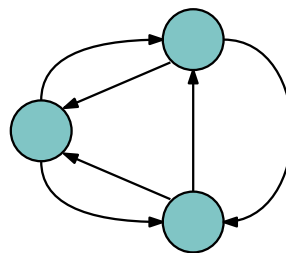
Un **cammino**, non è altro che una passeggiata su un grafo in cui non si passa mai più di una volta sullo stesso vertice, ossia una passeggiata senza ripetizioni di vertici o archi.

Osservazione : Siano x ed y due nodi di un grafo, se esiste una passeggiata da x ad y , allora esiste anche un cammino.

Nei grafi diretti vale la stessa regola, con ovviamente il vincolo che bisogna rispettare l'orientazione degli archi. Un grafo diretto si dice **fortemente connesso** se, per ogni coppia di vertici x, y , esiste un cammino da x ad y e viceversa.



non è fortemente connesso



è fortemente connesso

Un noto problema è il seguente, dato un grafo G e due vertici x, y , esiste un cammino da x ad y ? In generale, il carico di lavoro per controllare ciò, equivale al carico di lavoro necessario per

controllare tutti i nodi che possono essere "raggiunti" partendo da x .

Prendo quindi un vertice x e trovo tutti i vertici y per i quali esiste un cammino fra essi, per fare ciò, occorre **visitare** il grafo, e può essere fatto in due modi differenti.

1.4.1 Depth-First Search

Abbreviato **DFS**, tale algoritmo rappresenta la visita su un grafo in *profondità*. Partendo da un qualsiasi vertice x , inizio a visitare randomicamente uno dei vertici adiacenti, per poi proseguire da esso. Se ad un certo punto non vi sono nuovi vertici da visitare, si esegue il cosiddetto *back tracking*, controllando i nodi a ritroso e cercando dei nuovi vertici. Risulta quindi naturale l'uso di uno *stack* per poter implementare tale ricerca. L'algoritmo alla fine visiterà ogni nodo per la quale esiste un cammino dal nodo iniziale.

```
DFS(graph G, vert x){
  S : stack = {x}
  Vis : set = [x]    // l'insieme che conterrà l'output
  while(S ≠ ∅){
    y=S.top()
    if(∃z adiacente ad y ∧ z ∉ Vis){
      Vis.add(z)
      S.push(z)
    }
    else{
      S.pop()
    }
  }
  return Vis
}
```

Esempio di applicazione (il nodo di partenza è il nodo 1) :



L'output dell'algoritmo sarà proprio l'insieme **Vis**, contenente tutti i nodi raggiungibili dal vettore input, bisogna dimostrare che l'algoritmo sia corretto, mostrando che ogni vertice raggiungibile da x è in **Vis**.

Dimostrazione : Supponiamo per assurdo che vi sia un vertice y tale che, esiste un cammino da x ad y e che y non sia presente in Vis.

$$\exists y | x \rightarrow y \wedge y \notin \text{Vis}$$

Essendo x il vertice di partenza, esso sicuramente si troverà in Vis, per costruzione dell'algoritmo. Questo vuol dire che esiste un vertice nel cammino, per la quale vale la seguente proprietà :

Siano $v_1 \dots v_k$ vertici nel cammino $x \rightarrow y$, $\exists v_i | v_i \in \text{Vis} \wedge v_{i+1} \notin \text{Vis}$



Essendo v_i in Vis, vuol dire che ad un certo punto è stato nel top dello stack, ma v_{i+1} è adiacente a v_i , quindi da quest'ultimo l'algoritmo avrà selezionato ad un certo punto v_{i+1} , per poi proseguire da esso, per costruzione, sarà inserito in Vis, ma ciò è in contraddizione con l'ipotesi iniziale che y non è in Vis. ■

Questo algoritmo presenta un problema cruciale, non è efficiente, infatti risulta particolarmente pesante il controllo `if($\exists z$ adiacente ad $y \wedge z \notin \text{Vis}$)`, che ha costo computazionale $O(\deg(y)) + O(n)$.

```
DFS2(graph G, vert x){
    S : stack = {x}
    Vis : int[n] = [0,0...0]    // L'array in questione
    Vis[x]=1
    while(S≠ ∅){
        y=S.top()
        if(Vis[y.adiacenti[0]]==0){    // Trova un adiacenta non ancora controllato
            z=y.adiacenti[0]
            Vis[z]=1
            S.push(z)
            y.adiacenti.remove(0)
        }
        else{
            y.adiacenti.remove(0)
        }
        if(y.adiacenti== ∅){S.pop()}
    }
    return Vis
}
```

In questa versione l'algoritmo è migliorato, al posto di un set, è possibile utilizzare un array nella seguente maniera : sarà composto da $n := |V|$ elementi inizializzato con tutti 0, si avrà

che $array[i] = 1 \iff i$ fa parte dell'output.

Si è nell'ipotesi in cui il grafo è implementato con le liste di adiacenza, infatti si noti come ogni vertice presenta il campo `adiacenti`. Per rendere più efficiente il tutto senza dover controllare ogni volta se un nodo è stato già visitato, semplicemente si rimuove dalla lista di adiacenza, ed ogni volta se ne prende il primo di tale lista che sicuramente non è stato ancora visitato, rendendo costante tale operazione.

Qual'è ora il costo computazionale? Quante volte viene eseguito il ciclo `while`? Rispondere a ciò risulta difficile, piuttosto ci si chiede quanto lavoro devo fare nel ciclo per ogni vertice? Per ognuno di essi, si esegue un numero limitato di volte il comando `S.top()`. Nello specifico, si esegue tante volte quanto è il grado del vertice, risulta naturale che la complessità finale sia :

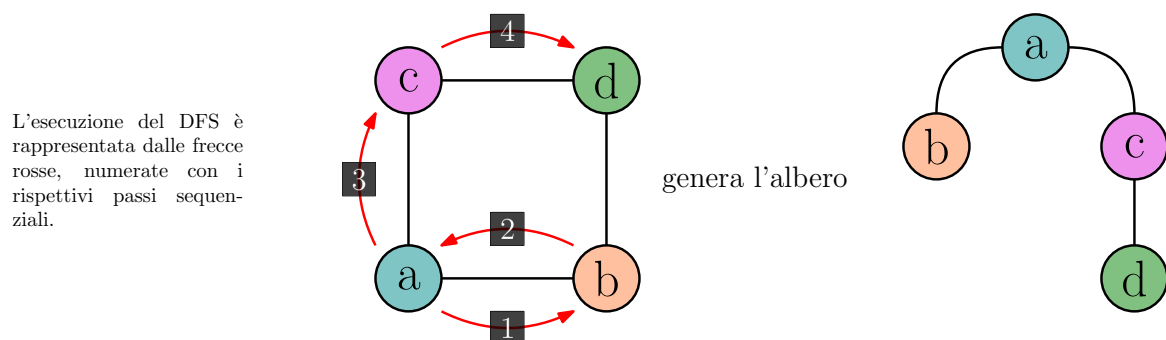
$$O(n) + O\left(\sum_{v \in V(G)} \deg(v)\right) = O(n + |E|) = O(n + m) \text{ costo lineare}$$

Lo stesso algoritmo, si presta in maniera piuttosto naturale ad essere implementato in maniera ricorsiva, permettendo l'omissione dell'utilizzo di uno stack.

```
DFSRec(graph G, vert x, int[n] Vis){
    Vis[x]=1
    for each y in x.adiacenti{    // per ogni adiacente di x
        if(Vis[y]==0){
            DFSRec(G,y,Vis)
        }
    }
}
```

Il ciclo `for each y in x.adiacenti` considera ogni adiacente di x una volta sola, facendo lo stesso lavoro di "cancellazione" dei vicini già controllati, la complessità rimane la medesima.

Si considera la figura seguente, rappresentante una visita *DFS* su un grafo :



Dal nodo di partenza, si inizia a visitare diversi nodi seguendo diversi percorsi, definiamo **albero di visita**, il sottografo generato, o composto dagli archi che utilizziamo per raggiungere i nuovi vertici non ancora visitati. In generale, un albero è un grafo connesso ed aciclico. Essendo che non si ritorna mai in un nodo già visitato due volte, nell'albero di visita non si creeranno

cicli (rendendolo appunto un albero).

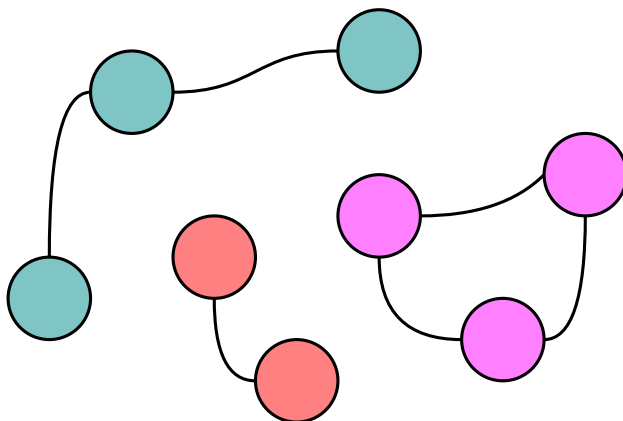
Possiamo applicare lo stesso algoritmo ai grafi diretti, l'unica considerazione da fare, è il controllo dell'ordine di ogni arco. Consideriamo l'implementazione non ricorsiva.

```
DFSdiretto(graph G, vert x,){
    S : stack = {x}
    Vis : int[n] = [0,0...0]
    Vis[x]=1
    while(S≠ ∅){
        y=S.top()
        if (∃z|(y,z) ∈ E(G) ∧ Vis[z]==0){ // l'arco ha la giusta orientazione
            S.push(z)
            Vis[z]=1
        }
        else{
            S.pop()
        }
    }
    return Vis
}
```

Anche questo algoritmo genera l'albero di visita, solo che avrà tutti gli archi, ordinati "verso il basso", ossia seguiranno l'orientazione che va dalla radice verso le foglie, tale albero è detto **arborescenza**.

1.4.2 Componenti di un Grafo

Se G è un grafo connesso, è ovvio che la DFS, qualsiasi voglia sia il vertice iniziale, restituirà sempre tutti i vertici del grafo. Se esso non dovesse essere connesso, restituirà un sottografo, precisamente il sottografo **componente** connesso che contiene il nodo input, i diversi sottografi componenti costituiscono una *partizione* del grafo originale.



Si noti come in questo grafo non connesso vi sono diversi sottografi connessi, costituiti da vertici ed archi ovviamente disgiunti (indicati con colori diversi).

Saper riconoscere le componenti di un grafo è un problema noto, che trova applicazione in svariati ambiti, ad esempio, nell'identificazione delle reti di amicizia in un social network, per capire se ci sono grandi gruppi di persone per i quali non vi è nemmeno 1 collegamento.

Il problema è il seguente, si vuole scrivere un algoritmo che identifichi tutte le componenti di un grafo, associando ad ogni vertice, un indice che ne indica la componente, dato un grafo G , e due vertici x, y , si vuole costruire un array $Comp$ tale che :

$$Comp[x]=Comp[y] \iff x \text{ ed } y \text{ sono nella stessa componente}$$

Utilizziamo la versione ricorsiva del DFS, modificandola a dovere, sono necessarie 2 funzioni :

```
DFSRecComp(graph G, vert x,int[n] Comp, int index){    // funzione di supporto
    Comp[x]=index
    for each y∈x.adiacenti{    // per ogni adiacente di x
        if(Comp[y]==0){
            DFSRec(G,y,Comp,index)
        }
    }
}
```

```
Comp(graph G){    // funzione principale da eseguire
    Comp : int[n] = [0,0...0]
    index = 0
    for each x∈V(G){    // per ogni vertice del grafo
        index++
        DFSRecComp(G,x,Comp,index)
    }
    return Comp
}
```

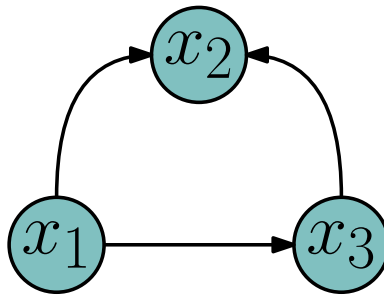
1.5 Ordinamento Topologico

Supponiamo che vi sia un progetto da completare, che viene diviso in n piccoli processi $x_1, x_2 \dots x_n$, e supponiamo che fra essi, vi siano delle dipendenze sull'ordine di completamento, ad esempio :

- Per essere completato x_1 , ha bisogno che siano completati x_2, x_3
- Per essere completato x_3 , ha bisogno che sia completato x_2

Dobbiamo pensare ad una programmazione dei processi che rispetti le dipendenze allo scopo di completare il progetto. Nell'esempio dato, l'ordine corretto sarebbe x_2, x_3, x_1 . Utilizziamo un grafo diretto per modellizzare il problema : i processi saranno i vertici del grafo, e vi sarà un arco da x_i a x_j se x_i dipende da x_j .

In questo modello, una programmazione dei processi non è altro che un ordine dei vertici del grafo, con la proprietà che tutti i vertici siano orientati "da destra verso sinistra".



Osservazione : Se in un grafo diretto vi è un ciclo, allora il grafo non ha tutti gli archi che vanno da destra verso sinistra.

Dimostrazione : Presumiamo che esista tale ordine, allora esiste un vertice x che è l'ultimo vertice di tale ordinamento, esiste quindi un arco (y, x) per qualche y , però, nonostante sia l'ultimo, data la presenza di un ciclo, deve esistere un arco uscente (x, y) , ma quindi l'ordine iniziale non è rispettato, causando una contraddizione. ■

Se in un grafo diretto vi è un ciclo, tutto il grafo non ammette la proprietà dell'orientazione degli archi. Tale proprietà è nota con il nome di **ordine topologico**, e l'assenza di un ciclo, è condizione necessaria e sufficiente per garantirla.

Proposizione : Se ogni singolo vertice di un grafo diretto ha almeno un arco uscente, allora esiste un ciclo.

Dimostrazione : Se esiste sempre un arco uscente, è sempre possibile, partendo da un vertice x spostarsi in un suo vertice adiacente, ciò significa che è possibile "camminare" all'infinito sul grafo, il fatto è che il numero di vertici è finito, quindi prima o poi si visiterà un vertice per una seconda volta, trovandosi in un ciclo.



L'implicazione inversa non è verificata, infatti è possibile che esista un grafo in cui vi è un nodo senza archi uscenti, ed anche un ciclo.

Corollario : Se non esiste alcun ciclo in un grafo, allora esiste almeno un vertice che non ha archi uscenti.

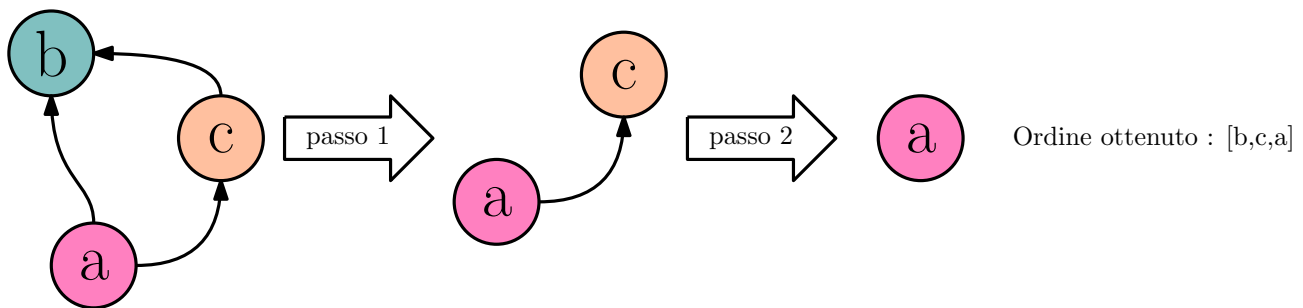
Per ottenere un cosiddetto **ordinamento topologico**, posso considerare il seguente algoritmo : Si ha un grafo diretto G , sprovvisto di cicli, si sceglie un qualsiasi vertice privo di archi uscenti, si inserisce in una lista per poi eliminarlo dal grafo (insieme a tutti i suoi archi associati), dopo ciò, si ri-esegue l'operazione, inserendo ogni volta il vertice nella prima posizione della lista.

Tale algoritmo risulta parecchio utile, si pensi all'ordinamento topologico applicato al grafo di serializzazione nell'ambito del controllo della concorrenza (trattato nel corso di Basi di Dati 1).

```

OrdinamentoTopologico(graph G){    // il grafo è diretto
    L : list    // una lista vuota, sarà l'output dell'algoritmo
    while(G ≠ ∅){
        x=v∈V(G) | v.adiacentiOut=∅    // un vertice senza archi uscenti
        L.insert(x)
        G.delete(x)
    }
    return L
}

```



Il *problema* di questo algoritmo è il suo costo computazionale, di fatto è troppo dispendioso : Per controllare se un vertice non ha archi uscenti, si è in $O(n)$, inoltre il ciclo **while** controlla tutti i vertici, quindi si è nuovamente in $O(n)$.

La cancellazione di un vertice risulta dispendiosa, in quanto bisogna eliminare anche tutti gli archi associati, ossia, eliminare il vertice da tutte le liste di adiacenza degli altri vertici, il numero di controlli dipende dal grado di ogni vertice, quindi costa $O(m)$. In totale, l'intero algoritmo ha una complessità $O(n \cdot (n + m))$, vorremmo riuscire ad ottenere lo stesso output in tempo lineare.

1.5.1 Contatore nel DFS e Relazioni sull'Arborescenza

Vogliamo considerare un'estensione del normale DFS, consideriamo un contatore, denotato **cc**, tale contatore, verrà incrementato ogni qual volta verrà visitato per la prima volta un nuovo nodo.

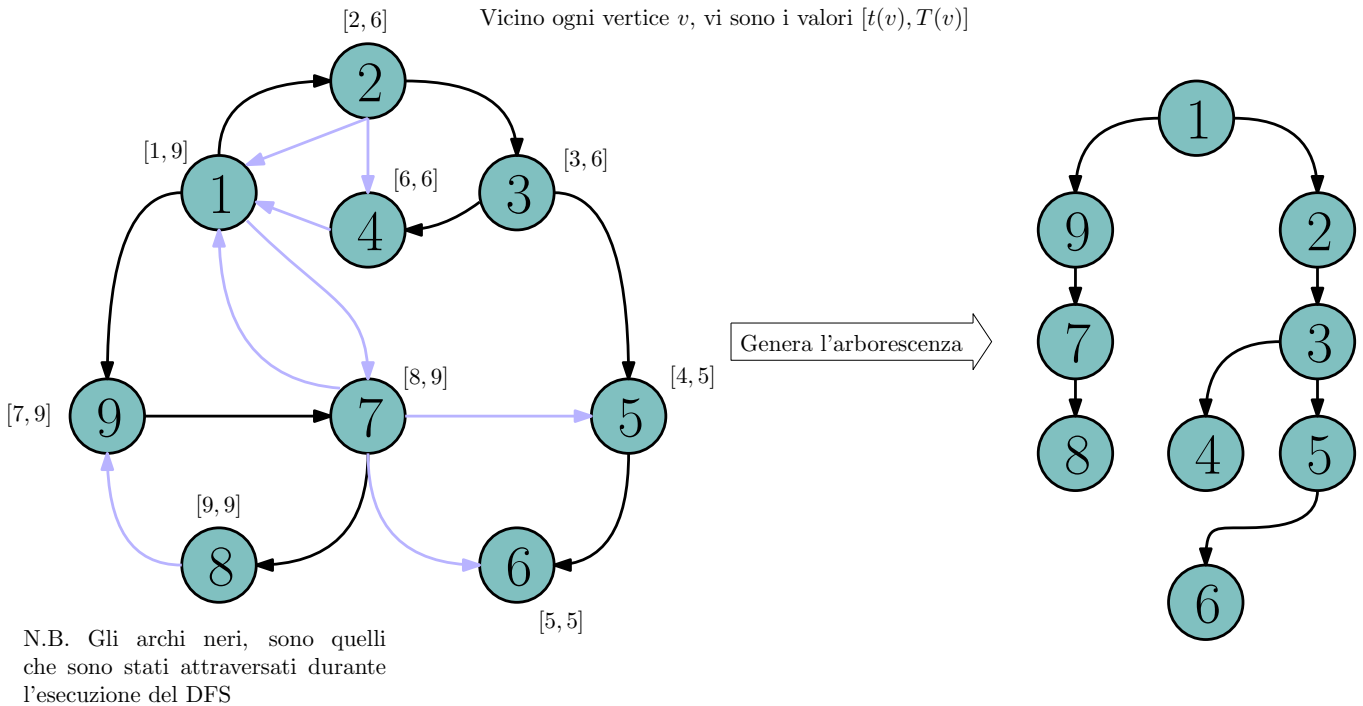
Consideriamo inoltre, due nuove funzioni $t : V(G) \rightarrow \mathbb{N}$ e $T : V(G) \rightarrow \mathbb{N}$, sia v un vertice, $t(v)$ sarà uguale al valore del contatore **cc** nel momento in cui v viene visitato per la prima volta, invece $T(v)$ sarà uguale al valore del contatore **cc** nel momento in cui v viene visitato per l'ultima volta, ossia quando esso viene rimosso dallo stack.

Osservazione :

- Per ogni coppia di vertici v, u , si ha che $t(v) \neq t(u)$
- Per ogni vertice v , si ha che $t(v) \leq T(v)$

- Sia v un vertice, se $t(v) = T(V)$, allora v , è una foglia nell'albero di visita derivante dall'applicazione del DFS.
- Sia n il numero di vertici e v_0 la radice dell'albero di visita, si ha che $t(v_0) = 1 \wedge T(v_0) = n$.

Esempio di applicazione dell'algoritmo (si parte dal vertice 1) :



Ad ogni vertice v , è associato un *intervallo* $[t(v), T(v)]$, gli intervalli di vertici diversi possono essere confrontati, e si ricade sempre in uno dei seguenti casi.

Osservazione : Siano v e u due vertici distinti del grafo, uno dei seguenti punti è sempre vero:

- *i)* $[t(v), T(v)] \subseteq [t(u), T(u)]$
- *ii)* $[t(v), T(v)] \supseteq [t(u), T(u)]$
- *iii)* $[t(v), T(v)] \cap [t(u), T(u)] = \emptyset$

Dimostrazione : Il quarto ed ultimo caso possibile, sarebbe un'intersezione del tipo:

$$t(u) < t(v) \leq T(u) < T(v)$$

Basta dimostrare che questa casistica non può verificarsi. Se u è stato inserito nello stack prima di v , si avrà che $T(u) \geq t(v)$, questo implica che u era già nello stack quando v è stato inserito, ma allora è impossibile togliere u prima di v , e necessariamente $T(u) > T(v)$. ■

Adesso, consideriamo il grafo sulla quale è stato applicato il nuovo DFS con contatore, e consideriamo gli archi che *non appartengono* all'arborescenza, ossia gli archi che non sono stati attraversati durante il DFS (nell'immagine esplicativa precedente, quelli colorati in azzurro).

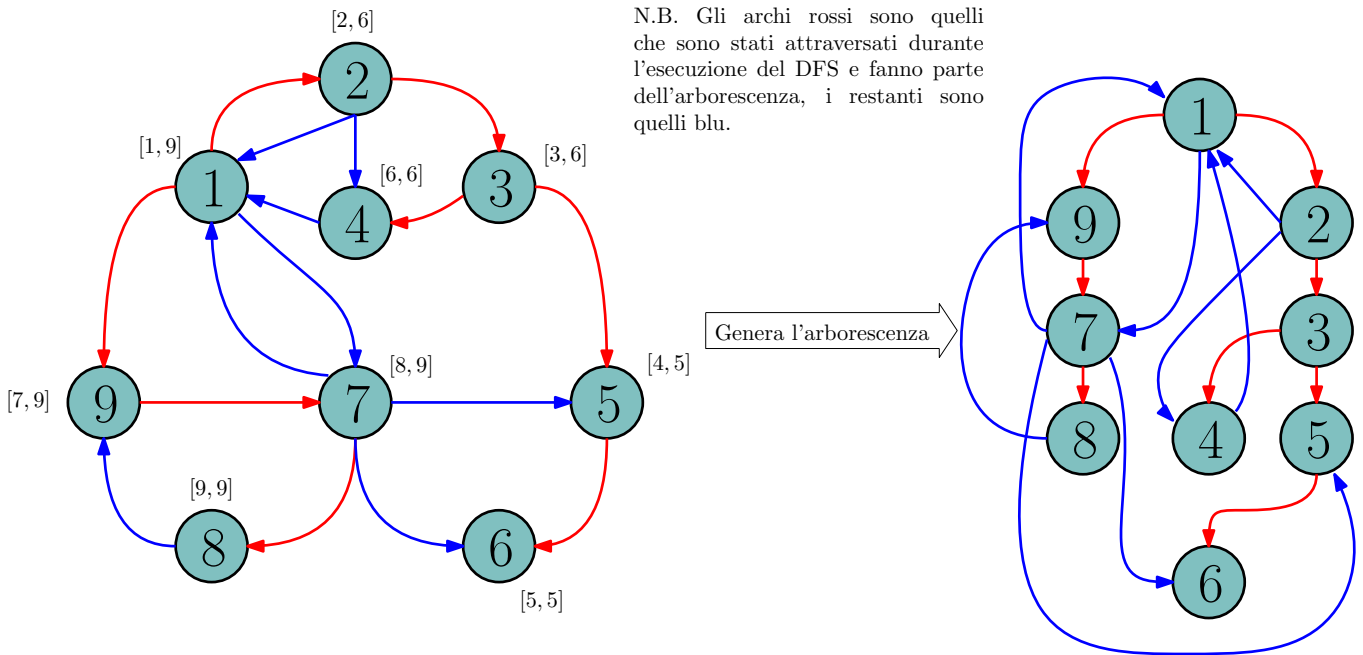
Vi è un fatto interessante, consideriamo tutti un qualsiasi arco non facente parte dell'arborescenza,

esso indica due vertici (v, u) , e tali vertici posseggono gli intervalli che possono essere messi in relazione, ricadendo in uno dei 3 casi prima citati.

Gli archi non facenti parte dell'arborescenza, se considerati nell'arborescenza, potranno essere di 3 tipi, o partire da un vertice ed andare verso un suo antenato, o partire da un vertice ed andare verso un suo successore, oppure attraversare due vertici di due diramazioni differenti, in effetti, riguardo la relazione di intervalli prima citata, si ha che :

- Se i due vertici dell'arco ricadono nel punto (i), allora l'arco va da un antenato ad un discendente (**arco in avanti**).
- Se i due vertici dell'arco ricadono nel punto (ii), allora l'arco va da un discendente ad un antenato (**arco all'indietro**).
- Se i due vertici dell'arco ricadono nel punto (iii), allora l'arco attraversa due diramazioni differenti (**arco di attraversamento**).

Riguardo il grafo del precedente esempio :



Si noti come l'arco che va dal vertice 8 al vertice 9, è un *arco all'indietro*, infatti gli intervalli dei due vertici ricadono nel secondo caso : $[9, 9] \supseteq [7, 9]$.

Si noti come l'arco che va dal vertice 2 al vertice 4, è un *arco in avanti*, infatti gli intervalli dei due vertici ricadono nel primo caso : $[2, 6] \subseteq [6, 6]$.

Si noti come l'arco che va dal vertice 7 al vertice 5, è un *arco di attraversamento*, infatti gli intervalli dei due vertici ricadono nel terzo caso : $[8, 9] \cap [4, 5] = \emptyset$.

Se dovessi applicare lo stesso algoritmo ai grafi non diretti, non si potrebbe definire una relazione di antenato-discendente, in quanto ogni arco è percorribile per entrambe le direzioni, quindi i casi (i) e (ii) indicherebbero la stessa situazione.

Inoltre, è impossibile che, per due nodi u, v si verifichi che $[t(v), T(v)] \cap [t(u), T(u)] = \emptyset$, quindi il caso (iii) è impossibile. Si vuole dare ora lo pseudocodice di una modifica del DFS, che restituisca in output 3 liste, contenenti gli archi in avanti, all'indietro, e di attraversamento.

```

DFSconArchi(graph G, vert x,){    // il grafo è diretto
    int cc=1
    t : int[n]    // array lungo n inizializzato a zero
    T : int[n]    // array lungo n inizializzato a zero
    t[x]=1
    T[x]=|V(G)|
    S : stack = {x}
    Vis : int[n] = [0,0...0]
    Vis[x]=1
    while(S≠ ∅){
        y=S.top()
        if(∃z|(y,z) ∈ E(G) ∧ Vis[z]==0){    // l'arco ha la giusta orientazione
            S.push(z)
            cc++
            t[z]=cc
            Vis[z]=1
        }
        else{
            S.pop()
            T[z]=cc
        }
    }
    A : graph = arborescenza generata dal DFS
    A' : graph = G-A    // il complementare dell'arborescenza
    av : list
    ind : list
    att : list
    for each (x,y)∈E(A'){
        switch(t[x],T[x],t[y],T[y]){
            [t(v),T(v)] ⊆ [t(u),T(u)] : sv.append((x,y))    // primo caso
            [t(v),T(v)] ⊇ [t(u),T(u)] : ind.append((x,y))    // secondo caso
            [t(v),T(v)] ∩ [t(u),T(u)] = ∅ : att.append((x,y))    // terzo caso
        }
    }
    return av,ind,att
}

```

La domanda da porsi adesso è, la presenza di questi archi *in avanti*, *indietro* e di *attraversamento*, quali informazioni fornisce riguardo le proprietà del grafo?

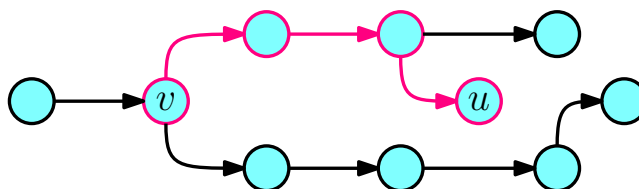
Consideriamo un grafo G non diretto e connesso, vuol dire che per ogni coppia di vertici x ed y esiste un cammino da x ad y , se dovesse esistere un arco $(x, y) \in E(G)$, allora vi sarà un ciclo.

Proposizione : Sia G un grafo connesso non diretto, se esiste un ciclo, allora, per una *qualsiasi* applicazione del DFS, esisterà un arco all'indietro (che è identico all'arco in avanti, essendo il grafo non diretto).

Dimostrazione : Se in G c'è un ciclo, allora esisterà un arco che non sarà presente nell'albero di visita generato dal DFS (essendo un albero, non ha cicli), quindi esiste un arco esterno a tale albero che collega due nodi, ed è necessariamente un arco all'indietro. ■

Conclusion : DFS genera arco all'indietro $\iff G$ ha un ciclo

Consideriamo ora il caso in cui il grafo è diretto, sia v un vertice, ed u un suo discendente nell'arborecenza generata da una qualsiasi applicazione del DFS, esiste un cammino diretto da v ad u .



Se u è un discendente di v , allora u è stato visitato la prima volta dopo di v , allora è stato rimosso dallo stack prima di v

$$t(v) < t(u) \leq T(u) \leq T(v)$$

Se esistesse un arco (u, v) , allora sarebbe un arco all'indietro. Sappiamo che per ogni coppia di vertici u, v , se u è un discendente di v , allora esiste un cammino diretto da v ad u nell'arborecenza.

Osservazione : Se esistesse un arco all'indietro nell'arborecenza generata dal DFS, allora il grafo avrebbe un ciclo.

Proposizione 1 : Se G è un grafo diretto, e tutti i suoi vertici sono raggiungibili da un vertice di partenza x , allora, una qualsiasi applicazione del DFS partendo da x genera un arco all'indietro nell'arborecenza *se e solo se* esiste un ciclo in G .

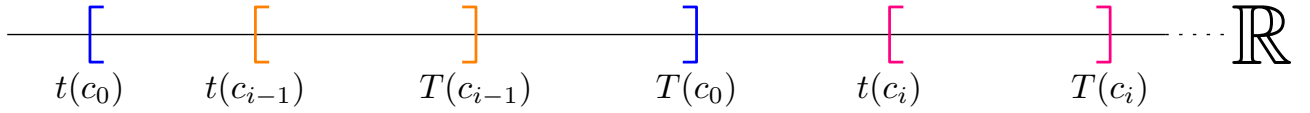
Assumendo che in G ci sia un ciclo, consideriamo i vertici che compongono il ciclo : $c_0, c_1, c_2, \dots, c_k$, elencati in ordine di visita nel DFS, quindi c_0 è il primo vertice del ciclo visitato durante una qualsiasi applicazione del DFS.

Proposizione 2 : Tutti i vertici del ciclo (escluso c_0), verranno visitati per la prima volta *prima* che c_0 venga rimosso dallo stack.

Dimostrazione della prop. 2 : So che $\forall i \in \{1 \dots k\}, t(c_i) > t(c_0)$, assumiamo che esista un c_i fissato che non rispetti la condizione della proposizione, ossia

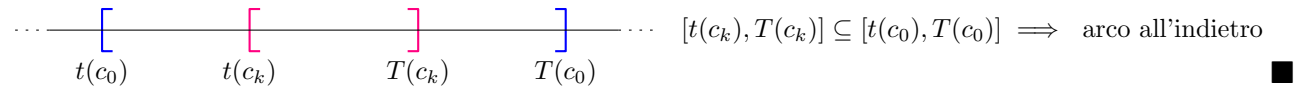
$$t(c_i) > T(c_0)$$

Tale c_i potrebbe non essere l'unico, sia però il vertice visitato per primo fra quelli che non rispettano la condizione, considero ora il vertice visitato appena prima di c_i , ossia c_{i-1} , so che $t(c_{i-1}) > t(c_0)$ e che $t(c_{i-1}) \leq T(c_0)$, ovviamente non può essere superiore perchè il primo vertice che viola la condizione, è il suo successivo c_i . Si verifica la condizione :



Sappiamo però che c_{i-1} viene prima di c_i nel ciclo, esiste quindi un arco (c_{i-1}, c_i) , quindi è impossibile che c_{i-1} venga rimosso dallo stack prima di c_i , è quindi una contraddizione, e necessariamente la proposizione è vera. ■

Dimostrazione della prop. 1 : Data la *proposizione 2*, necessariamente l'arco del ciclo (c_k, c_0) è un arco all'indietro.



1.5.2 Pozzo Universale

Si consideri ora un vertice x di un generico grafo diretto G , che rispetti le seguenti proprietà :

- $\forall y \in V(G), \nexists (x, y) \in E(G)$
- $\forall y \in V(G), \exists (y, x) \in E(G)$

È un vertice che non ha archi uscenti, e tutti gli altri vertici del grafo hanno un arco che diretto verso di esso, tale vertice prende il nome di *pozzo universale*.



Esercizio : Si dia lo pseudocodice di un algoritmo che in $O(n)$, dove n è il numero di vertici, stabilisca se il grafo in input ha o non ha un pozzo universale, il grafo è dato sottoforma di matrice di adiacenza.

La costrizione più grande è la richiesta del costo computazionale, è chiaro che non è possibile controllare ogni vertice in maniera dettagliata, vedendo se è o non è un pozzo universale in base ai valori che assumono le entrate nella matrice.

Una possibile idea è di controllare in coppia tutti i vertici, escludendo i possibili che sicuramente

non sono un pozzo universale : Si comincia controllando due vertici a caso x, y , se l'entrata della matrice $m(x, y)$ è 1, vuol dire che esiste un arco che va da x ad y , dovremmo quindi escludere x dato che ha archi uscenti, e continuare con y , altrimenti continueremo con x .

Alla fine, avremo un vertice candidato ad essere un pozzo, e controlleremo in maniera esplicita se lo è o no.

```
PozzoUniversale(m){    // l'input è la matrice di adiacenza
    candidato = 1
    n = m[1].length()    // n è il numero di vertici
    for(i=2;i≤n;i++){
        if(m[candidato,i]==1){
            candidato=i
        }
    }
    for(i=1;i≤n;i++){
        if(m[candidato,i]==1){
            return false    // il candidato ha un arco uscente
        }
    }
    for(i=1;i≤n;i++){
        if(m[i,candidato]==0 ∧ i≠candidato){
            return false    // un nodo non ha un arco verso il candidato
        }
    }
    return true
}
```

1.5.3 Ordine Topologico in Tempo Lineare

Tornando al DFS con il contatore, esiste ovviamente anche una versione ricorsiva, composta da due funzioni, una "globale" che inizializza il processo, ed una ricorsiva che opera.

```
DFSglobal(G,x){
    Vis : int[n] = [0,0...,0]
    t : int[n] = [0,0...,0]
    T : int[n] = [0,0...,0]
    c : int = 1
    DFSrecursive(x,Vis,c,t,T)    // prima chiamata della funzione ricorsiva
    return Vis
}
```

L'algoritmo rimane in $O(n + m)$, passiamo ora alla funzione ricorsiva.

```

DFSrecursive(x,Vis,c,t,T){
    while( $\exists y \in V(G) \mid \text{Vis}[y]=0 \wedge (x,y) \in E(G)$ ){
        Vis[y]=1
        c++
        t[y]=c
        DFSrecursive(y,Vis,c,t,T)
    }
    T[x]=c
}

```

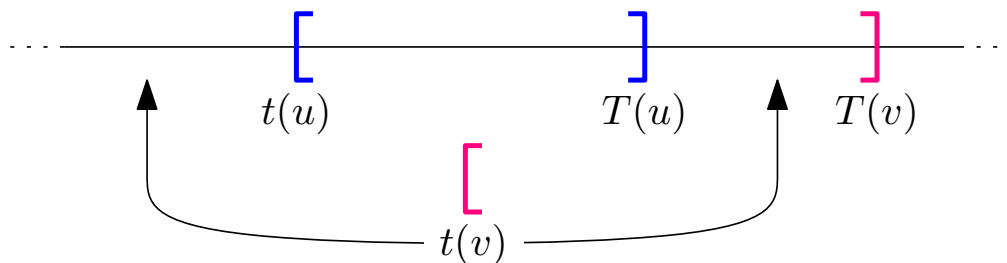
Proposizione : Per ogni arco (v, u) in un grafo diretto, si ha che $t(u) \leq T(v)$.

Dimostrazione : Se così non fosse, vorrebbe dire che $t(u) > T(v)$, significherebbe che avremmo chiuso (tolto dallo stack) v quando vi era ancora possibilità di continuare su u , quindi è impossibile che ciò accada. ■

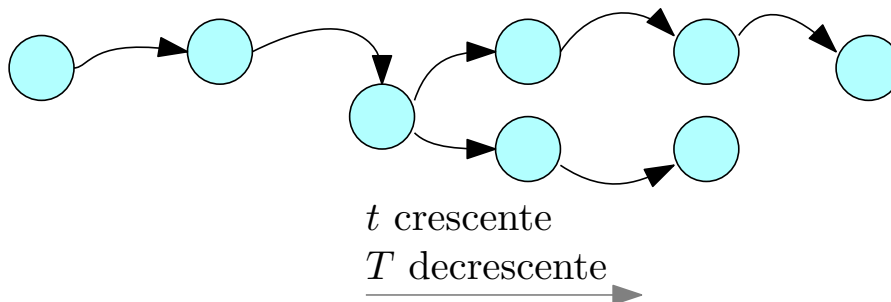
Torniamo adesso all'*ordinamento topologico*, nei capitoli precedenti, si è visto che, se il grafo è ciclico allora esistono degli archi all'indietro. In caso contrario, ci sono due restanti possibilità per ogni arco (v, u) :

- ii) $[t(v), T(v)] \supseteq [t(u), T(u)]$
- iii) $[t(v), T(v)] \cap [t(u), T(u)] = \emptyset$

Sicuramente $t(u) \leq T(u) \leq T(v)$, $t(v)$ può trovarsi in uno dei due seguenti intervalli :



Il fatto, è che $T(u) \leq T(v)$, e ciò vale per ogni arco del grafo (v, u) , nel corrispettivo ordine topologico in cui tutti gli archi andranno da "sinistra verso destra", si avrà che, seguendo quest'ordine, i valori di T per i vertici coinvolti saranno *decrementi*.



La dove si causerà una situazione di "tie break", ossia in cui i valori di T sono coincidenti per due vertici, si avrà che essi differiranno per i valori di t , che secondo l'ordine prima menzionato

saranno strettamente crescenti, nel risultante ordine topologico, i vertici chiusi (tolti dallo stack) per ultimi, saranno quelli a sinistra.

```
ORDtopologico(G){    // funzione globale
    L : list          // l'output, conterrà i vertici dell'ordine topologico
    Vis : int[n] = [0,0...,0]
    for each (v∈V(G)){
        if(Vis[v]==0){
            DFSord(G,v,Vis,L)
        }
    }
}
```

```
DFSord(G,v,Vis,L){    // funzione ricorsiva
    Vis[v]=1
    for each (w adiacente di v){
        if(Vis[w]==0){
            DFSord(G,w,Vis,L)
        }
    }
    L.insert(v,0)      // inserisci il vertice nella prima posizione della lista
}
```

1.6 Ponti sui Grafi non Diretti



Definizione : Un *ponte* in un grafo connesso non diretto, è un arco che, se eliminato dal grafo, lo rende *non* connesso.

Come si può procedere per verificare che un arco (u, v) sia o no un ponte? Posso rimuovere l'arco, e controllare con il DFS se esiste ancora un cammino fra i due vertici coinvolti, se esiste, allora quell'arco non era un ponte. Se volessi trovare tutti i ponti di un grafo, questa operazione risulterebbe poco efficiente, e l'algoritmo avrebbe complessità $O(m \cdot (n + m))$.

Osservazione : Qualsiasi arco coinvolto in un ciclo, non è un ponte, viceversa, se un arco è un ponte, allora non fa parte di un ciclo.

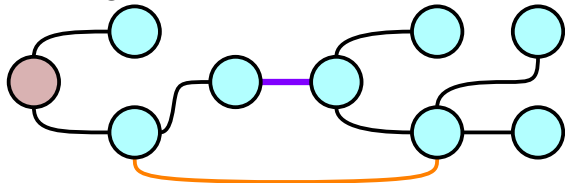
Ne consegue che, qualsiasi arco che non fa parte dell'albero di visita derivante da una qualsiasi

applicazione del DFS (gli archi all'indietro), sicuramente non è un ponte. Quindi un ponte fa parte dell'albero di visita, non è necessario controllare tutti gli archi. Si considerino i due seguenti alberi di visita di due grafi che differiscono esclusivamente per un arco.

albero del grafo 1



albero del grafo 2



Il vertice rosso è la radice, ossia il punto da cui è partito il DFS, l'arco colorato di viola invece, è l'arco di cui vogliamo capire se sia un ponte o no. L'arco arancione è l'unico elemento che è presente nel grafo 2, ma non è presente nel grafo 1.

Osservando la seguente immagine, si noti che, l'arco viola del primo grafo, è un ponte, invece l'arco viola del secondo grafo, non lo è, rimane infatti connesso grazie all'arco arancione, che non fa parte dell'albero di visita, da tali considerazioni, si giunge alla seguente proposizione.

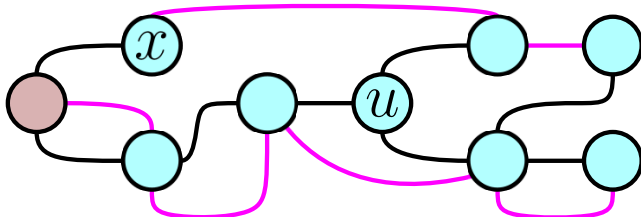
Proposizione : Sia T un albero di visita derivante da una qualsiasi applicazione del DFS su un grafo connesso e non diretto, e sia $(u, v) \in E(T)$, un arco dell'albero, dove v è il padre di u , si ha che, l'arco (u, v) è un ponte *se e solo se* non esiste alcun arco all'indietro da un qualsiasi vertice discendente di u , ad un qualsiasi vertice antenato di v (v compreso).

Dimostrazione : $(1) \implies (2)$: Sia T_u l'insieme dei discendenti di u . Se esistesse un arco da T_u all'indietro, allora (u, v) sarebbe parte di un ciclo, e sicuramente non sarebbe un ponte. $(2) \implies (1)$: Assumiamo che (u, v) non sia un ponte, allora esiste un cammino $u \rightarrow v$ che non fa uso dell'arco in questione. Esiste sicuramente un punto nel cammino, in cui si passa da un vertice x tale che $x \notin T_u$, ad un vertice y tale che $y \in T_u$, ma sappiamo che non esistono archi all'indietro, ciò porta ad una contraddizione. ■

Scriviamo adesso lo pseudocodice di un algoritmo che restituisce tutti i ponti di un grafo in tempo lineare, come prima, diamo la definizione di *punto di back*, o semplicemente *back*.

Definizione : Il *back* di un vertice u in un albero di visita, non è altro che il vertice più vicino alla radice che è possibile raggiungere con un arco da u o da uno dei suoi discendenti.

in rosso la radice. Gli archi rosa non fanno parte dell'albero di visita.



In questo albero di visita, il back di u risulta essere x .

Vogliamo quindi un algoritmo che, per un arco (u, v) , dove v è il padre di u , si controlli il back di u , se esso è presente fra v ed i suoi antenati, allora l'arco non è un ponte, altrimenti lo è.

```

Ponti(G : grafo connesso non diretto){    // funzione globale
    t : int[n] = [0,0...,0]
    c : int = 0
    Ponti : list    // l'output
    z = un vertice a caso di G
    DFSponte(G,z,z,t,c,Ponti)
    return Ponti
}

```

```

DFSponte(G, v, z, t, c, Ponti){    // funzione ricorsiva, z è il padre di v
    back=t[v]
    c++
    t[v]=c
    for each (w adiacente di v){
        if(t[w]==0){
            b=DFSponte(G,w,v,t,c,Ponti)
            back = min(b,back)
        }
        else if(w≠z){
            back = min(t[w],back)
        }
    }
    if(back==t[v]){
        Ponti.add((v,z))
    }
    return back
}

```

1.7 Componenti Fortemente Connesse

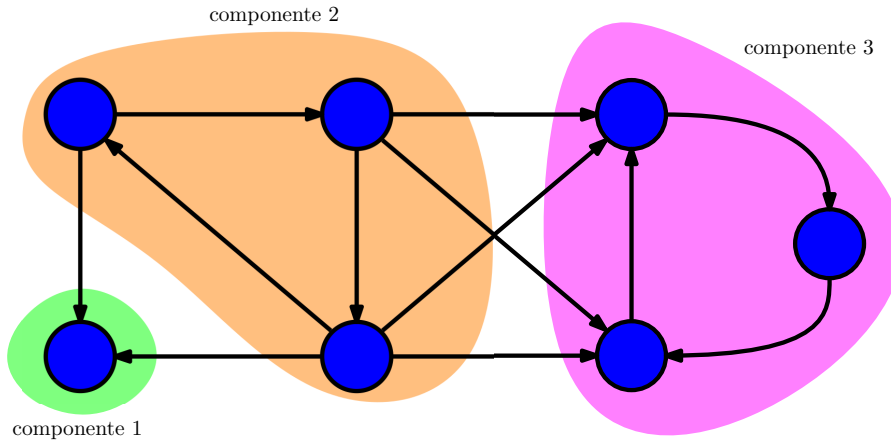
Abbiamo già dato la definizione di fortemente connesso per un grafo diretto, ossia un grafo G di cui, per ogni coppia di vertici (u, v) esiste un cammino da u a v e viceversa. Quando un grafo è non diretto, risulta facile trovare le componenti connesse, in quanto è facilmente visualizzabile come un "pezzo" di grafo connesso distaccato dal resto.

In un grafo diretto, una componente è un sottografo fortemente connesso *massimale*, ossia, che non è contenuto in un sottografo più grande fortemente connesso.

Osservazione : Ogni vertice di un grafo diretto è contenuto in un componente fortemente connesso, dato che al minimo esiste il componente costituito dall'unico vertice.

Osservazione : Non esistono più componenti che hanno vertici in comune, ogni vertice appar-

tiene ad un solo componente.

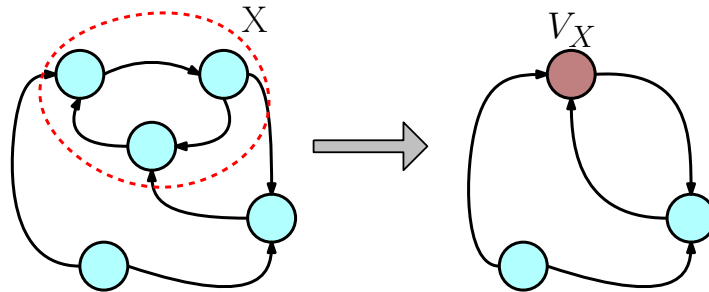


Si vuole un algoritmo capace di trovare le componenti fortemente connesse di un grafo diretto.

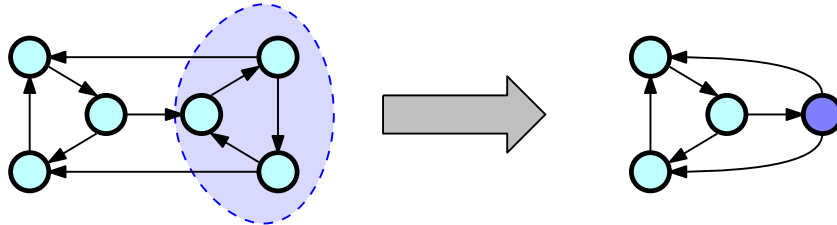
1.7.1 Contrazione di Vertici

Definizione : Sia G un grafo diretto, e sia $H \in V(G)$ un insieme di vertici, è possibile *contrarre* i vertici, facendoli "collapsare" in un unico vertice, ottenendo il grafo G contratto H , denotato G/H . Si denota con V_H il nuovo vertice contratto.

- $V(G/H) := (V(G) \setminus H) \cup \{V_H\}$
- $E(G/H) := \{(x, y) \in E(G) | x, y \notin H\} \cup \{(w, V_H) \text{ se } \exists(w, y) | w \notin V_H \wedge y \in V_H\} \cup \{(V_H, w) \text{ se } \exists(y, w) | w \notin V_H \wedge y \in V_H\}$



Proposizione : Se G è un grafo fortemente connesso ed H è un sottografo connesso, allora G/H è ancora un grafo fortemente connesso.



Dimostrazione : Nel grafo originale G esiste un cammino P da un qualsiasi nodo x ad un qualsiasi nodo contenuto in H , ed esiste un cammino Q da un qualsiasi nodo in H ad un qualsiasi nodo x , siano questi cammini quelli più corti possibile, essi per definizione di G/H saranno anche in G/H , quindi esisterà un cammino da x a V_H e da V_H ad x , quindi il grafo G/H è fortemente connesso. ■

1.7.2 C-radice di un Componente Fortemente Connesso

Osservazione : Se G è fortemente connesso e non è banale, allora contiene sicuramente un ciclo, quindi esiste un arco (x, y) per cui esiste anche un cammino da y ad x , che insieme all'arco precedente compone il ciclo. Un ciclo inoltre è un sottografo fortemente connesso, se applichiamo la contrazione ricorsivamente sui cicli, otterremo le componenti connesse.

Se $u_1, u_2 \dots, u_k$ sono fortemente connessi in G/C , con C un insieme e V_C il vertice contratto, si ha che le componenti in G sono $u'_1, u'_2 \dots, u'_k$ con:

$$u'_i = \begin{cases} u_i & \text{se } V_C \notin u_i \\ (u_i \setminus \{V_C\}) \cup \{V(C)\} & \text{se } V_C \in u_i \end{cases}$$

Se il grafo non ha cicli, ogni vertice è un componente connesso. Vediamo ora l'algoritmo non lineare.

```
Fort(G graph){
    C = un ciclo in G
    if (C non esiste){      // non ci sono cicli nel grafo
        return {{v}|v ∈ V(G)}
    }
    G=G/C
    V_C = vertice contratto
    (u1, u2 ..., uk)=Fort(G)
    for (i in 1...k){
        if (V_C ∉ ui){
            u'_i = u_i
        }
        else {
            u'_i = (u_i \ V_C) ∪ {V(C)}
        }
    }
    return (u'_1, u'_2 ..., u'_k)
}
```

Tale algoritmo ha complessità $O(n \cdot (n + m))$, voglio modificare il DFS per ottenere lo stesso algoritmo che operi in tempo lineare.

Definizione : Data l'esecuzione del DFS su un grafo G diretto, e dato un componente fortemente connesso C del grafo, una **C-radice** è il primo vertice appartenente a C , visitato nel DFS.

Proposizione : Sia T un arborescenza di visita di un DFS, e sia $T(u)$ l'insieme dei discendenti

di un nodo u , sia poi $C(u)$ il componente fortemente connesso nella quale è contenuto u , valgono le seguenti:

1. $C(u) \subseteq T(u)$

2. Se u_1, u_2, \dots, u_k sono le C-radici in $T(u)$, si ha che $T(u) = \bigcup_{i=1}^k C(u_i)$

Dimostrazione 1 : Assumiamo che $C(u) \not\subseteq T(u)$, allora esiste un arco $(x, y) \in C(u)$ tale che $x \in T(u) \wedge y \notin T(u)$, tale arco è, o all'indietro, o di attraversamento. In entrambi i casi, si ha che y è un antenato di $u \implies y$ è stato visitato per la prima volta, prima di $u \implies u$ non è la C-radice del suo componente, ma per ipotesi u è la C-radice, si ha quindi una contraddizione.

2 : Se $u_i \in T(u)$, per il punto (1), $C(u_i) \subseteq T(u_i) \subseteq T(u) \implies C(u_i) \subset T(u)$. Dimostro adesso che, se $w \in T(u)$, il componente $C(w)$ non ha elementi al di fuori di $T(u)$. Assumiamo per assurdo che ciò sia falso, si ha che $C(w) \not\subseteq T(u)$, sia allora z la C-radice di $C(w)$, si ha che

- w è un discendente di z
- u è un discendente di z

Ma allora esistono i cammini da z ad u , e da u a w , ma so che nel componente fortemente connesso $C(w)$ esiste un cammino da w a z , ma allora $u, w, z \in C(w)$, ma inizialmente si è detto che u è la C-radice, ma come può esserlo se u è un discendente di z ? C'è una contraddizione, quindi $C(w) \subseteq T(u)$. ■

```
DFS_Scc(G : graph, v : vert, C : stack, Output : list){    // ricorsiva
    segna v come visitato
    C.push(v)
    for each (u adiacente a v ∧ u non ancora visitato){
        DFS_Scc(G,u,C,Output)
    }
    if(v è una C-radice){
        X : list
        do{
            w=C.pop()
            X.append(w)
        }while(w≠v)
        Output.add(X)
    }
}
```

C è uno stack che contiene tutti i vertici che sono stati già visitati, ma che non hanno ancora un componente fortemente connesso assegnato, non è da confondersi con lo stack **S** del DFS.


```

Scc(G : graph){           // chiamata globale
    C : stack             // vertici visitati ma ancora senza componente
    Output : list
    for each (v∈V(G) | v non ancora visitato){
        DFS_Scc(G,v,C,Output)
    }
    return Output
}

```

Il problema di questo algoritmo, è la riga in cui si controlla se un nodo è una C-radice, come possiamo fare tale controllo in un tempo ragionevole?

Proposizione : Un nodo u non è una C-radice se e solo se, nella chiamata ricorsiva del `DFS_Scc` con radice u , viene attraversato un arco (v, w) tale che: w è stato visitato ma non ha un componente assegnato (si trova nello stack `C`).

Dimostrazione \Rightarrow : Assumiamo che u non sia una C-radice, sia z la C-radice del componente di u , allora z è un antenato di u perché $u \in T(z)$. Ciò implica che, nella chiamata ricorsiva che parte da u , ci sarà un arco dentro $C(u)$ con un vertice $w \notin T(w) \Rightarrow C(w)$ non è stato ancora stabilito.

\Leftarrow : Il componente di w non è stato ancora stabilito, se z è la C-radice di tale componente, esso è ancora "aperto" nella ricorsione, ed è un antenato di u ,

- esiste un cammino da z ad u
- esiste un cammino da u a v
- esiste l'arco (v, w)
- in $C(w)$ è presente un cammino da w a z

Ne concludiamo che u, v, w, z sono tutti nello stesso componente di cui la C-radice è z , quindi il nodo u non è una C-radice. ■

Per l'algoritmo useremo un valore simile al `back` visto nell'algoritmo per i ponti 1.6, tale valore indica per un nodo u , il punto più indietro (vicino alla radice) nell'arborescenza raggiungibile con un arco (v, w) per cui v è un vertice attraversato dal DFS partendo da u , e w un nodo visitato di cui il componente non è stato ancora stabilito. Utilizzeremo un array `CC` che memorizzerà le seguenti informazioni:

- `CC[u] = 0` se u non è stato ancora visitato.
- `CC[u] = -t` dove t è l'istante in cui u è stato visitato per la prima volta.
- `CC[u] = c` quando u ha un componente stabilito, e c è il numero di tale componente.

Passiamo adesso all'algoritmo, la funzione globale rimane la medesima, cambia la funzione ricorsiva.

```

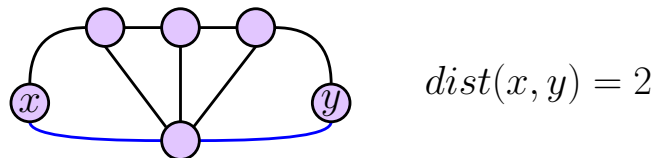
DFS_Scc_ottimizzato(G,u,CC,C,cont_nodi,cont_comp){    // funzione ricorsiva
    cont_nodi++
    CC[u]= -cont_nodi
    C.push(u)
    back = cont_nodi
    for each(v adiacente a u){
        if(CC[v]==0){
            b=DFS_Scc_ottimizzato(G,v,CC,C,cont_nodi,cont_comp)
            back=min(back,b)
        }
        else if(CC[v]<0){
            back=min(back,-CC[v])
        }
    }
    if(back== -CC[u]){
        cont_comp++
        do{
            w=C.pop()
            CC[w]=cont_comp
        }while(w≠u)
    }
    return back
}

```

La complessità di questo algoritmo è $O(n + m)$.

1.8 Breadth First Search

Supponiamo di voler trovare la **distanza** fra due nodi x ed y , denotata $dist(x, y)$, ossia, il numero di archi di un cammino *minimo* fra i due nodi.



Tramite la DFS, è possibile verificare se esiste un cammino fra due nodi x, y , ma non è assicurato il fatto che tale cammino sia minimo, è necessario fare un altro tipo di ricerca, nota come **BFS**, ossia la ricerca in ampiezza.

Si vuole trovare la distanza fra x , ed y , si parte dal nodo x , e si controllano tutti i suoi adiacenti, se fra questi vi sarà y , la distanza sarà 1, altrimenti, sarà strettamente maggiore di 1, e si continuerà cercando fra gli adiacenti di y , evitando i nodi già visitati.

```

BFS(G graph, x node){
    P : vettore di padri inizializzato a -1
    int Dist[n] array lungo  $n = |V(G)|$  inizializzato a 0
    P[x]=x
    Q : coda vuota
    Q.enqueue(x)
    while(Q ≠ ∅){
        v=Q.dequeue()
        for each (w adiacente di v){
            if(P[w]==-1){
                Q.enqueue(w)
                Dist[w]=Dist[v]+1
                P[w]=v
            }
        }
    }
    return Dist, P
}

```

È di facile verifica il fatto che ogni nodo sia controllato una volta, l'algoritmo rientra in una complessità $O(n + m)$.

Proposizione : Sia G un grafo e siano x, y due vertici, $\exists z$ adiacente ad y tale che $dist(x, z) = dist(x, y) - 1$.

Dimostrazione : Se $dist(x, y) = 1$, allora $z = x$. Consideriamo il caso generale, sia P un cammino *minimo* fra x ed y composto da $dist(x, y) = d$ archi. Sia w il vertice adiacente ad y nel cammino P :



Si ha che necessariamente, $dist(x, w) \leq d - 1$, essendo che esiste un cammino da x a w con $d - 1$ archi, ossia $P \setminus \{(w, y)\}$.

Abbiamo che $dist(x, w) \leq d - 1$, se esistesse un cammino più corto da x a w con un numero di archi strettamente minore di $d - 1$, allora tale cammino, unito al vertice (w, y) , diverrebbe un cammino da x ad y con un numero di archi strettamente minore di d , ma per ipotesi, P era già un cammino minimo, ciò è impossibile, quindi $dist(x, w) = d - 1$. ■

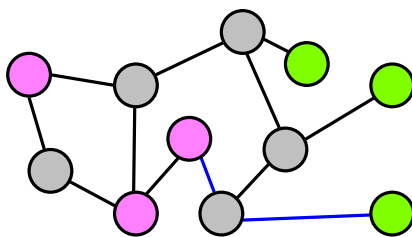
Dimostrazione della correttezza del BFS: Sia $dist(x, y)$ la distanza effettiva fra due nodi x, y , e sia $dist[y]$ la distanza calcolata dall'algoritmo (partendo da x). Si dimostra per induzione su $dist(x, y)$.

- *Caso Base* : $dist(x, y) = 0$ - Se la distanza è 0, $x = y$, e data l'inizializzazione dell'array, si ha che $Dist[y] = 0$.
- *Ipotesi Induttiva* : Assumiamo che per ogni vertice v_i tale che $dist(x, y) = k$, si ha che $Dist[v_i] = k$.
- *Passo Induttivo* : Sia y un vertice, tale che $dist(x, y) = k + 1$, per la proposizione vista in precedenza, $\exists w$ adiacente ad y tale che $dist(x, w) = k \implies Dist[w] = k$, quando tale w sarà primo nella coda durante l'esecuzione dell'algoritmo, essendo y un suo adiacente non ancora visitato, verrà calcolato il suo valore nell'array nel seguente modo: $Dist[y] = Dist[w] + 1$, si avrà che $Dist[y] = k + 1 \implies$ la distanza è calcolata correttamente. ■

1.8.1 Distanza fra Insieme e Distanza tramite Vettore dei Padri

Occupiamoci adesso di presentare due problemi relativi alla ricerca in ampiezza, il primo riguarda la distanza minima fra due insiemi di nodi.

Siano X ed Y due insiemi di nodi, la loro distanza è uguale alla distanza minima nell'insieme delle distanze fra qualsiasi nodo di X e di Y , ossia la distanza minima fra l'insieme delle coppie $X \times Y$.



La distanza fra l'insieme dei nodi rosa e l'insieme dei nodi verdi risulta essere : 2

Una possibile soluzione sarebbe quella di contrarre i due insiemi rendendoli dei vertici a sé stanti, ma per fare ciò bisognerebbe modificare il grafo, è possibile fare ciò in $O(n + m)$, ma risulta complicato, un modo più semplice è quello di considerare una versione differente del BFS che sfrutti una coda, calcolando prima tutti i vicini di ogni nodo appartenente ad uno dei due insiemi.

```
BFS_set(X,Y insiemi di nodi, G graph){
    int Dist[n] inizializzato a -1
    Q : queue
    for each x ∈ X{
        Q.push(x)
        Dist[x]=0
    }
    while(Q ≠ ∅){
        v = Q.pop()
```

```

    for each w adiacente di v {
        if (Dist[w]==-1){
            Dist[w]=Dist[v]+1
            Q.push(w)
        }
    }
}
minimo=∞
for each y ∈ Y{
    minimo = min(Dist[y],minimo)
}
return minimo
}

```

Consideriamo adesso un vettore dei padri riguardante un albero dato come output da un BFS partito da un nodo x , risulta facile trovare la distanza minima fra x ed un qualsiasi nodo y , ma è possibile trovare la distanza fra x e tutti gli altri nodi in tempo lineare? Il seguente algoritmo, è in $O(n)$.

```

Dist_ric(P vettore padri, Dist, y vertice){    // chiamata ricorsiva
    if(P[y]==y){
        Dist[y]=0
        return 0
    }
    if(Dist[y]>0){
        Dist[y]=Dist[P[y]]+1
        return Dist[y]
    }
    Dist[y]=Dist_ric(P,Dist,P[y])+1
    return Dist[y]
}

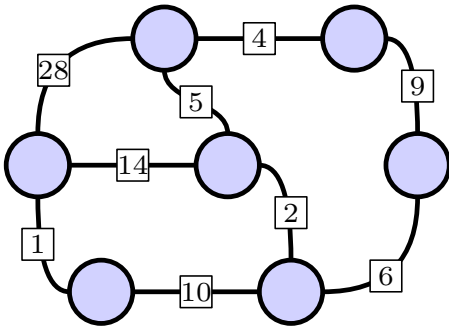
```

Basta poi eseguire tale chiamata per ogni nodo del grafo, inizializzando l'apposito vettore **Dist**, ogni nodo viene controllato una singola volta, per questo è garantita la complessità lineare.

1.9 Grafi Pesati

Consideriamo adesso un nuovo tipo di grafi, che introducono il concetto di **peso sugli archi**, ogni arco del grafo, avrà ad esso associato un numero reale detto, appunto, *peso*, indicato con $w : E(G) \rightarrow \mathbb{R}^+$, rimodellando il concetto di distanza.

In un grafo pesato, si definisce il **peso di un cammino** come la somma dei pesi associati ad ogni arco del cammino, la distanza fra due vertici sarà data dal peso del cammino fra i due vertici con il peso minimo, se il peso di ogni arco è 1, la definizione di distanza coincide con la definizione classica per i grafi non pesati.



Il peso di un cammino P è :
$$\sum_{e \in E(P)} w(e)$$

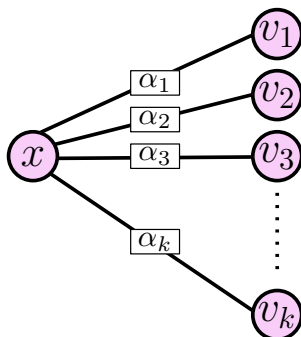
Per poter calcolare correttamente la distanza in un tempo polinomiale è assolutamente necessario che i pesi degli archi siano tutti positivi (si vedrà in seguito un algoritmo a tale scopo).

Osservazione : Se $w : E(G) \rightarrow \mathbb{R}^+$ (i pesi sono positivi), per due qualsiasi vertici x e y , valgono le seguenti:

- $dist(x, x) = 0$
- $dist(x, y) > 0 \iff x \neq y$
- $dist(x, y) \leq dist(x, z) + dist(z, y) \forall z \in V(G)$

Uno dei problemi più noti dei grafi pesati è il calcolo della distanza (pesata) fra due nodi x, y , che da ora in poi denoteremo $dist_w(x, y)$, non è possibile utilizzare un normale BFS per la ricerca, inoltre, si noti come non è possibile nemmeno calcolare la distanza fra un nodo x ed i suoi vicini, in quanto è possibile che $w(x, v_i) \neq dist_w(x, v_i)$, con v_i adiacente di x , si osservi però la seguente.

Proposizione : Sia G un grafo pesato, sia x un nodo e sia $\{v_1, v_2, \dots, v_k\}$ l'insieme dei nodi adiacenti ad x , sia inoltre, $\alpha_i = w(x, v_i) \forall i$. Sia (x, v_j) l'arco con il peso α_j minimo rispetto ai restanti, ebbene si ha che $\alpha_j = w(x, v_j) = dist_w(x, v_j)$.



$$\min(\alpha_1, \dots, \alpha_k) = \alpha_i \iff dist_w(x, v_i) = \alpha_i$$

Dimostrazione : Sia P un qualsiasi altro cammino da x a v_j , che non percorra l'arco (x, v_j) . Necessariamente, in P sarà contenuto almeno un arco (x, v_i) , con $v_i \neq v_j$, quindi $w(P) \geq w(x, v_i)$, ma per ipotesi $w(x, v_j) < w(x, v_i)$, quindi $w(P) \geq w(x, v_j) \implies (x, v_j)$ è il cammino minimo da x a v_j . ■

Questa proposizione può essere generalizzata, sia R un insieme dei vertici per cui è nota la distanza pesata effettiva con un nodo di partenza x . Conoscendo $dist_w(u, x)$ se $u \in R$, vogliamo trovare la distanza fra x ed un nodo $v \notin R$, essa può essere trovata minimizzando il peso di un cammino composto da un cammino fra x ed un nodo u , più un arco (u, v) .

Proposizione : Sia G un grafo pesato ed x un vertice, sia $R \subseteq V(G)$ un insieme di vertici per cui è nota la distanza con x . Sia (u, v) l'arco che *minimizza* il valore $dist_w(x, u) + w(u, v)$ con $u \in R \wedge v \notin R$, si ha che $dist_w(x, v) = dist_w(x, u) + w(u, v)$.



Dimostrazione : Sia P un qualsiasi altro cammino da x a v , partendo da x ed attraversando P , ci sarà ad un certo punto un arco (u', v') , tale che $u' \in R \wedge v' \notin R$.

Consideriamo adesso due sotto-cammini di P , ossia $Q_1 = \{\text{da } x \text{ a } u'\}$, e $Q_2 = \{\text{da } v' \text{ a } v\}$, sarà che $P = Q_1 + (u', v') + Q_2$, ne consegue che $w(P) = w(Q_1) + w(u', v') + w(Q_2)$, per ipotesi $w(Q_1) \geq dist_w(x, u')$ dato che $u' \in R$, e si ha che $w(Q_2) \geq 0$ (sarebbe 0 se e solo se $v' = u'$).

Si ha che $w(Q_1) + w(u', v') \geq dist_w(x, u) + w(u, v)$ in quanto quest'ultima era minimizzata, quindi non esistono cammini con un peso minore, allora $dist_w(x, v) = dist_w(x, u) + w(u, v)$. ■

```
Dijkstra_non_ottimizzato(G graph (pesato), x vert){    // calcola distanze con pesi
    Dist : array lungo  $n = |V(G)|$  inizializzato a 0
    R : Insieme = {x}
    while(R  $\neq$  V(G)){
        min =  $\infty$ 
        min_arco = NULL
        for each (u,v) |  $u \in R \wedge v \notin R$ {
            if(Dist[u]+w(u,v)<min){
                min=Dist[u]+w(u,v)
                min_arco = (u,v)
            }
        }
        R.add(min_arco[1])    // min_arco = (a,b)  $\implies$  min_arco[0]=a  $\wedge$  min_arco[1]=b
        Dist[min_arco[1]]=min
    }
    return Dist
}
```

In *conclusione*, dato un insieme R per cui sono note le distanze da un vertice x , è sempre

possibile trovare un nuovo nodo v di cui sarà nota la distanza, incrementando R , fino a che tale insieme non conterrà tutti i vertici.

Nel ciclo **while** vengono eseguite n iterazioni in quanto R ad ogni iterazione cresce ed è limitato da $V(G)$, all'interno del ciclo, l'operazione **for** costa $n + m$ iterazioni, la complessità totale dell'algoritmo risulta essere $O(n(n + m))$.

```
Dijkstra(G graph (pesato), x vert){
    Dist : array lungo  $n = |V(G)|$  inizializzato a  $\infty$ 
    Dist[x]=0
    R : Insieme = {x}
    P : vettore di padri, P[x]=x
    H : min heap
    for each  $v \in V(G)$ {
        if( $v \neq x$ ){
            H.insert(v, key= $\infty$ )
        }
        else { H.insert(v, key=0) }
    }
    while( $H \neq \emptyset$ ){
        v=H.extract_min()
        Dist[v]=H.key(v)
        R.add(v)
        for each u adiacente di v{
            if(Dist[u]== $\infty$ ){
                Dist[u]=Dist[v]+w(u,v)
                H.update_key(u, Dist[u])
                P[u]=v
            }
            else if( $u \notin R$ ){
                if(Dist[u]>Dist[v]+w(u,v)){
                    Dist[u]=Dist[v]+w(u,v)
                    H.update_key(u, Dist[u])
                    P[u]=v
                }
            }
        }
    }
    return Dist
}
```

È possibile migliorare l'efficienza dell'algoritmo servendosi di un *min heap* per la memorizzazione degli archi, ora la complessità, date le operazioni di aggiornamento sull'heap, risulta essere $O((n + m) \cdot \log n)$.

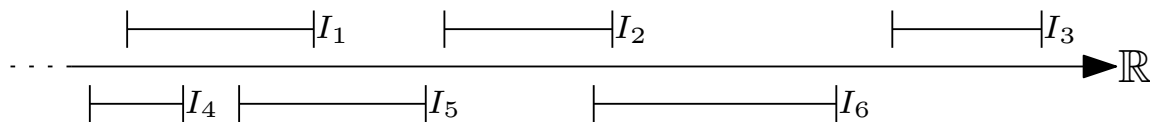
2 Gli Algoritmi Greedy

2.1 Problemi sugli Intervalli

Con algoritmi "greedy", si intende una categoria di algoritmi che si basano sul seguente paradigma: Per trovare la soluzione finale (che rappresenta una soluzione "ottimale") si parte da una soluzione qualsiasi, molto spesso una soluzione "vuota", per poi farla "incrementare" fino a trovare una soluzione finale, algoritmi di questo tipo, sono stati presentati nel corso di [Basi di Dati 1](#).

Si considerano uno ad uno i "passi" per far "crescere" la soluzione, e se essi sono corretti si procede per tale via. Sono quindi algoritmi applicati per problemi di *ottimizzazione*, sebbene tale descrizione risulti ambigua, il concetto verrà reso più chiaro con il prossimo esempio.

Si consideri un insieme di intervalli reali $I_1, I_2, \dots, I_n \in \mathbb{R}$, si vuole trovare un sotto-insieme di intervalli disgiunti, che sia il più grande possibile.



La soluzione iniziale di partenza sarà l'insieme vuoto, indichiamo con S_i la soluzione all' i -esimo passo dell'algoritmo, quindi $S_0 = \emptyset$. Per trovare una soluzione (non necessariamente ottimale), possiamo considerare ad ogni passo gli intervalli dell'insieme, se aggiungendolo alla soluzione, essa rimarrà fattibile (non ci saranno intersezioni), allora verrà aggiunto, e si procederà con il passo successivo.

Alla fine, si arriverà nella situazione in cui non vi sono possibili passi validi, quindi l'algoritmo terminerà, sarà garantito il fatto che la soluzione sia fattibile.

```

Intervalli( Insieme  $I_1, I_2, \dots, I_n$ ) {
    Sol =  $\emptyset$ 
    for each  $i \in 1, 2, \dots, n$  {
        if ( $\forall X \in \text{Sol } I_i \cap X = \emptyset$ ) {
            Sol.add( $I_i$ )
        }
    }
    return Sol
}

```

Tale algoritmo trova sempre una soluzione ma non sempre è ottimale, infatti in una situazione in cui ci sono due intervalli disgiunti ed uno che li interseca entrambi, la considerazione

di quest'ultimo all'inizio dell'algoritmo lo porterà ad essere l'unico intervallo nella soluzione.

Una possibile idea è quella di ordinare gli intervalli in maniera crescente secondo il valore del loro estremo destro. L'algoritmo risulta quindi molto semplice da scrivere:

```

Intervalli_ottimale( Insieme  $I_1 = [a_1, b_1], I_2 = [a_2, b_2] \dots, I_n = [a_n, b_n]$  ) {
    ordina  $I_1, I_2 \dots, I_n$  per il valore di  $b_i$  in maniera crescente
    Sol =  $\emptyset$ 
    for each  $i \in 1, 2, \dots, n$  {
        if ( $\forall X \in \text{Sol } I_i \cap X = \emptyset$ ) {
            Sol.add( $I_i$ )
        }
    }
    return Sol
}

```

Una caratteristica comune degli algoritmi greedy è che sono semplici da scrivere, ma risulta lunga la dimostrazione della loro correttezza. Ebbene, abbiamo dato per scontato che questo algoritmo funzioni senza dare spiegazioni, procediamo con la dimostrazione della correttezza. Per dimostrarla, è possibile dimostrare una proposizione più "forte", che implica la correttezza dell'algoritmo.

Proposizione ★ : Sia Sol_i il valore di **Sol** all' i -esima iterazione del ciclo **for** dell'algoritmo, e sia Sol^* una qualsiasi soluzione ottimale, si ha che, $\forall i \in \{0, 1 \dots, n\} Sol_i \subseteq Sol^*$

Se la proposizione fosse vera, allora esisterebbe una soluzione ottimale Sol^* che conterrebbe Sol_n , ossia l'output dell'algoritmo, bisogna dimostrare che $Sol^* \subseteq Sol_n$.

Dimostrazione $Sol^* \subseteq Sol_n$: Supponiamo che ciò non sia vero, esiste quindi un elemento I_i in Sol^* che non fa parte di Sol_n

$$\exists I_i \in Sol^* | I_i \notin Sol_n$$

So che :

$$\forall X \in Sol^*, I_i \cap X = \emptyset \implies \forall X \in Sol_n, I_i \cap X = \emptyset$$

All' i -esimo passo dell'algoritmo, nel ciclo **for** è stato considerato I_i , e **non è stato incluso** in $Sol_i \subseteq Sol_n$, avevamo detto che I_i è disgiunto da ogni elemento di Sol_n , e questa condizione è sufficiente per far sì che esso venga incluso nell'algoritmo.

$$\begin{cases} S_i \subseteq S_n \\ I_i \cap X \neq \emptyset \text{ per qualche } X \in Sol_i \\ \forall X \in Sol_n, I_i \cap X = \emptyset \end{cases} \implies \text{contraddizione} \blacksquare$$

La seguente dimostrazione, seguirà un procedimento comune fra le dimostrazioni degli algoritmi greedy:

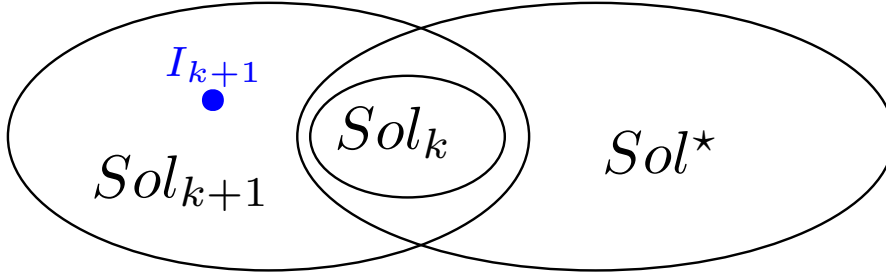
Dimostrazione ★ : Si procede per induzione su $i :=$ passo dell'algoritmo.

- Caso base $\boxed{i = 0}$: $Sol_0 = \emptyset \subseteq Sol^*$
- Ipotesi induttiva $\boxed{i = k}$: supponiamo che $\exists Sol^*$ ottimale tale che $Sol_k \subseteq Sol^*$

Procediamo con il *passo induttivo* $\boxed{i = k + 1}$: Ci sono due possibili casi:

$$\begin{cases} Sol_{k+1} = Sol_k \\ Sol_{k+1} = Sol_k \cup \{I_{k+1}\} \end{cases}$$

Il primo caso è banale, prendiamo in considerazione il secondo caso $Sol_{k+1} = Sol_k \cup \{I_{k+1}\}$, sappiamo per certo che I_{k+1} si interseca con *almeno* un elemento di Sol^* , altrimenti $Sol^* \cup \{I_{k+1}\}$ sarebbe una soluzione più grande di Sol^* , che per ipotesi è già ottimale.



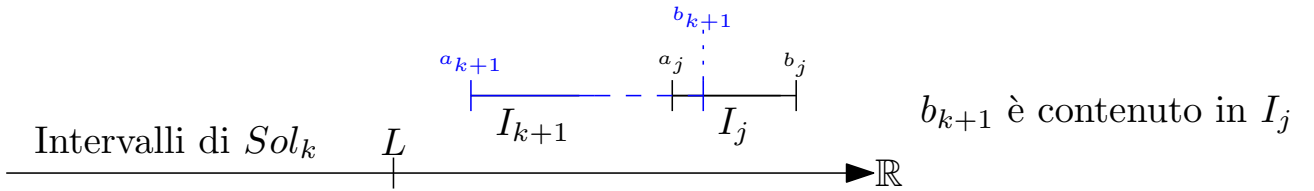
Sia $I_j = [a_j, b_j]$ l'intervallo di Sol^* che si interseca con I_{k+1}

$$[a_j, b_j] \cap [a_{k+1}, b_{k+1}] \neq \emptyset$$

Si noti come I_j , non essendo stato considerato durante l'esecuzione dell'algoritmo fino al passo $k + 1$, dato l'ordinamento in base agli estremi dell'intervallo, si può affermare come $b_j > b_{k+1}$, sia poi L il numero reale massimo che compare in Sol_k , definito nel seguente modo

$$L = \max\left\{ \bigcup_{I \in Sol_k} \{I\} \right\}$$

Siccome $b_{k+1} > L$ e I_{k+1} è disgiunto dagli elementi di Sol_k , si ha che $a_j > L$



Il fatto è, che I_{k+1} si interseca con I_j , ma con nessun altro elemento di Sol^*

$$\forall [a_{j'}, b_{j'}] \in Sol^* | j' \neq j, I_{j'} \cap I_{k+1} = \emptyset$$

Questo fatto è chiaro in quanto ogni $[a_{j'}, b_{j'}]$ in Sol^* non si interseca con $[a_j, b_j]$, si ha che $b_{k+1} \in I_j$, e $a_{j'} > b_{k+1}$. Giungiamo alla *conclusione* che, essendo qualsiasi intervallo $I_{j'}$ di Sol^* disgiunto da I_{k+1} , possiamo **sostituire** I_j con I_{k+1} in Sol^*

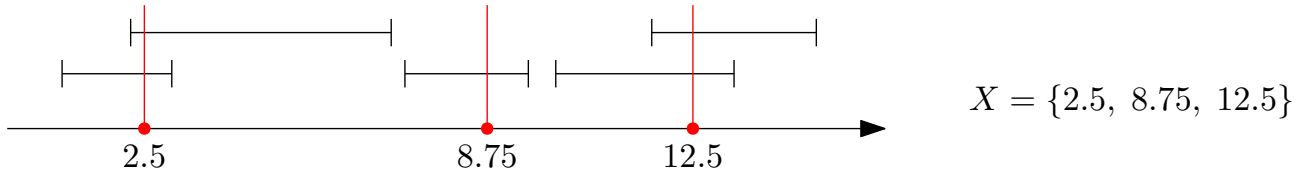
$$T = (Sol^* \setminus \{I_j\}) \cup \{I_{k+1}\}$$

Tale nuovo insieme T , ha la stessa cardinalità di Sol^* , inoltre tutti gli intervalli in esso contenuti sono disgiunti, T è quindi una *soluzione ottimale* che contiene Sol_{k+1} , dimostrando la

proposizione. ■

Consideriamo adesso un altro problema relativo agli intervalli, come input, si ha sempre un insieme di intervalli I_1, I_2, \dots, I_n . Consideriamo un insieme di numeri reali X , con la seguente proprietà: Tutti gli intervalli si intersecano con almeno un elemento di X , ossia

$$X \cap [a_i, b_i] \neq \emptyset \quad \forall i \in \{1, 2, \dots, n\}$$



Si vuole trovare un numero minimale di reali che si intersechino con tutti gli intervalli, ossia minimizzare la cardinalità di questo insieme X , è possibile ordinare gli intervalli in maniera crescente secondo il valore di b_i , ossia l'estremo maggiore dell' i -esimo intervallo, e considerare questo elemento come candidato da aggiungere in X , aggiungendoli ad ogni passo quando necessario.

```
Min_point_interaset( I := {[a1, b1], [a2, b2] ... , [an, bn]} ) {
  I := ordina_secondo_gli_estremi_destri(I)
  Sol = {}
  for(int i = 0; i < n; i++) {
    if( Sol ∩ [ai, bi] == {} ) {
      Sol.add(bi)
    }
  }
  return Sol
}
```

Vogliamo adesso dimostrare la correttezza di tale algoritmo, per costruzione, sicuramente l'output si intersecherà con tutti gli intervalli, ma non è sicuro che sia minimale.

Proposizione ★ : Sia Sol_i il valore di **Sol** all' i -esima iterazione del ciclo **for** dell'algoritmo, e sia Sol^* una qualsiasi soluzione ottimale, si ha che, $\forall i \in \{0, 1, \dots, n\} \quad Sol_i \subseteq Sol^*$

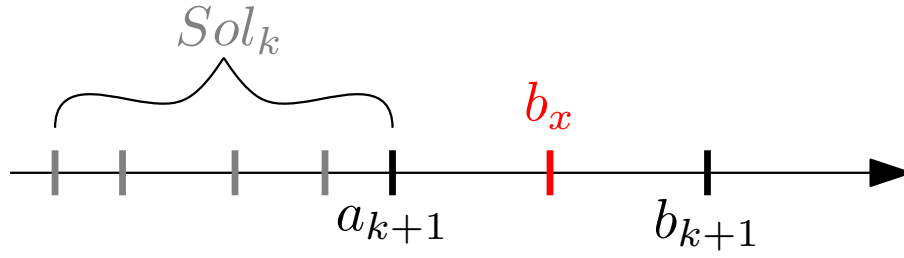
Dimostrazione ★ : Si procede per induzione su $i :=$ passo dell'algoritmo.

- Caso base $\boxed{i = 0}$: $Sol_0 = \emptyset \subseteq Sol^*$
- Ipotesi induttiva $\boxed{i = k}$: supponiamo che $\exists Sol^*$ ottimale tale che $Sol_k \subseteq Sol^*$

Procediamo con il *passo induttivo* $\boxed{i = k + 1}$: Abbiamo che

$$Sol_{k+1} = Sol_k \cup \{b_{k+1}\}$$

Se b_{k+1} non è presente in Sol^* , allora deve esistere un punto b_x che copre in Sol^* gli intervalli che intersecano con b_{k+1} , ed ovviamente $b_x \notin Sol_k$.



Qualsiasi intervallo $[a_j, b_j]$ dove $j \leq k+1$ è coperto dai punti in $Sol_k \cup \{b_{k+1}\}$, per o restanti intervalli, dove $j > k+1$

- Se $x \in [a_j, b_j]$
- Essendo che $b_j \geq b_{k+1}$
- E che $b_x \leq b_{k+1}$
- Allora $b_{k+1} \in [a_j, b_j]$

Ciò significa che **ogni** intervallo di Sol^* che interseca *esclusivamente* con il punto b_x , interseca anche con b_{k+1} , questo significa che, è possibile sostituire b_x con b_{k+1} in Sol^*

$$T = (Sol^* \setminus \{b_x\}) \cup \{b_{k+1}\}$$

L'insieme T ha punti che si intersecano con tutti gli intervalli, inoltre ha la stessa cardinalità di Sol^* , che era una soluzione ottimale. T è una soluzione ottimale che contiene Sol_{k+1} , dimostrando la proposizione. ■

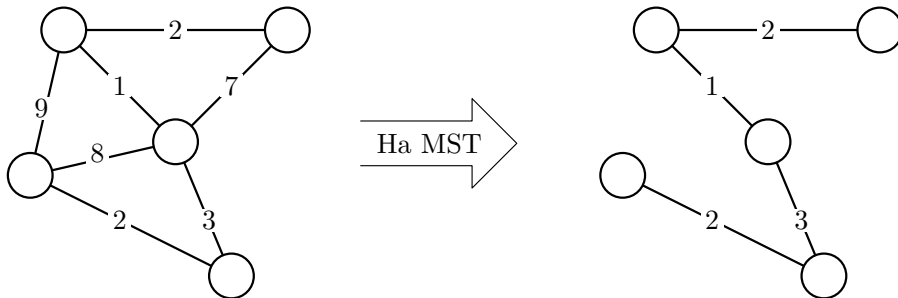
2.2 Minimum Spanning Tree

2.2.1 L'algoritmo di Kruskal

Sia G un grafo (connesso) non diretto con pesi $w : E(G) \rightarrow \mathbb{R}^+$ sugli archi, sia H un sottografo di G , si ricordi come il peso di un sottografo equivale a

$$w(H) = \sum_{e \in E(H)} w(e)$$

Si vuole trovare un sottografo H di G di **peso minimo** che sia un albero (quindi connesso ed aciclico), e che contenga tutti i nodi dell'albero $V(G) = V(H)$, tale albero è detto *MST* (*Minimum Spanning Tree*), e non è detto che ve ne sia solamente uno.



Proposizione : Un sottografo connesso H di peso minimo, che contiene tutti i vertici, sarà sempre un albero.

Dimostrazione : Essendo connesso, bisogna verificare che non abbia cicli. Assumiamo per assurdo che nel sottografo connesso di peso minimo H vi sia un ciclo C , ogni arco di C ha peso positivo.

Considero il sottografo H' identico ad H , ma dalla quale viene cancellato un arco di C , tale H' è ancora connesso, e contiene tutti i vertici, avendo tolto un arco con peso positivo, si ha che $w(H') < w(H)$, ma per ipotesi H era di peso minimo, quindi non può avere cicli. ■

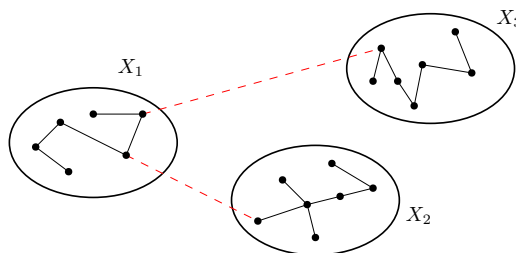
Si vuole trovare un algoritmo greedy in grado di restituire l'MST di un grafo connesso, la soluzione sarà data sottoforma di insieme di archi. Come punto di partenza nell'algoritmo, è possibile partire da un arco di peso minimo.

```
Kruskal(G grafo pesato){
    Ordina archi  $\{e_1, e_2, \dots, e_n\}$  per il peso in maniera crescente
    Sol =  $\emptyset$ 
    for (i=0; i<= n; i++){
        if( Sol  $\cup$   $e_i$  non ha un ciclo){
            Sol.add( $e_i$ )
        }
    }
}
```

L'algoritmo è semplice, si continuano ad aggiungere gli archi di peso minore, escludendo quelli che creano cicli, fino a connettere tutti i vertici del grafo.

Proposizione : L'output dell'algoritmo di **Kruskal** è un grafo connesso.

Dimostrazione : Assumiamo per assurdo che l'output formato dagli archi di **Sol** non sia connesso, la soluzione sarà frammentata in diverse componenti connesse X_1, X_2, \dots, X_k . Il fatto è che il grafo originale in input è connesso, quindi esiste un arco che collega 2 componenti connesse, che se aggiunto non creerebbe cicli.



Tale arco è stato considerato nell'algoritmo, ma non selezionato, quindi l'algoritmo non è stato eseguito correttamente. ■

Corollario : L'albero dato in output dall'algoritmo di **Kruskal** è un albero di copertura.

Adesso bisogna dimostrare che la soluzione sia ottimale, dimostreremo, come nel caso dell'algoritmo precedente, una proposizione più "forte" che ne implica la correttezza.

Proposizione ★ : Sia Sol_i il valore dell'insieme Sol all' i -esima iterazione nell'algoritmo, si ha che, $\forall i, \exists$ una soluzione ottimale Sol^* tale che $Sol_i \subseteq Sol^*$.

Sia Sol_n l'output dell'algoritmo, per la proposizione, esiste una soluzione ottimale che contiene Sol_n , ma quest'ultimo è già un albero di copertura, quindi $|Sol_n|$ è una soluzione ottimale, se ★ è vera, l'algoritmo è corretto.

Dimostrazione ★ : Si procede per induzione su $i :=$ passo dell'algoritmo.

- Caso base $\boxed{i = 0}$: $Sol_0 = \emptyset \subseteq Sol^*$
- Ipotesi induttiva $\boxed{i = k}$: supponiamo che $\exists Sol^*$ ottimale tale che $Sol_k \subseteq Sol^*$

Procediamo con il *passo induttivo* $\boxed{i = k + 1}$: Ci sono due possibili casi:

$$\begin{cases} Sol_{k+1} = Sol_k \text{ (banale, non necessita di dimostrazione)} \\ Sol_{k+1} = Sol_k \cup \{e_{k+1}\} \end{cases}$$

Aggiungendo e_{k+1} a Sol^* , stiamo aggiungendo un arco ad un albero di copertura, creando un ciclo C , essendo che Sol_k non aveva cicli, esiste un arco $f \in C$ che non fa parte di Sol_k , ma fa parte di Sol^* .

Dato che l'algoritmo considera gli archi in ordine in base al loro peso, l'arco f , non essendo ancora stato considerato nell'algoritmo, ha peso $w(f) \geq w(e_{k+1})$, possiamo sostituire f con e_{k+1} in Sol^* , ottenendo

$$T = (Sol^* \setminus \{f\}) \cup \{e_{k+1}\}$$

T è ancora un albero di copertura, in quanto l'arco f che viene rimosso fa parte di un ciclo, inoltre T è aciclico in quanto C era l'unico ciclo presente in $Sol^* \cup \{e_{k+1}\}$.

Essendo che il peso di e_{k+1} è minore o uguale al peso di f , si ha che il peso di T è minore o uguale al peso di Sol^* , quest'ultima però, era una soluzione ottimale di peso minimo, quindi $w(T) = w(Sol^*)$, allora T è una soluzione ottimale che contiene e_{k+1} , dimostrando così la proposizione. ■

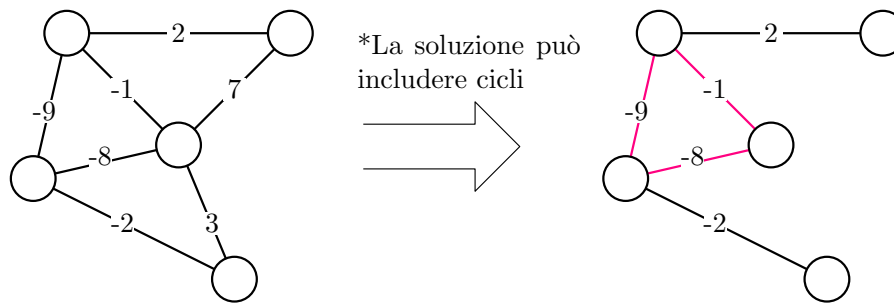
Vediamo adesso un problema simile la cui soluzione segue direttamente dall'algoritmo appena visto, si vuole trovare il sottografo di peso minimo di un grafo pesato, con pesi sia positivi che negativi

$$w : E(G) \rightarrow \mathbb{R}$$

In questo caso, è possibile che tale sottografo non sia un albero, data la presenza di cicli.

Proposizione : Tutti gli archi di peso negativo saranno presenti nel sottografo.

Data la seguente proposizione la soluzione risulta banale, basterà includere nella soluzione tutti gli archi di peso negativo, per poi eseguire il già visto algoritmo di Kruskal sui rimanenti archi di peso positivo fino ad includere ogni vertice del grafo.



```

Kruskal.Neg(G grafo pesato){
  Sol = { e tale che  $w(e) < 0$  }
  Ordina archi  $\{e_1, e_2, \dots, e_n\}$  per il peso in maniera crescente
  Rimuovi da G gli archi di peso negativo
  for (i=0; i<= n; i++){
    if(  $e_i = (x, y) \wedge \neq$  un cammino  $x \rightarrow y$  in Sol ){
      Sol.add( $e_i$ )
    }
  }
}

```

2.2.2 L'algoritmo di Prim

Vediamo un secondo algoritmo dedito all'estrazione di un MST da un grafo pesato con pesi strettamente positivi, l'idea è la seguente, considero ogni volta l'arco di peso minimo che collega un vertice della soluzione ad un vertice che non è stato ancora incluso, e lo aggiungo, fino ad includere tutti i vertici, tale algoritmo è simile all'algoritmo di Dijkstra 1.9.

```

Prim(G grafo pesato){
  x = vertice qualsiasi
  Vis[n]={0,0...,0}    // array inizializzato a zero dove  $n = |V(G)|$ 
  Vis[x]=1
  Sol =  $\emptyset$ 
  while( $\exists w \in V(G)$  tale che  $Vis[w]=0$  ){    // un vertice non ancora visitato
    (u,v)= arco di peso minimo tale che  $Vis[u]=1 \wedge Vis[v]=0$ 
    Vis[v]=1
    Sol.add((u,v))
  }
  return Sol
}

```

Proposizione : L'insieme `Sol` output dell'algoritmo è sempre un albero di copertura.

Dimostrazione : L'algoritmo termina quando non un vertice non ancora visitato, quindi l'output conterrà ogni vertice di G , inoltre, ogni arco viene aggiunto nella soluzione esclusivamente se connette un nodo già visto ad un nodo ancora non considerato, rendendo la soluzione priva di cicli, mantenendola connessa. ■

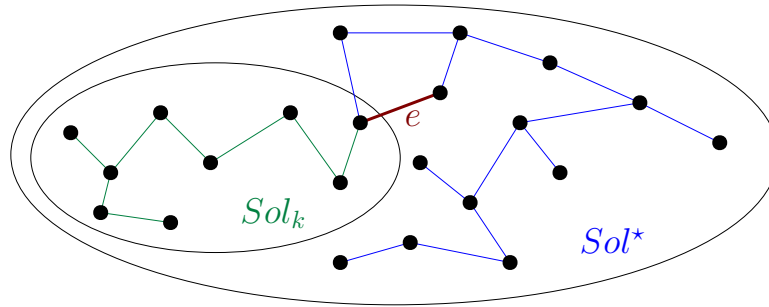
Proposizione ★ : Sia Sol_i il valore dell'insieme Sol all' i -esima iterazione nell'algoritmo, si ha che, $\forall i, \exists$ una soluzione ottimale Sol^* tale che $Sol_i \subseteq Sol^*$.

Dimostrazione ★ : Si procede per induzione su $i :=$ passo dell'algoritmo.

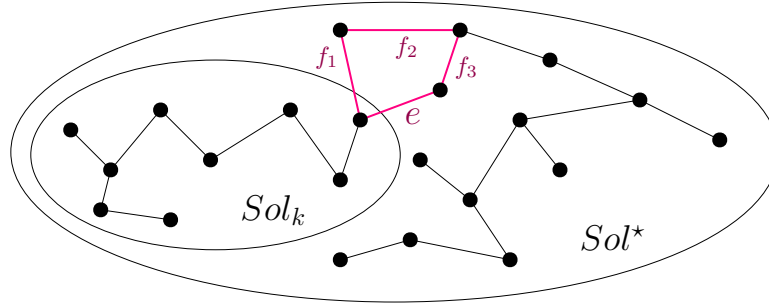
- Caso base $i = 0$: $Sol_0 = \emptyset \subseteq Sol^*$
- Ipotesi induttiva $i = k$: supponiamo che $\exists Sol^*$ ottimale tale che $Sol_k \subseteq Sol^*$

Procediamo con il *passo induttivo* $i = k + 1$: L'insieme Sol_k è un albero contenuto in Sol^* , si ha che

$$Sol_{k+1} = Sol_k \cup \{e\}$$



Tale arco e collega un vertice di Sol_k ad un vertice di $Sol^* \setminus Sol_k$, e non è presente in Sol^* . Seguendo il procedimento già visto nelle dimostrazioni di questo tipo, so che devo sostituire in Sol^* un arco con e , tale arco crea un singolo ciclo C in $Sol^* \cup \{e\}$



Vediamo come $C \setminus \{e\}$ è un cammino da un vertice che è in Sol_k , ad un vertice che ne è fuori, ciò significa che in $C \setminus \{e\}$ deve necessariamente esistere un arco $f = (u', v')$ tale che

$$v' \notin Sol_k \wedge u' \in Sol_k$$

Siccome l'arco f non è ancora stato considerato nell'algoritmo, data la sua costruzione sappiamo che $w(f) \geq w(w)$, quindi è possibile sostituire questi due in Sol^* considerando

$$T = (Sol^* \setminus \{f\}) \cup \{e\}$$

Si ha che T è un albero di copertura con $w(t) \leq w(Sol^*)$, essendo Sol^* ottimale, si ha che $w(t) = w(Sol^*)$, quindi T è una soluzione ottimale che contiene Sol_{k+1} , dimostrando così la proposizione. ■

3 Algoritmi Divide et Impera

Gli algoritmi *Divide et Impera*, sono quegli algoritmi che consistono nel suddividere il problema principale in due o più sotto-problemi da risolvere ricorsivamente, per ottenere delle soluzioni parziali da "ricomporre", ottenendo la soluzione principale. Un classico esempio di algoritmo di questo tipo è il *Merge Sort*, già visto nel corso di [Algoritmi 1](#).

Gli algoritmi ricorsivi di questo tipo hanno un costo computazionale descritto da un relazione di ricorrenza, il già citato *Merge Sort* divide il problema in due sotto-problemi, e ad ogni passo ricorsivo, il costo per ricomporre la soluzione è lineare, il costo complessivo dell'algoritmo è descritto dalla relazione:

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

È possibile determinare rapidamente il costo computazionale, data una relazione di ricorrenza, grazie al seguente enunciato.

3.0.1 Teorema Principale

Enunciato : Sia $T(n)$ una relazione di ricorrenza del tipo

$$T(n) = a \cdot T\left(\frac{n}{b}\right) + f(n)$$

Dove $a \geq 1$, $b \geq 1$, e f è una funzione che descrive il costo ad ogni passo ricorsivo, Valgono le seguenti:

- **Caso 1** : Se

- $f(n) = \theta(n^c)$
- c è un numero reale tale che $c < \log_b(a)$

Allora $T(n) = \theta(n^{\log_b(a)})$.

- **Caso 2** : Se

- $f(n) = \theta(n^c \cdot \log^k(n))$
- $c = \log_b(a)$
- $k \geq 0$

Allora $T(n) = \theta(n^c \cdot \log^{k+1}(n))$.

- **Caso 3** : Se

- $f(n) = \theta(n^c)$
- c è un numero reale tale che $c > \log_b(a)$

Allora $T(n) = \theta(n^c)$.

3.1 Problemi sui Vettori

3.1.1 Problema del Massimo Sotto-array

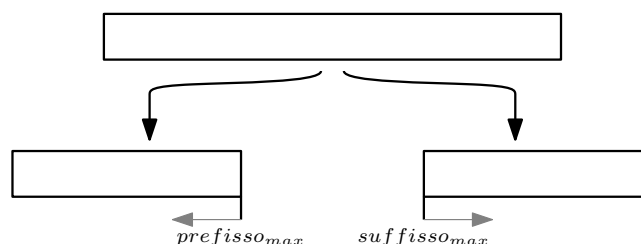
Consideriamo il seguente problema : Dato A un array di numeri interi, si vuole trovare un sotto-array, della forma $A[i : j]$, con $j < i$, che massimizzi la somma degli elementi.

Supponiamo di voler utilizzare la "forza bruta", e di controllare ogni singolo sotto-array, ciò rientrerebbe in una complessità $O(n^2)$.

```
Max_sub_vector(A : array){    // Versione forza bruta
    Sol=0
    for(int i = 0;i<n;i++){
        Somma = 0
        for(int j = i;j<n;j++){
            Somma+=A[j]
            Sol = max(Sol,Somma)
        }
    }
    return Sol
}
```

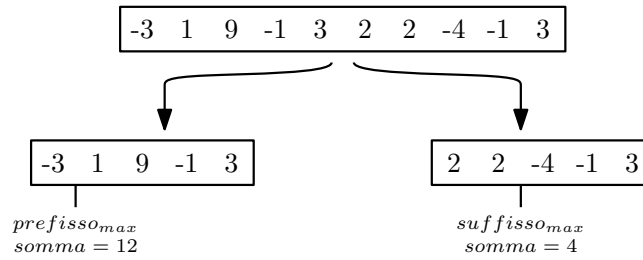
Pensiamo adesso ad un algoritmo Divide et Impera che possa trovare la soluzione in tempo minore, per ottenere un costo minore di $O(n^2)$, dal teorema principale 3.0.1 sappiamo che l'"overhead" ad ogni passo ricorsivo deve essere *lineare*.

L'array viene diviso in due sotto-array, eseguendo la chiamata ricorsiva su entrambe le metà, ottenendo il valore massimo per la metà destra, ed il valore massimo per la metà sinistra, il punto è che bisogna anche considerare i possibili sotto-array "a cavallo" fra le due metà. Ovviamente il caso base è raggiunto quando il sotto-array considerato è composto da un solo elemento.



Proposizione : Un qualsiasi sotto-array "a cavallo" fra i due sarà composto da un prefisso ed un suffisso rispetto la metà dell'array iniziale. Il sotto-array "a cavallo" di somma massima sarà composto dal prefisso massimo ed il suffisso massimo.

Partendo quindi dal centro, si sposterà il prefisso a sinistra (ed il suffisso a destra) controllando il valore della somma degli elementi nel range $A[pref_{max} : m]$ e $A[m + 1 : suff_{max}]$, fino a trovare la somma massima.



```

Max_sub_vector(A : array){    // Versione divide et impera
    if(A.length()==0){ return 0 }    // caso base
    if(A.length()==1){ return max(0,A[0]) }    // caso base
    m=A.length()/2
    max1 = Max_sub_vector(A[0 : m])
    max2 = Max_sub_vector(A[m+1 : A.length()-1])
    pref_max = 0
    suff_max = 0
    Somma = 0
    for(int i = m;i >=0; i-- ){    // trovo il prefisso massimo
        Somma+=A[i]
        pref_max = max(pref_max,Somma)
    }
    Somma = 0
    for(int i = m+1;i < A.length()-1; i++ ){    // trovo il suffisso massimo
        Somma+=A[i]
        suff_max = max(suff_max,Somma)
    }
    somma_a_cavallo=suff_max+pref_max
    return max(somma_a_cavallo, max1, max2)
}

```

La complessità dell'algoritmo è descritta dalla relazione di ricorrenza

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

Per il teorema principale 3.0.1 risulta che

$$a = 2 \quad b = 2 \quad f(n) = O(n) = n^{\log_2(2)} \cdot \log^0(n)$$

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

Consideriamo adesso il seguente problema, sia A un array ordinato di lunghezza *dispari*, i cui valori di A , occorrono 1 oppure 2 volte.

1	2	2	4	4	5	6	6	8
---	---	---	---	---	---	---	---	---

Si vuole trovare un algoritmo che agisca in $O(\log n)$, che trovi un qualsiasi elemento che occorre una sola volta. La presenza di tale elemento è garantita dal fatto che l'array sia di lunghezza dispari.

Come primo passo, è possibile controllare l'elemento centrale dell'array in input, se esso è diverso da entrambi i suoi vicini, allora sarà un elemento che occorre una volta, altrimenti sarà necessario procedere con il passo ricorsivo su *una delle due metà* dell'array in input.

Se l'elemento alla sinistra del centro è identico al centro, seleziono la metà sinistra se il centro è un elemento pari, altrimenti la destra.

```

Occ_singola( A : array ordinato di lunghezza dispari){
    if(A.length()==1){
        return A[0]
    }
    m = A.length()/2
    if( (A[m]≠A[m-1]) ∧ (A[m]≠A[m+1]) ){
        return A[m]
    }
    if( A[m] == A[m-1] ){
        if (m%2==0) { return Occ_singola(A[0:m]) }
        else { return Occ_singola(A[m+1:A.length()]) }
    }
    else{
        if (m%2==0) { return Occ_singola(A[m+2:A.length()]) }
        else { return Occ_singola(A[0:m-1]) }
    }
}

```

Il costo è ovviamente $O(\log n)$, verificabile anche con il teorema principale 3.0.1.

3.1.2 Elemento Maggioritario

In un array, un *elemento maggioritario*, o *majority element*, è quel valore x tale che, per più di $n/2$ indici i , vale che $A[i] = x$, ossia un elemento che occorre nell'array in più di $n/2$ posizioni, dove n è la lunghezza dell'array.

82	x	-9	x	6	x	44	x	x
----	---	----	---	---	---	----	---	---

Si vuole trovare un algoritmo di costo computazionale $O(n \cdot \log n)$ che stabilisca se in un dato array, è presente o no un majority element.

Proposizione : Se in $A[0 : n]$ è presente un valore x che sia majority element, allora, anche tale x sarà anche majority element di una delle sue metà, ossia di $A[0 : n/2]$ o $A[n/2 + 1 : n]$.

Data tale proposizione, sarà facile stabilire l'elemento maggioritario, dividendo in due l'array iniziale ed avviando la ricorsione su entrambe le metà, se esse restituiscono due majority element distinti, allora quello effettivo sarà l'elemento che occorre più volte.

```

Majority_Element( A : array ) {
    if(A.length()==1){ return A[0] }
    if(A.length()==0){ return NULL }
    if(A.length()==){
        if(A[0]==A[1]){ return A[0] }
        else{ return NULL }
    }
    m=A.length()/2
    c1=Majority_Element(A[0:m])
    c2=Majority_Element(A[m+1:A,length()-1])
    count=0
    for(int i = 0;i < A.length(); i++){
        if(A[i]==c1){ count++ }
    }
    if (count > A.length()/2){ return c1 }
    count=0
    for(int i = 0;i < A.length(); i++){
        if(A[i]==c2){ count++ }
    }
    if (count > A.length()/2){ return c2 }
    return NULL
}

```

La complessità dell'algoritmo è descritta dalla relazione di ricorrenza

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

Per il teorema principale 3.0.1 risulta che

$$a = 2 \quad b = 2 \quad f(n) = O(n) = n^{\log_2(2)} \cdot \log^0(n)$$

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

3.1.3 Distanza Minima fra due Punti

Consideriamo il seguente problema, vi è un insieme di punti p_1, p_2, \dots, p_n , si vuole trovare la coppia di punti p_i, p_j la cui distanza è minima rispetto tutte le altre distanze. Se volessimo controllare tutte le distanze per ricavarne la minima, dovremmo controllare $\binom{n}{2}$ coppie di punti, facendo sì che la complessità dell'algoritmo sia $O(n^2)$.

Non è stato però specificato, a quale spazio vettoriale appartengano i punti, consideriamo il caso più semplice in cui i punti appartengono ad \mathbb{R} . In questo caso, è possibile ordinarli in tempo $O(n \log n)$, per poi controllare ogni punto dell'array con i suoi adiacenti in tempo lineare.

```
Dist_Min_in_ℝ(  $x_1, x_2 \dots x_n$  ) {
    Ordina i punti  $x_1, x_2 \dots x_n$ 
    Sol =  $\infty$ 
    for(int i=2; i≤n; i++){
        Sol = min(Sol,  $x_i - x_{i-1}$ )
    }
    return Sol
}
```

Supponiamo però che i punti appartengano ad \mathbb{R}^2 , in questo caso, non è possibile ordinare i punti, o meglio, ordinandoli secondo il valore dell'ascissa, oppure dell'ordinata, non implica necessariamente una vicinanza rispetto le loro distanze.

Si vuole trovare un algoritmo che operi in $O(n \log n)$, seguendo un approccio divide et impera. Si divide quindi in due parti l'array in input, separando i punti in due metà del piano, si trovano le rispettive distanze minime delle due metà ricorsivamente, per poi cercare di trovare la distanza minima considerando anche quelle "a cavallo", ossia dei punti appartenenti a due metà differenti.



In figura, la linea blu rappresenta la linea di separazione in due partizioni dell'array di punti in input, mentre d_1 e d_2 sono le distanze minime rispettivamente della prima e della seconda metà.

Si noti come, per controllare le distanze "a cavallo" fra le due metà, non serve controllare tutto il piano, ma esclusivamente una fascia (nella figura, evidenziata in blu) i cui punti distano dalla riga di separazione, al più d , dove d è la distanza minima fra le due distanze calcolate nelle due metà (nell'esempio in figura, $d = d_2$).

È ovvio che due punti fra le due metà che non si trovano nella fascia, saranno distanti almeno quanto la distanza minima calcolata in una delle due metà, sarà quindi inutile considerarli, in quanto stiamo cercando una distanza più piccola rispetto alle due minime già calcolate.

A questo punto bisogna calcolare le distanze nella fascia, si noti come non è efficiente controllare tutte le possibili coppie di punti nella fascia, in quanto tale controllo potrebbe richiedere un costo computazionale quadratico, e non lineare, bisogna quindi procedere in maniera differente.

L'idea è la seguente: Supponiamo di dividere le due fasce in quadranti di eguale dimensione, ossia $d/2 \times d/2$, nella maniera seguente:

$$d = \min(d_1, d_2) = d_2$$

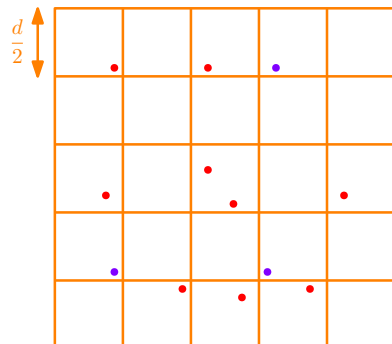


Proposizione : Non esistono due punti che sono contenuti nello stesso quadrante.

La dimostrazione è banale, se fossero contenuti nello stesso quadrante, si troverebbero anche nella stessa metà, e la loro distanza, può essere al più quanto la diagonale di un quadrante, che equivale a $\sqrt{(d/2)^2 + (d/2)^2} = \frac{d}{\sqrt{2}}$, e tale distanza è minore di d , che era la distanza minima fra due punti nelle due metà, è quindi impossibile.

Osservazione : Due punti possono avere una distanza minore di d , esclusivamente se si trovano ad 1 oppure 2 quadranti di distanza.

Tale osservazione segue dal fatto che i quadranti sono $d/2 \times d/2$, quindi due punti possono avere una distanza minore di d esclusivamente se i quadranti in cui si trovano sono adiacenti, o sono separati da al più un altro quadrante.



Si noti come i punti rossi, hanno una distanza fra loro minore di d , mentre i punti viola hanno una distanza maggiore di d

A questo punto, posso ordinare tutti i punti presenti nella fascia blu in base al valore delle x ed in base al valore delle y , in tale modo, essendo che ogni punto è in quadrante diverso, se $|i - j| > 11$, i punti (x_i, y_i) e (x_j, y_j) avranno una distanza strettamente maggiore di d .

Dato l'ordinamento, se due punti hanno una distanza minore di d , si troveranno al più ad 11 indici di distanza nell'array, quindi per ogni punto nella fascia, verrà calcolata la distanza fra esso e gli 11 punti nella fascia che lo seguono, tale controllo costa $O(11 \cdot n) = O(n)$, non ha quindi costo quadratico.

L'algoritmo è il seguente, la funzione `dist` utilizzata, calcola la distanza euclidea L_2 .

```

Dist_Min_in_ℝ²( (x₁, y₁), (x₂, y₂) ... (xₙ, yₙ) ) {
    if(n==1){return NULL}      // caso base
    if(n==2){return dist((x₁, y₁), (x₂, y₂))}    // caso base
    ordina i punti per i valori delle x      // O(n log n)
    dL = Dist_Min_in_ℝ²( (xᵢ, yᵢ) con i = 1, 2...n/2 )    // metà sinistra
    dR = Dist_Min_in_ℝ²( (xᵢ, yᵢ) con i = n/2 + 1, n/2 + 2...n )    // metà destra
    d = min(dL, dR)
    mid = xₙ/₂      // il punto medio della fascia
    fascia = {}
    for(int i = 0; i ≤ n; i++){
        if(mid-d ≤ xᵢ ≤ mid+d ){ fascia.add((xᵢ, yᵢ)) }    // è nella fascia
    }
    ordina i punti della fascia per i valori delle y      // O(n log n)
    minDist = d
    for(int i = 0; i ≤ fascia.length(); i++){
        for(int j = 1; j ≤ 11; j++){      // ogni punto con gli 11 successivi
            currentDist = dist((xᵢ, yᵢ), (xᵢ₊ⱼ, yᵢ₊ⱼ))
            minDist = min( minDist, currentDist )
        }
    }
    return minDist
}

```

La complessità dell'algoritmo è descritta dalla relazione di ricorrenza

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

Per il teorema principale 3.0.1 risulta che

$$a = 2 \quad b = 2 \quad f(n) = \theta(n^c \cdot (\log n)^k) \quad c = \log_b a \quad k = 1$$

$$T(n) = O(n \cdot (\log n)^2)$$

4 Programmazione Dinamica

Con *programmazione dinamica*, si intende quel paradigma di progettazione di algoritmi, che, allo scopo di trovare una soluzione finale ad un problema, considera una serie di sotto-problemi minori che saranno poi utili alla decisione della già citata soluzione finale. Per rendere chiaro il concetto, vediamo un esempio di applicazione.

4.1 Problema dello Spazio Libero

Si consideri il seguente problema, vi è un disco fisso di capacità C (l'unità di misura è omessa), ed un insieme $\{f_1, f_2 \dots, f_n\}$ di file, le cui rispettive dimensioni, risultano essere $\{s_1, s_2 \dots, s_n\}$.

Si vuole trovare un sotto-insieme di file da inserire sul disco, che ne massimizzi l'utilizzo in termini di capacità, ad esempio:

$$\begin{array}{ll} C = 30 & \\ \text{dimensioni file} = \{2, 10, 13, 4, 8, 7\} & \text{soluzione} = \{10, 13, 7\} \end{array}$$

Questo problema è *np-completo*, non è possibile trovare una soluzione con un algoritmo che operi in una complessità polinomiale, supponiamo di voler provare a fare ricerca brutta, se n è il numero di file, dovremmo provare ogni singola combinazione di file, sappiamo che ci sono quindi 2^n sotto-insiemi possibili di file.

Considero un algoritmo ricorsivo che, partendo dall'insieme totale dei file, considera ad ogni passo due nuovi insiemi, uno che includa l'ultimo elemento, ed uno che non lo includa, in modo tale da controllare alla fine ogni possibile sottoinsieme.

```
Spazio_forza_bruta( $s_1, s_2 \dots, s_n, C$ ) {  
    if ( $\forall i \ s_i > C$ ) { return 0 }    // caso base  
    if ( $s_i + s_2 + \dots + s_n \leq C$ ) { return  $s_i + s_2 + \dots + s_n$  }    // caso base  
    sol1 = Spazio_forza_bruta( $s_1, s_2 \dots, s_{n-1}, C$ )    // non includo l'ultimo  
    sol2 = Spazio_forza_bruta( $s_1, s_2 \dots, s_{n-1}, C - s_n$ ) +  $s_n$     // includo l'ultimo  
    return max(sol1, sol2)  
}
```

La complessità risulta essere $O(n \cdot 2^n)$. Facendo alcune osservazioni, è possibile trovare una soluzione più efficiente, che modelli a pieno i concetti della programmazione dinamica.

Osservazione : Se in un passo dell'algoritmo si verifica la condizione in cui $s_n = s_{n-1}$, il sotto albero di ricorsione in cui s_n è presente e non s_{n-1} , ed il sotto albero di ricorsione in cui s_{n-1} è presente e non s_n , saranno identici.

Osservazione : Nei casi in cui n (numero di file) risulta essere molto più grande di C (capacità del disco), si verificherà la situazione in cui molti file avranno la stessa dimensione, facendo sì che l'algoritmo esegua gli stessi identici passi ricorsivi molte volte (data l'osservazione precedente).

L'idea è quella di sfruttare tali proprietà, per scrivere un algoritmo che, sempre tramite forza

bruta, trovi una soluzione, ma che possa astenersi da un calcolo globale, verrà eseguita una ricerca in forza bruta **sui possibili calcoli** che si potrebbero fare.

Definiamo la matrice T , tale che $T[k, \alpha]$ identifica la capacità massima che può essere riempita da k file su un disco di capacità α .

$$0 \leq \alpha \leq C \quad 0 \leq k \leq n$$

L'idea è quella di scrivere un algoritmo che costruisca tale matrice, per poi, ottenere come risultato $T[n, c]$. Il punto cruciale è che tale matrice può essere costruita iterativamente, sfruttando le entrate di indici minori per calcolare rapidamente le entrate di indici maggiori. Si noti come, se $\alpha = 0 \vee k = 0$ le entrate sono banali:

$$\forall \alpha \quad T[0, \alpha] = 0 \quad \forall k \quad T[k, 0] = 0$$

Infatti, tali matrici rappresentano i due casi in cui si cerca di capire quali sia la capacità massima che può essere riempita da zero file, oppure la capacità massima che può essere riempita su un disco di capacità zero.

Anche la prima riga, ossia $T[1, \alpha]$ risulta banale da calcolare per ogni α , in quanto, se vi è un solo file, di capacità s_1 , sarà possibile riempire il disco, con la medesima capacità, laddove il disco avrà una capacità minima di s_1 , quindi:

$$\begin{cases} T[1, \alpha] = s_1 & \text{se } \alpha \geq s_1 \\ T[1, \alpha] = 0 & \text{se } \alpha < s_1 \end{cases}$$

α	$k \backslash$	0	1	2	\dots	\dots	s_1	β	\dots	\dots	C	
	0	0	0	0	\dots	\dots	0	0	\dots	\dots	0	
	s_1	0	0	0	\dots	\dots	s_1	s_1	\dots	\dots	s_1	$\beta = s_1 + 1$
	s_2	0										
	s_3	0										
	\vdots	\vdots										
	\vdots	\vdots										
	s_n	0										

A questo punto, una volta riempite le prime due righe della matrice, si vuole trovare una formula generale per il valore $T[k, \alpha]$, dati per assunti i valori di $T[k', \alpha']$, $\forall k' < k \wedge \forall \alpha' < \alpha$.

Conosciamo quindi il valore di $T[k-1, \alpha]$, che rappresenta la capacità massima che può essere riempita da $k-1$ file su un disco di capacità α , se le dimensioni del file k -esimo, ossia s_k sono maggiori di $\alpha - T[k-1, \alpha]$, allora tale file non può essere incluso nel disco di capacità k , e si avrà inevitabilmente che $T[k-1, \alpha] = T[k, \alpha]$.

Diversamente, si avrebbe che i $k-1$ file, possono essere inclusi anche in un disco di capacità $\alpha - s_k$, quindi, nel disco di capacità α , sarà possibile riempire la capacità $T[k-1, \alpha - s_k]$ sommata, appunto alle dimensioni del file aggiunto, ossia s_k . Si giunge quindi alla seguente formula

$$T[k, \alpha] = \max(T[k-1, \alpha], T[k-1, \alpha - s_k] + s_k) \quad \text{per } s_k \leq \alpha$$

È quindi possibile, ad ogni passo, riempire la tabella utilizzando i valori precedentemente calcolati.

```
Spazio( $s_1, s_2 \dots, s_n, C$ ) {
    T : matrice  $n+1 \times C+1$ 
    for(int i = 0; i ≤ n; i++) { T[0,i]=0 }    // prima riga
    for(int i = 1; i ≤ n; i++) {
        for(int j = 0; j ≤ C; j++) {
            if( $s_i \leq j$ ) {
                T[i,j]=max(T[i-1,j], T[i-1,j- $s_i$ ]+ $s_i$ )
            } else {
                T[i,j]=T[i-1,j]
            }
        }
    }
    return T[n,C]
}
```

Il seguente algoritmo, data la matrice già riempita T , restituisce l'insieme dei file da inserire su disco

```
spazio=T[n,C]
Sol={}
for(int k=n; k ≥ 1; k--) {
    if(T[k,spazio] ≠ T[k-1,spazio])
        Sol.add( $s_k$ )
        spazio -=  $s_k$ 
}
return Sol
```

La complessità dell'algoritmo **Spazio** risulta essere $O(n \cdot C)$, si era però detto, che tale problema è non polinomiale, com'è possibile che la complessità sia lineare?

Il punto è che la complessità, descrive la crescita della computazione in base all'input, di fatto, il parametro C , rende la complessità **esponenziale**, in quanto l'input è un numero codificato in binario, rappresentato con un input di $\log_2(C)$ bit, de facto, C è esponenziale rispetto $\log_2(C)$.

Nonostante ciò, questo algoritmo risulta significativamente più efficiente rispetto alla forza bruta vista in precedenza, soprattutto in condizioni in cui le dimensioni dei file sono particolarmente piccole rispetto ad n .

Si osservi ora la seguente matrice generata dall'esecuzione dell'algoritmo su un determinato input:

$C = 10$ $FileSize = \{1, 5, 3, 5, 2, 2\}$

	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
5	0	1	1	1	1	5	6	6	6	6	6
3	0	1	1	3	4	5	6	6	8	9	9
4	0	1	1	3	4	5	6	7	8	9	10
2	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
2	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

I colori nella matrice rappresentano l'algoritmo che, data la matrice già riempita T , restituisce l'insieme dei file da inserire su disco, in questo caso $\{1, 5, 4\}$.

Vediamo adesso una **generalizzazione** del problema del disco, ossia il *problema dello zaino*, vi è uno zaino di capacità C , e ci sono n oggetti x_1, x_2, \dots, x_n , ogni oggetto x_i , ha peso p_i e valore v_i . Si vuole trovare un sottoinsieme di oggetti, la cui somma di pesi non è maggiore di C , che massimizzi la somma dei valori.

Procediamo come nel problema del disco, che è un caso particolare di questo problema, in cui i pesi ed i valori coincidono, definisco quindi la matrice T tale che

$T[k, \alpha] =$ valore massimo che si può raggiungere con k oggetti, il cui peso totale è minore o uguale a α

Vogliamo adesso riempire le entrate della matrice, i seguenti casi sono banali

$$T[k, 0] = 0 \quad \forall k \qquad T[0, \alpha] = 0 \quad \forall \alpha \qquad T[1, \alpha] = \begin{cases} 0 & \text{se } \alpha < p_1 \\ v_1 & \text{se } \alpha \geq p_1 \end{cases} \quad \forall \alpha$$

A questo punto, una volta riempite le prime due righe della matrice, si vuole trovare una formula generale per il valore $T[k, \alpha]$, dati per assunti i valori di $T[k', \alpha']$, $\forall k' < k \wedge \forall \alpha' < \alpha$.

Abbiamo considerato $k - 1$ oggetti, consideriamo l'oggetto x_k , se non lo selezionassimo, si avrebbe che $T[k, \alpha] = T[k - 1, \alpha]$, nel caso in cui lo prendessimo invece, se $p_k \leq \alpha$, si avrebbe che $T[k, \alpha] = T[k - 1, \alpha - p_k] + v_k$, una volta riempita la matrice, il risultato sarà $T[n, C]$.

```

Zaino( $\{v_1, v_2, \dots, v_k\}$ ,  $\{p_1, p_2, \dots, p_k\}$ , C){
    T = matrice  $n \times (C + 1)$ 
    for (int j = 0; j ≤ C; j++){      // riempio la prima riga
        if(j ≥ p1){ T[1,j] = v1 }
        else{ T[1,j] = 0 }
    }
}

```

```

    for (int i = 1; j ≤ n; i++){
        for (int j = 0; j ≤ C; j++){
            if( $p_j \leq j$ ){
                 $T[i,j] = \max(T[i-1,j], T[i-1,j-p_i] + b_i)$ 
            }else{
                 $T[i,j] = T[i-1,j]$ 
            }
        }
    }
    return  $T[n,C]$ 
}

```

La programmazione dinamica è necessaria per un certo insieme di problemi, si potrebbe pensare di risolvere il problema dello zaino con un approccio *greedy*, ordinando gli oggetti in maniera decrescente secondo i loro rapporti valore-peso, ma tale approccio, non funziona, si osservi il seguente controesempio

oggetto	peso	valore	v/p	$C = 10$
collana	6	13	2.16	
bracciale	5	10	2	
bracciale	5	10	2	

Ordinando e selezionando gli oggetti, il sottoinsieme soluzione sarebbe composto solo dalla collana, quando la soluzione ottimale effettiva dovrebbe essere composta dai due bracciali.

Il seguente algoritmo, data la matrice già riempita T , restituisce l'insieme di oggetti da inserire nello zaino.

```

col=C
Sol={}
for(int i=n;i≥2;i--){
    if( $T[i,col] \neq T[i-1,col]$ )
        Sol.add( $x_i$ )
        col=col- $p_i$ 
}
}
return Sol

```

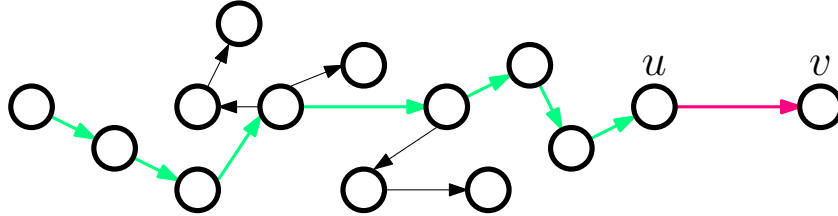
4.2 Problemi sui Grafi

Vediamo adesso un nuovo problema riguardante i grafi, che necessita di una soluzione dal punto di vista della programmazione dinamica, sia G un grafo diretto con peso sugli archi, tale che i pesi sono sempre maggiori o uguale a zero, sappiamo che con l'algoritmo di Dijkstra, è possibile trovare un cammino di costo minimo fra due nodi. Il problema inverso, ossia la ricerca di un

cammino di costo massimo, è un problema np-completo, a meno che non vi sia l'assunzione che il grafo sia aciclico.

Proposizione : Sia G un grafo diretto pesato ed aciclico, siano x, u, v tre vertici di G , tali che esiste un arco (u, v) . Se esiste un cammino da x a u di peso α , allora esiste un cammino da x a v tale che

$$w(x \rightarrow v) = \alpha + w((u, v))$$



Dimostrazione : Sia P il cammino $x \rightarrow u \cup (u, v)$, esso, è un cammino da x a v se e solo se nel percorso, il nodo u compare prima di v , se così non fosse, esisterebbe un ciclo in P , ma data l'ipotesi, il grafo è aciclico, quindi la proposizione è dimostrata.

Si vuole trovare un algoritmo che sfrutti la programmazione dinamica per trovare il cammino di costo massimo in una complessità polinomiale, si considera, come di consueto, una matrice T tale che

$T[z, k]$ = peso massimo di un cammino composto da k archi da un nodo sorgente x al nodo z

Anche in questo caso, è facile individuare alcuni casi banali

$$T[z, 0] = \begin{cases} 0 & \text{se } z = x \\ \text{NULL} & \text{altrimenti} \end{cases} \quad T[z, 1] = \begin{cases} w(x, z) & \text{se } \exists (x, z) \in E(G) \\ \text{NULL} & \text{altrimenti} \end{cases} \quad T[x, 1] = \text{NULL}$$

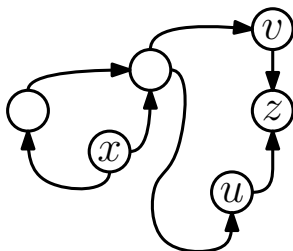
A questo punto, assumendo di conoscere il valore di $T[z, k] \quad \forall z \in V(G)$, si vuole calcolare il valore di $T[z, k + 1]$, il problema risulta essere piuttosto intuitivo, sia infatti N l'insieme dei nodi adiacenti entranti a z

$$N = \{u \in V(G) | \exists (u, z) \in E(G)\}$$

Risulta chiaro che, esiste un cammino di $k + 1$ archi da x a z , se e solo se esiste un cammino di k archi da x a $u \in N$. Il cammino di costo massimo risulta essere:

$$\forall u \in N, \quad P_u = \text{percorso da } x \text{ a } u$$

$$T[z, k + 1] = \max \left(\bigcup_{u \in N} w(P_u) + w(u, z) \right)$$



esiste un cammino di 4 archi da x a z perchè esiste un cammino di 3 archi da x a u ed esiste l'arco (u, z) .

esiste un cammino di 3 archi da x a z perchè esiste un cammino di 2 archi da x a u ed esiste l'arco (u, z) .

Per trovare il cammino di costo massimo da x ad y quindi, costruisco la matrice T con sorgente x , per poi controllare tutti i cammini, con qualsiasi numero di archi da x ad y , selezionando quello di costo massimo.

```

Cammino_massimo( G grafo diretto aciclico con pesi, x, y ){
    T = matrice  $n \times n$     //  $n$  è il numero di nodi del grafo
    for each  $z \in V(G)$ {
        if( $z==x$ ){  $T[z,0] = 0$ }
        else{  $T[z,0] = \text{NULL}$ }
    }
    for (int  $k = 1$ ;  $k < n$ ;  $k++$ ){
        for each  $z \in V(G)$ {
            massimo=NULL
            for each  $u \in V(G)$  t.c.  $\exists (u,z) \in E(G)$ {
                if( $T[u,k-1] + w(u,z) > \text{massimo} \vee \text{massimo} == \text{NULL}$ ){
                    massimo= $T[u,k-1] + w(u,z)$ 
                }
            }
             $T[z,k] = \text{massimo}$ 
        }
    }
    return max( $T[y,k] \vee k$  tale che  $T[y,k] \neq \text{NULL}$ )
}

```

4.2.1 Scheduling di Processi

Riprendiamo adesso un problema tipico già trattato nel capitolo 1.5, vi è un progetto da terminare, esso viene suddiviso in n lavori/processi $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$, fra i quali vi sono delle relazioni di *dipendenza*, del tipo

il processo x_i per essere portato a termine necessita che il processo x_j sia stato già completato

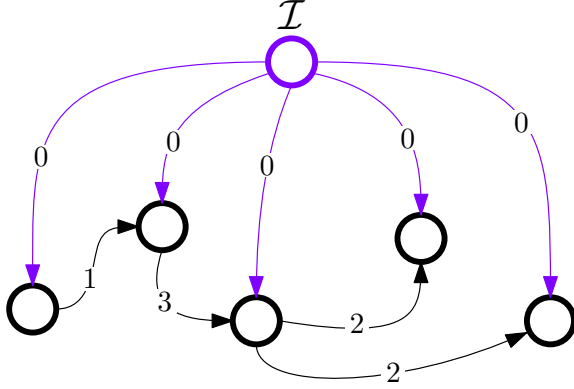
Abbiamo visto come tale problema può essere modellizzato con un grafo diretto, dove ogni nodo rappresenta un processo, e vi è un arco (x_i, x_j) se x_j è dipendente da x_i , e deve quindi essere svolto prima. Abbiamo visto come, un corretto scheduling dei processi, esiste se e solo se il grafo è aciclico, e può essere trovato tramite l'ordinamento topologico.

Riprendiamo il problema dello scheduling dei processi, *generalizzandolo*, diremo che ogni processo x_i , necessita di tempo pari a t_i per essere completato, si vuole quindi fissare per ogni processo x_i , un istante di tempo $m[i]$ in cui esso deve iniziare, in modo tale che ogni dipendenza sia rispettata.

Se x_j dipende da x_i , allora il tempo di inizio di x_j , ossia $m[j]$, sarà almeno maggiore del tempo di inizio di x_i , sommato il tempo di completamento di x_i

$$\exists (x_i, x_j) \in E(G) \implies m[j] \geq m[i] + t_i$$

Il peso di un arco (x_i, x_j) non sarà altro che il valore t_i .



Consideriamo inoltre un nuovo vertice, denotato \mathcal{I} , tale che

$$\forall v \in V(G), \quad \exists (\mathcal{I}, v) \in E(G) \quad \wedge \quad w((\mathcal{I}, v)) = 0$$

Tale vertice fungerà da "inizio", ossia da primo processo da schedulare

Osservazione : Se esiste un cammino diretto P nel grafo, dal nodo \mathcal{I} ad un nodo x_i , allora il processo x_i non può essere schedulato prima dell'istante $w(P)$

$$m[i] \geq w(P) = w(\mathcal{I} \rightarrow x_i)$$

Dimostrazione : Siano u_0, u_1, \dots, u_k i nodi presenti nel cammino P in questione, per cui $u_0 = \mathcal{I}$ e $u_k = x_i$, sia $p_j = w(u_{j-1}, j)$, risulta chiaro che

- $p_1 = 0$ dato che u_0 è il nodo iniziale, e che u_1 potrà essere schedulato dopo $p_1 = 0$ unità di tempo
- u_2 potrà essere schedulato dopo u_1 , quindi potrà iniziare dall'istante $p_1 + p_2$
- u_3 potrà essere schedulato dopo u_2 , quindi potrà iniziare dall'istante $p_1 + p_2 + p_3$
- \vdots
- u_j potrà essere schedulato dopo u_{j-1} , quindi potrà iniziare dall'istante $\sum_{l=1}^j p_l$

Ciò si protrae per tutti nodi del percorso, risulta chiaro che il nodo u_k potrà essere schedulato almeno dopo $\sum_{l=1}^k p_l$ unità di tempo. ■

Sia $T[i]$ il peso del cammino di peso massimo dal nodo \mathcal{I} al nodo x_i , in conclusione, l'istante di tempo minimo alla quale può iniziare x_i , è proprio $T[i]$

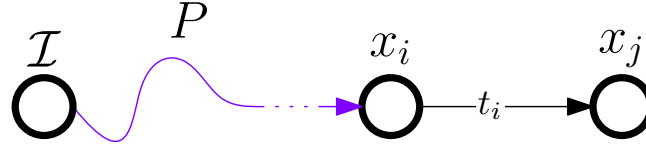
$$m[i] \geq T[i]$$

Proposizione : Facendo partire ogni singolo processo x_i all'istante di tempo $T[i]$, allora, ogni vincolo della forma $m[j] \geq m[i] + t_i$ sarà rispettato.

Dimostrazione : Siano x_i, x_j due nodi per cui $\exists (x_i, x_j) \in E(G)$, per cui deve essere rispettato

il vincolo $m[j] \geq m[i] + t_i$, sappiamo che $m[i] = T[i]$, quindi bisogna rispettare il vincolo $m[j] \geq T[i] + t_i$.

$T[i]$ non è altro che il peso del cammino P di peso massimo da \mathcal{I} a x_i



Essendo che esiste un arco (x_i, x_j) , possiamo prolungare P con tale arco, ottenendo $P \cup \{(x_i, x_j)\}$, diventa un cammino da \mathcal{I} al nodo x_j , di peso $T[i] + t_i$, tale cammino non è detto che sia il cammino da \mathcal{I} a x_j di peso massimo, ma comunque implica l'uguaglianza

$$T[j] \geq T[i] + t_i \quad \blacksquare$$

A questo punto, se ogni processo comincia nell'istante di tempo $T[i]$, e termina dopo t_i unità di tempo, l'ultimo processo schedulato, degli n totali, e con esso l'intero progetto, verrà terminato all'istante

$$\max \left(\left\{ \bigcup_{k=0}^n T[k] + t_k \right\} \right)$$

A questo punto è chiaro che per conoscere la quantità di tempo necessaria a terminare il progetto, basta considerare il cammino di costo massimo, si vuole però generalizzare ancora di più il problema, considerando un nuovo tipo di vincolo.

La validità di terminazione di un processo adesso, ha un tempo *limitato*, se il processo x_i necessita di x_j per essere terminato, si ha che x_j dovrà essere eseguito dopo x_i , ma entro una finestra temporale limitata, non potrà essere schedulato dopo una certa quantità di tempo dalla terminazione di x_i

$$x_j \text{ dipende da } x_i \implies \begin{cases} m[j] \geq m[i] + t_i \\ m[j] \leq m[i] + T_i \text{ (nuovo vincolo)} \end{cases}$$

A questo punto, possiamo esprimere tutti i vincoli in una forma più compatta, del tipo

$$m[i] - m[j] \leq b \quad \text{con} \quad b \in \mathbb{R}$$

Osservazione : Siano $M = \{m[1], m[2] \dots, m[n]\}$ un insieme di istanti di tempo di inizio dei processi che rispettino tutti i vincoli imposti dalle dipendenze, e siano $M' = \{m'[1], m'[2] \dots, m'[n]\}$ un nuovo insieme di istanti, tali che

$$\forall i, \quad m'[i] = m[i] + \delta$$

con δ un qualunque numero reale. L'insieme di istanti M' rispetta ancora tutti i vincoli imposti dalle dipendenze.

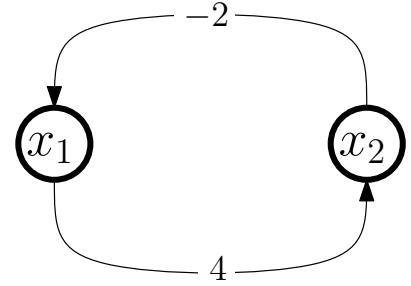
Essendo che i valori di $m[i]$ per ogni processo x_i in questo nuovo modello possono assumere valori negativi, data l'osservazione, si potranno "shiftare" tutti gli istanti $m[i]$, sommandoli ad un valore positivo (o negativo), in modo tale che l'elemento che l'istante di inizio del primo processo sia uguale a 0.

L'interpretazione del grafo che modella tale problema sarà differente da quella vista in precedenza, i nodi rappresenteranno ancora i processi, per ogni vincolo del tipo $m[i] - m[j] \leq b$ vi sarà un arco (x_j, x_i) di peso b .

Osservazione : La presenza di cicli nel grafo *non* esclude la presenza di una soluzione.

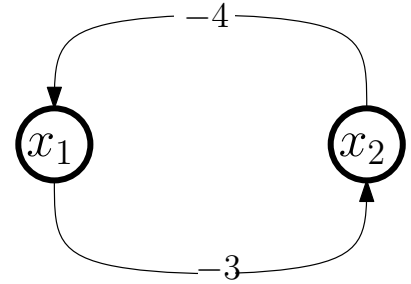
Si osservi il seguente **esempio**, ci sono due processi, x_1 e x_2 , il processo x_2 dipende da x_1 , il processo x_1 necessita di 2 secondi per essere completato, il processo x_2 deve essere iniziato entro 2 secondi il completamento del processo x_1 .

$$\begin{cases} m[2] \geq m[1] + 2 \\ m[2] \leq m[1] + 4 \end{cases} \implies \begin{cases} m[1] - m[2] \leq -2 \\ m[2] - m[1] \leq 4 \end{cases}$$



Tale problema con tali vincoli ammette una soluzione, si osservi invece il seguente problema:

$$\begin{cases} m[2] \geq m[1] + 4 \\ m[2] \leq m[1] + 3 \end{cases} \implies \begin{cases} m[1] - m[2] \leq -4 \\ m[2] - m[1] \leq -3 \end{cases}$$



Quest'ultimo non ammette soluzione, infatti, non esistono $m[1], m[2] \in \mathbb{R}$ che risolvino il sistema di disequazioni.

Proposizione : Esiste uno scheduling dei processi che rispetti tutti i vincoli imposti, *se e solo se* non esiste alcun ciclo nel grafo, per cui la somma dei pesi degli archi coinvolti nel ciclo sia negativa.

Dimostrazione : Si assuma per assurdo che esiste uno scheduling che rispetti i vincoli, e che il grafo possieda un ciclo negativo C , composto dai vertici u_1, u_2, \dots, u_k , dove $b_i = w(u_i, u_{i+1})$, quindi per ipotesi

$$w(C) = \sum_{i=0}^k b_i < 0 \quad \text{inoltre, si ha il sistema} \quad \begin{cases} m[2] - m[1] \leq b_1 \\ m[3] - m[2] \leq b_2 \\ \vdots \\ m[1] - m[k] \leq b_k \end{cases}$$

A questo punto, sapendo che una soluzione deve soddisfare tutte le disuguaglianze del sistema, essa dovrà soddisfare anche la somma di esse, ossia

$$(m[2] - m[1]) + (m[3] - m[2]) + \dots + (m[1] - m[k]) \leq b_1 + b_2 + \dots + b_k$$

Riorganizzo la disequazione:

$$(m[1] - m[1]) + (m[2] - m[2]) + (m[3] - m[3]) + \cdots + (m[k] - m[k]) \leq \sum_{i=0}^k b_i$$

$$0 + 0 + 0 + \cdots + 0 \leq \sum_{i=0}^k b_i$$

Ma per ipotesi, si ha che $\sum_{i=0}^k b_i < 0$, quindi si ottiene la disuguaglianza

$$0 \leq \sum_{i=0}^k b_i < 0$$

Quindi la somma dei pesi del grafo è un numero sia negativo, ma che al contempo deve essere maggiore o uguale a zero, è una contraddizione, quindi se esiste uno scheduling che rispetta i vincoli, non può esistere un ciclo negativo nel grafo. ■

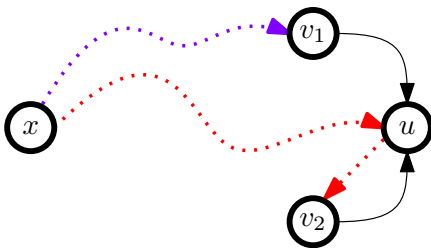
A questo punto, vogliamo trovare il cammino di peso minimo fra due nodi su un grafo diretto con pesi reali sugli archi, con l'assunzione che il grafo non abbia cicli la cui somma dei pesi risulti negativa.

All'inizio del capitolo 4.2 si è visto come trovare il cammino massimo su un grafo aciclico, vedremo come il problema corrente segue una soluzione simile, si definisce quindi la matrice T , tale che $T[k, u]$ = il cammino di peso minimo da un nodo sorgente x ad u che abbia al più k archi. Il seguente caso è banale

$$T[0, u] = \begin{cases} 0 & \text{se } u = x \\ \infty & \text{se } u \neq x \end{cases}$$

Assumendo di conoscere $T[k, u]$ per ogni nodo u , si vuole trovare il valore di $T[k+1, u]$, come già visto nel problema del cammino massimo, basta trovare un percorso dalla sorgente x ad un adiacente di u che abbia k archi, e prolungarlo con l'arco corrispondente entrante in u

$$T[k+1, u] = \min \left(\bigcup_{v \in V(G) | \exists (v, u) \in E(G)} \{T[k, v] + w(v, u)\} \right)$$



il cammino viola è composto da k archi e va da x ad un adiacente di u .

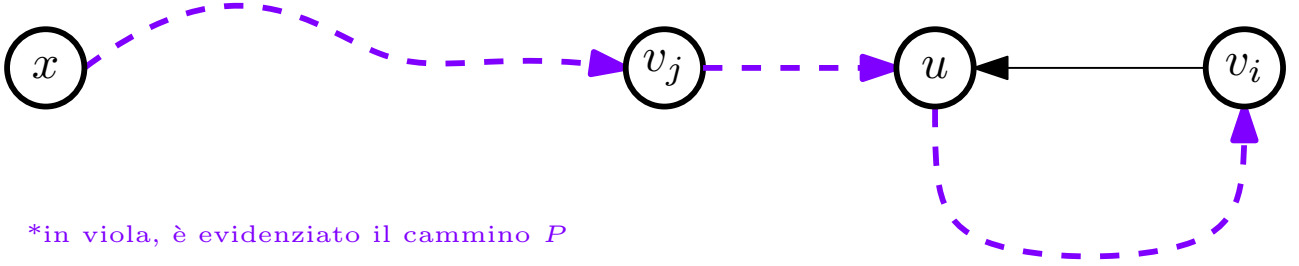
Il cammino rosso è sempre composto da k archi, va da x ad un adiacente di u , ma nel suo percorso, già compare u , quindi non potrà essere nuovamente prolungato con l'arco (v_2, u) , in quanto non si avrebbe più un cammino, ma una passeggiata.

Differentemente dal caso del cammino massimo, nel grafo corrente non è assicurata l'assenza di cicli, quindi, la dove si considera un cammino P da x ad un adiacente di u con k archi, non è scontato che in tale cammino P , non compaia già u nel percorso. Vedremo come in realtà, è impossibile che in questo cammino sia presente un ciclo.

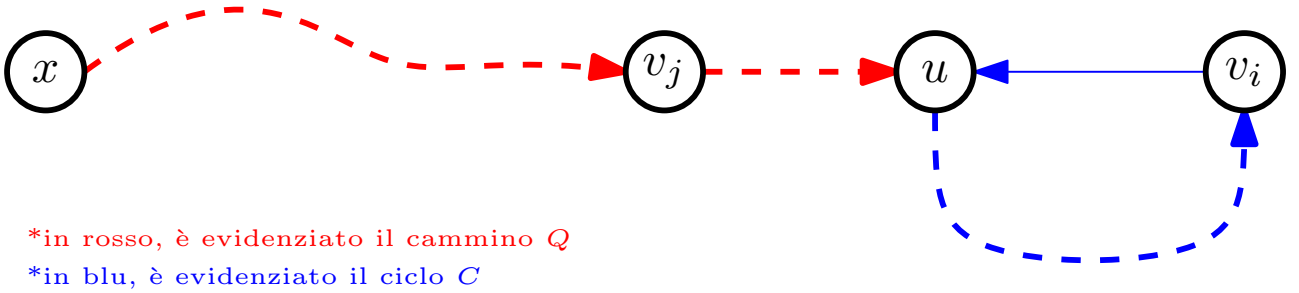
Proposizione : Il cammino di costo minimo di $k + 1$ archi da x ad u , di costo $T[k + 1, u]$, calcolato utilizzando il valore $T[k, u]$ più il peso dell'arco $w(v_i, u)$, dove v_i è un nodo tale che $\exists (v_i, u) \in E(G)$, non presenta cicli.

Dimostrazione : Sia $T[k + 1, u]$ il cammino di costo minimo da x ad u , e sia P il percorso da x ad un adiacente di u , denotato v_i , tale che $T[k + 1, u] = w(P) + w(v_i, u)$, assumiamo che in $P \cup \{(v_i, u)\}$ ci sia un ciclo, dato dal fatto che u compare due volte.

Ad un certo punto nel cammino P , vi è u , prima di esso, vi è un altro adiacente di u , sia v_j questo adiacente.



Si noti come $P \cup \{(v_i, u)\}$, può essere diviso in un cammino Q da x ad u (prima comparsa di u in P), ed in un ciclo C da u a se stesso.



Q è un cammino da x ad u , con un numero di archi minore a $k + 1$, il peso del cammino Q , è inferiore al peso del cammino $P \cup \{(v_i, u)\}$ perché :

- $P \cup \{(v_i, u)\} = Q \cup C$
- $w(P \cup \{(v_i, u)\}) = T[k + 1, u]$

$$T[k + 1, u] = w(Q) + w(C) \quad (1)$$

$$T[k + 1, u] - w(C) = w(Q) \implies \quad (2)$$

$$T[k + 1, u] < w(Q) \iff w(C) < 0 \quad (3)$$

Risulta chiaro che Q può avere costo maggiore di $T[k + 1, u]$ solamente se il costo di C è negativo, per ipotesi però, **non esistono** cicli di costo negativo, quindi $w(C) \geq 0$, ne consegue che Q è un percorso da x a u di costo inferiore di $T[k + 1, u]$, che per ipotesi, era il costo minimo, quindi vi è una contraddizione, ed è impossibile che nel cammino $P \cup \{(v_i, u)\}$ ci siano cicli. ■

A questo punto vediamo l'algoritmo di **Bellman-Ford** per trovare il cammino minimo sviluppando la matrice T , su un grafo di questo tipo, i cui cicli presenti hanno somma dei pesi mai negativa.

```

Bellman-Ford(G : grafo, x : nodo sorgente){
    T = matrice n×n dove n=|V(G)|
    for each (u ∈ V(G)\{x}){ T[0,u]=∞ }
    T[0,x]=0
    for(int k = 0;k < n; k++){      // n iterazioni
        for (each u ∈ V(G)){      // n iterazioni
            T[k,u]=T[k-1,u]
            for (each v tale che ∃(v,u) ∈ E(G)){
                if(T[k-1,v]+w((v,u))<T[k,u]){
                    T[k,u]=T[k-1,v]+w((v,u))
                }
            }
        }
    }
    Dist[n] = array lungo n
    for (each u ∈ V(G)){ Dist[u]=T[n-1,u] }
    return Dist
}

```

La complessità risulta essere $n \cdot \sum_{v \in V(G)} \deg^{in}(v) \implies O(n \cdot (n + m))$.

A questo punto è possibile trovare uno scheduling corretto dei processi, riassumendo i passaggi

1. Si costruisce il grafo G dove i processi sono i nodi, e per ogni vincolo del tipo $m[i] - m[j] \leq b$ esiste l'arco (x_j, x_i) di peso b .
2. Si aggiunge un nodo \mathcal{I} tale che $\forall i \exists (\mathcal{I}, x_i) \in E(G) \wedge w((\mathcal{I}, x_i)) = 0$.
3. Se nel grafo vi è un ciclo di peso negativo, non esiste soluzione, altrimenti si utilizza l'algoritmo di **Bellman-Ford** per trovare il vettore **Dist** con nodo sorgente \mathcal{I} .

Si noti come, per ogni i si avrà che $\text{Dist}[x_i] \leq 0$, bisogna quindi utilizzare l'osservazione vista in precedenza per far sì che ogni processo cominci in un istante di tempo positivo, ed il primo inizi al tempo 0

- $\delta = \min \left(\bigcup_{i=1}^n \{ \text{Dist}[x_i] \} \right)$
- $m[i] = \text{Dist}[x_i] + |\delta| \quad \forall i$

Si avrà uno scheduling dei processi che rispetta tutti i vincoli di dipendenza.

4.3 Problemi sulle Stringhe

Si consideri il seguente problema, vi è un array A di lunghezza n composto da numeri interi, si vogliono scegliere due indici **start** e **finish**, con $\text{start} < \text{finish} \leq n$, tali che, il sotto array $A[\text{start} : \text{finish}]$ massimizzi la somma degli elementi.

$A = [1, -3, 4, 5, 8, -2, 3, -5, 1, 2]$ soluzione : $[1, -3, 4, 5, 8, -2, 3, -5, 1, 2]$

Tramite un algoritmo divide-et-impera, è possibile trovare una soluzione in tempo $O(n \cdot \log n)$, si vuole utilizzare la programmazione dinamica per ottenere un algoritmo che risolva il problema, di complessità lineare $O(n)$.

Dovremmo quindi definire un array m lungo n che servirà a contenere, ad ogni passo, le soluzioni parziali del problema, darà definito nel seguente modo

$m[i] =$ soluzione del problema con input l'array $A[0 : i]$

Ad esempio:

$A = [0, 5, 9, -4]$
 $m[0] = [0, 5, 9, -4]$ soluzione = 0
 $m[1] = [0, 5, 9, -4]$ soluzione = 5
 $m[2] = [0, 5, 9, -4]$ soluzione = $5 + 9 = 14$
 $m[3] = [0, 5, 9, -4]$ soluzione = $5 + 9 = 14$

Consideriamo i casi banali, è chiaro che $m[0] = A[0]$ se $A[0] > 0$. Supponiamo di conoscere il valore di $m[i]$, e di voler calcolare $m[i + 1]$, se la soluzione finale *non* contiene $A[i + 1]$, allora $m[i] = m[i + 1]$, altrimenti come bisogna procedere? Non basta aggiungere alla soluzione parziale semplicemente $A[i + 1]$.

Si consideri un nuovo array m' , tale che

$m'[i] =$ soluzione del problema con input l'array $A[0 : i]$ con il vincolo $A[i] \in m'[i]$

Sarà tale array la chiave per trovare la soluzione, ad ogni passo de facto, ci sono due possibilità

$m'[i + 1] = \max(A[i + 1], m'[i] + A[i + 1])$

Se la soluzione ottimale fosse $A[i : j]$, nell'algoritmo, essa sarà considerata al passo $j - \text{esimo}$, durante il calcolo di $m'[j]$.

```
intervallo_max(A : array lungo n){
    m = array lungo n
    m[0]=A[0]
    for (int i = 0; i<n;i++){
        m[i]=max(A[i],A[i]+m[i-1])
    }
    Sol = 0
    for (int i = 0; i<n;i++){ Sol = max(Sol,m[i]) }
    return Sol
}
```

Il seguente algoritmo, dato l'array m' già riempito dall'algoritmo sovrastante, restituisce i valori degli indici **start** e **finish**.

```

intervallo_max_indici(m : array lungo n, Sol){
    start = 0
    finish = 0
    int i
    for (i = 0; i<n;i++){
        if( m[i]==Sol) {
            finish = i
            break
        }
    }
    pref = A[i]
    while ( pref ≠ Sol){
        i=i-1
        pref+=A[i]
    }
    start = i
    return (start,finish)
}

```

4.3.1 Sottostringa Comune Massima (LCS)

Si consideri il seguente problema, si hanno due stringhe x ed y , rispettivamente lunghe n ed m caratteri, si vuole trovare il massimo numero di indici $i_1 < i_2 \dots < i_k$ e $j_1, j_2 \dots, j_k$ tali che $x[i_l] = y[j_l]$ per ogni $l \in \{1, 2 \dots, k\}$.

Esempio:

$$\begin{array}{ll}
 x = \text{A L B E R O} & y = \text{L I B R I} \\
 \text{Soluzione} = \text{L B R} : & \\
 x[1] = y[0] = \text{L} & \\
 x[2] = y[2] = \text{B} & \\
 x[4] = y[3] = \text{R} &
 \end{array}$$

Tale problema trova la *sottosequenza comune massima*, si vuole utilizzare la programmazione dinamica per scrivere un algoritmo dedicato a tale problema, che operi in una complessità $O(n^2)$.

Si definisce la matrice $M_{n \times m}$, tale che

$$M[i, j] = \text{sottosequenza comune massime fra le stringhe } x[0 : i] \text{ e } y[0 : j]$$

Si hanno i seguenti casi banali, per ogni i e per ogni j :

$$M[1, 1] = \begin{cases} 1 & \text{se } x[1] = y[1] \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases} \quad M[1, j] = \begin{cases} 1 & \text{se } y[j] = x[1] \\ M[1, j-1] & \text{altrimenti} \end{cases} \quad M[i, 1] = \begin{cases} 1 & \text{se } y[1] = x[i] \\ M[i-1, 1] & \text{altrimenti} \end{cases}$$

A questo punto si vuole calcolare il valore della matrice per il caso generale $M[i, j]$, assumendo di conoscere le entrate della matrice per i valori minori di i e minori di j . Si noti il seguente esempio. Riguardo le stringhe

$x = \text{A L B E R O}$

$y = \text{L I B R I}$

Sono noti i valori della matrice fino a $i = j = 1$, si ha che, $M[1, 1] = 1$ perchè nelle stringhe

$x = \text{A L}$

$y = \text{L I}$

Vi è in comune solo la lettera 'L'. Consideriamo adesso $M[i + 1, j + 1] = M[2, 2]$, dovrebbe rappresentare la sottosequenza massima delle stringhe

$x = \text{A L B}$

$y = \text{L I B}$

Essendo che $x[i + 1] = y[j + 1]$, è possibile considerare il valore precedente della matrice, ossia $M[1, 1] = 1$, ed incrementarlo di 1, dato che è possibile considerare i due caratteri $x[i + 1]$, $y[j + 1]$ in comune nella soluzione $M[2, 2]$.

Risulta chiaro che : Se $x[i] = y[j]$, allora $M[i, j] = M[i - 1, j - 1] + 1$.

Nel caso in cui $x[i] \neq y[j]$, non sarà possibile incrementare la soluzione, in quanto non sono possibili nuovi accoppiamenti di caratteri, si avrà che:

$$M[i, j] = \max(M[i - 1, j], M[i, j - 1], M[i - 1, j - 1])$$

```
LCS(x,y){
    n = x.length()
    m = y.length()
    M = matrice n × m
    if(x[0]==y[0]){ M[0,0]=1 }
    else { M[0,0]=0 }
    for(int i = 1; i < n; i++){
        if(x[i]==y[0]){ M[i,1]=1 }
        else{ M[i,1]=M[i-1,1] }
    }
    for(int j = 1; j < m; j++){
        if(y[j]==x[0]){ M[1,j]=1 }
        else{ M[1,j]=M[1,j-1] }
    }
    for(int i = 1; i < n; i++){
        for(int j = 1; j < m; j++){
            if (x[i]==y[j]){ M[i,j]=M[i-1,j-1]+1 }
            else { M[i,j] = max(M[i-1,j-1], M[i,j-1], M[i-1,j]) }
        }
    }
    return M[n,m]
}
```

Si veda il seguente esempio di applicazione dell'algoritmo e costruzione della matrice:

		1	2	3	4	5	6	
$M =$	1	0	1	1	1	1	1	$x = \text{A L B E R O}$ $y = \text{L I B R I}$
	2	0	1	1	1	1	1	
	3	0	1	2	2	2	2	
	4	0	1	2	2	3	3	
	5	0	1	2	2	3	3	
	6	0	1	2	2	3	3	

Data la matrice M sulla quale è stato applicato l'algoritmo, come si può ottenere la sottosequenza comune massima? Sarà necessario iniziare dall'elemento $M[i, j]$ con $i = n$, $j = m$, per poi spostarsi verso sinistra (diminuendo il valore dell'indice i), ogni qual volta vi sarà una variazione del valore della matrice all'elemento i , considereremo il carattere della prima stringa contenuto nel medesimo indice.

```
LCS_str(M : matrice n×m, x, y){
    Sol = []    // stringa vuota
    for(int i = n-1; i>0;i--){
        if(M[i,m]≠M[i-1,m]){
            Sol.insert(x[i])    // inserimento alla prima posizione
        }
    }
    if(M[0,m]==1){ Sol.insert(x[1]) }
    return Sol
}
```

4.3.2 Edit Distance fra due Stringhe

Date due stringhe x ed y , l'**edit distance** fra di esse, è il numero minimo di *cancellazioni* o *aggiunte* di caratteri da eseguire sulla stringa x , per renderla identica alla stringa y .

$x = \text{A L B E R O}$ $y = \text{L I B R I}$

$\text{A L B E R O} \rightarrow \underline{\text{A}} \text{ L B } \underline{\text{E}} \text{ R } \underline{\text{O}} \rightarrow \text{L B R}$ 3 cancellazioni
 $\text{L B R} \rightarrow \text{L } _ \text{ B R } _ \rightarrow \text{L } \underline{\text{I}} \text{ B R } \underline{\text{I}}$ 2 aggiunte

L'edit distance fra "albero" e "libri" equivale a 5. Si noti come l'edit distance, viene valutata in funzione di tre parametri : la lunghezza della prima stringa, la lunghezza della seconda stringa, e la lunghezza della LCS, infatti:

cancellazioni necessarie : $x.\text{length}() - \text{LCS}(x, y)$
 aggiunte necessarie : $y.\text{length}() - \text{LCS}(x, y)$
 $\text{edit_distance}(x, y) = x.\text{length}() + y.\text{length}() - 2 \cdot \text{LCS}(x, y)$

Supponiamo ora di voler calcolare una edit distance, in cui fra le possibili manipolazioni della stringa, vi è anche la *sostituzione* di un carattere con un altro.

$x = \text{A L B E R O}$

$y = \text{L I B R I}$

$\text{A L B E R O} \rightarrow \text{A L B E R O} \rightarrow \text{L B R O}$	2 cancellazioni
$\text{L B R O} \rightarrow \text{L B R O} \rightarrow \text{L I B R O}$	1 aggiunta
$\text{L I B R O} \rightarrow \text{L I B R O} \rightarrow \text{L I B R I}$	1 sostituzione

Con questa nuova definizione, l'edit distance fra "albero" e "libri" equivale a 4. In questo caso, definire esplicitamente la funzione non è semplice come nel caso precedente, si vuole utilizzare la programmazione dinamica per scrivere un algoritmo che trovi l'edit distance fra due stringhe date in input, che operi in una complessità $O(n \cdot m)$, dove n ed m sono le lunghezze delle due stringhe.

Si definisce la matrice $M_{(n+1) \times (m+1)}$ tale che

$$M[i, j] = \text{edit_distance}(x[1:i], y[1:j])$$

In questo modello, l'indice del primo carattere di una parola sarà 1, e l'indice dell'ultimo carattere sarà la lunghezza della parola. Si hanno i seguenti casi banali

$$M[1, 1] = \begin{cases} 0 & \text{se } x[1] = y[1] \\ 1 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Siano $x[0] = y[0]$ la stringa vuota, si ha che

$$\begin{cases} M[0, 0] = 0 \\ M[0, j] = j \quad \forall j \\ M[i, 0] = i \quad \forall i \end{cases}$$

Seguono dal fatto che, se si vuole trasformare una stringa vuota in una stringa di k caratteri, sono necessarie k aggiunte, nel caso si voglia trasformare una stringa di k caratteri in una stringa vuota, sono necessarie k cancellazioni.

Consideriamo il caso in cui si vuole trasformare una stringa $x[1 : i]$ nella stringa $y[1 : j]$, ed assumiamo di conoscere i valori della matrice $M[i - 1, j - 1]$. Il valore $y[j]$ appena considerato, sarà stato ottenuto dalla stringa precedente, in uno dei seguenti casi

- **Caso 1** : Il carattere $y[j]$ ha sostituito nella stringa il carattere $x[l]$, che è stato cancellato

– Se $l < i$, allora è stata necessaria una cancellazione

$$M[i, j] = M[i - 1, j] + 1$$

– Se $l = i$, non sono state applicate mosse

$$M[i, j] = M[i - 1, j - 1]$$

- **Caso 2** : Il carattere $y[j]$ proviene da una *sostituzione* di un carattere $x[l]$

– Se $l < i$

$$M[i, j] = M[i - 1, j] + 1$$

– Se $l = i$

$$M[i, j] = M[i - 1, j - 1] + 1$$

- **Caso 3** : Il carattere $y[j]$ è stato *aggiunto*

$$M[i, j] = M[i, j - 1] + 1$$

In **conclusione** :

$$M[i, j] = \begin{cases} \min(M[i - 1, j] + 1, M[i, j - 1] + 1, M[i - 1, j - 1] + 1) & \text{se } x[i] \neq y[j] \\ \min(M[i - 1, j] + 1, M[i, j - 1] + 1, M[i - 1, j - 1]) & \text{altrimenti} \end{cases}$$

```
edit_distance(x,y){
    n=x.length()
    m=y.length()
    M = matrice (n+1)×(m+1)
    M[0,0]=0
    for(int i = 1;i≤n;i++){ M[i,0] = i }
    for(int j = 1;i≤m;j++){ M[0,j] = j }
    for(int i = 1;i≤n;i++){
        for(int j = 1;i≤m;j++){
            if(x[i]==y[j]){
                M[i,j] = min(M[i-1,j]+1, M[i,j-1]+1, M[i-1,j-1])
            }else {
                M[i,j] = min(M[i-1,j]+1, M[i,j-1]+1, M[i-1,j-1]+1)
            }
        }
    }
    return M[n,m]
}
```