



Informatique

CPGE

Marc de Falco



Copyright © 2020 Marc de Falco

Licensed under the Creative Commons Attribution-NonCommercial 3.0 Unported License (the “License”). You may not use this file except in compliance with the License. You may obtain a copy of the License at <http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0>. Unless required by applicable law or agreed to in writing, software distributed under the License is distributed on an “AS IS” BASIS, WITHOUT WARRANTIES OR CONDITIONS OF ANY KIND, either express or implied. See the License for the specific language governing permissions and limitations under the License.

Table des matières

I

Introduction

1	Introduction	9
I	Feuille de route	9

II

Algorithmique

2	Introduction à l'analyse des algorithmes	13
I	Terminaison	13
I.1	Variant de boucle	14
I.2	Exemple de la recherche dichotomique	14
II	Correction	16
II.1	Invariant de boucle	16
II.2	Exemple du tri par sélection	17
III	Complexité	18
III.1	Complexité dans le pire des cas	18
III.2	Comparer des complexités	19
III.3	Complexités en temps classiques	23
III.4	Calculer des complexités	25
III.5	Complexité à plusieurs paramètres	25
III.6	Complexité en moyenne	26
III.7	Complexité amortie	27
III.8	Pertinence de la complexité spatiale	29

3	Algorithmique exacte	31
I	Recherche par force brute	31
I.1	Principe	31
I.2	Raffinement : droite de balayage	32
I.3	Recherche par retour sur trace (backtracking)	37
II	Algorithmes gloutons	41
II.1	Principe	41
II.2	Construction de l'arbre de Huffman	43
II.3	Preuve d'optimalité	46
II.4	Sélection d'activités	46
II.5	Ordonnancement de tâches	49
III	Diviser pour régner	53
III.1	Principe	53
III.2	Tri fusion	53
III.3	Nombre d'inversions	55
III.4	Points les plus proches	56
III.5	Sous-ensemble de somme donnée	56
III.6	Recherche dichotomique	56
III.7	Couverture par des segments égaux	56
IV	Programmation dynamique	56
IV.1	Principe	56
IV.2	Somme de sous-ensembles	56
IV.3	Ordonnancement de tâches	56
IV.4	Plus longue sous-suite commune	56
IV.5	Distance d'édition	56
4	Algorithmique des textes	57
I	Recherche dans un texte	57
I.1	Principe de la recherche	57
I.2	Algorithme naïf en force brute	58
I.3	Algorithme de Boyer-Moore	59
I.4	Algorithme de Rabin-Karp	68
II	Compression	71
II.1	Principe	71
II.2	Algorithme d'Huffman	71
II.3	Algorithme de Lempel-Ziv-Welch	75
III	Problèmes supplémentaires	82
III.1	Transformation de Burrows-Wheeler	82
III.2	Move to front	83
III.3	La structure de données corde	83
III.4	L'algorithme de Knuth-Morris-Pratt	83
III.5	Extensions à l'analyse d'images	83

III

Systèmes

5	Gestion de la mémoire dans un programme compilé	87
I	Organisation de la mémoire	87

II	Portée d'un identificateur	90
III	Durée de vie d'une variable	92
IV	Piles d'exécution, variables locales et paramètres	92
V	Allocation dynamique	93
V.1	Allocation	94
V.2	Libération	95
V.3	Protection mémoire	96
V.4	Réalisation d'un système d'allocation de mémoire	96



Introduction

1	Introduction	9
I	Feuille de route	

1. Introduction

Ce site présente des documents personnels autour de l'informatique.

Il s'agit pour le moment d'un premier jet, et il est amené à beaucoup évoluer. Il correspond à mon interprétation personnelle de certaines notions.

Pour le moment, ce sont des développements indépendants. Dans un second temps, ils seront éventuellement articulés autour d'une progression.

Des problèmes sont présentés au cours des documents, ils peuvent donner lieu à des développements en classe, des séances de travaux pratiques ou des problèmes. Plutôt que de donner un découpage figé en questions, ils sont présentés tels quels.

Mon idée principale avec ces ressources est de proposer un contenu assez riche, plutôt à destination des enseignants. Certains points un peu pointus ne sont pas forcément essentiels pour tous les étudiants.

Le but ici n'est pas de surpasser des références sur chaque domaine, je n'ai pas cette prétention, mais de présenter un livre *tout-en-un* ce qui implique des compromis dans les notions traitées et la présentation.

I Feuille de route

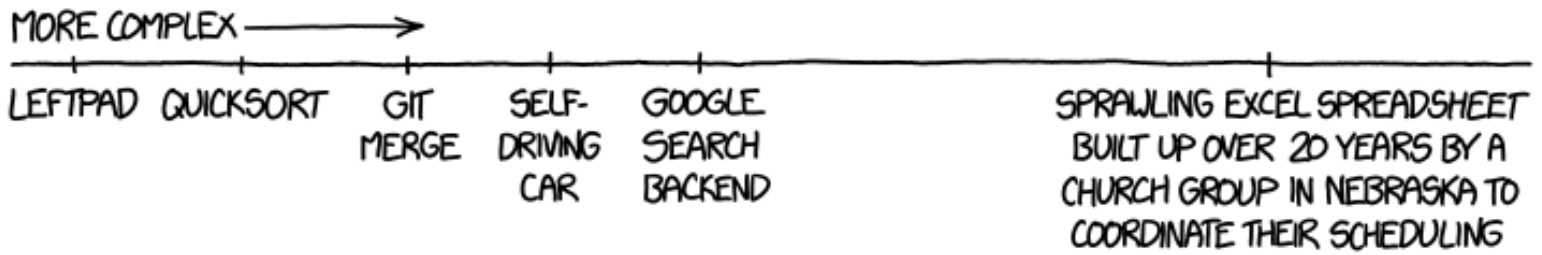
- Faire une présentation uniforme pour les problèmes avec un index.
- Rajouter des macros pour compiler/exécuter et inclure la sortie des bouts de code.



Algorithmique

2	Introduction à l'analyse des algorithmes	13
I	Terminaison	
II	Correction	
III	Complexité	
3	Algorithmique exacte	31
I	Recherche par force brute	
II	Algorithmes gloutons	
III	Diviser pour régner	
IV	Programmation dynamique	
4	Algorithmique des textes	57
I	Recherche dans un texte	
II	Compression	
III	Problèmes supplémentaires	

ALGORITHMS BY COMPLEXITY



2. Introduction à l'analyse des algorithmes

Source de l'image d'en-tête XKCD #1667

■ **Remarque 2.1** Ce chapitre présente les trois grands principes qui nous serviront de guide pour analyser les algorithmes et les programmes :

- La **terminaison** : l'algorithme termine-t-il au bout d'un nombre fini d'étapes quelle que soit l'entrée ?
- La **correction** : le résultat rendu est-il celui qui était attendu ?
- La **complexité** : combien de temps prend le programme selon la taille de l'entrée ? Combien d'espace mémoire occupe-t-il ?

Savoir répondre à ces questions, c'est pouvoir prédire, avant d'avoir écrit la moindre ligne de code, ce qui va se passer.

Terminaison

■ **Définition 1.1** On dit qu'un algorithme **termine** quand il n'exécute qu'un nombre fini d'étapes sur toute entrée.

■ **Remarque 2.2** Cela n'empêche pas que ce nombre d'étapes puisse être arbitrairement grand en fonction des entrées.

Un algorithme qui n'utilise ni boucles inconditionnelles ni récursivité termine toujours. Ainsi, la question de la terminaison n'est à considérer que dans ces deux cas.

Considérons par exemple l'algorithme suivant qui, étant donné un entier naturel n strictement positif, inférieur à 2^{30} , détermine le plus petit entier k tel que $n \leq 2^k$:

```
int plus_grande_puissance2(int n)
{
```

```

int k = 0;
int p = 1;

while (p < n)
{
    k = k+1;
    p = p*2;
}

return k;
}

```

On remarque que p prend successivement pour valeurs toutes les puissances de 2 jusqu'à une éventuelle sortie de boucle. Or, il existe une puissance de 2 supérieure ou égale à n , donc, une fois atteinte, la condition de la boucle `while` n'est plus remplie et l'algorithme termine.

I.1 Variant de boucle

Pour prouver la terminaison d'une boucle conditionnelle, on utilise un **variant** de boucle.

Définition I.2 Un **variant de boucle** est une quantité entière **positive** à l'entrée de chaque itération de la boucle et qui diminue **strictement** à chaque itération.

Ainsi, si on a un variant de boucle qui vaut initialement n avant d'entrer dans la boucle, celle-ci effectue au plus n itérations car le variant diminue au moins de 1 à chaque étape.

Si une boucle admet un variant de boucle, elle termine.

Dans l'exemple précédent, la quantité $n - p$ est un variant de boucle :

- Au départ, $n > 0$ et $p = 1$ donc $n - p \geq 0$
- Comme il s'agit d'une différence de deux entiers, c'est un entier. Et tant que la condition de boucle est vérifiée $p < n$ donc $n - p > 0$.
- Lorsqu'on passe d'une itération à la suivante, la quantité passe de $n - p$ à $n - 2p$ or $2p - p > 0$ car $p \geq 1$. Il y a bien une stricte diminution.

■ **Remarque 2.3** Ici, en sortie de boucle, $n - p \leq 0$. On fait donc bien attention de préciser que la quantité est positive tant que la condition de boucle est vérifiée. ■

I.2 Exemple de la recherche dichotomique

On considère ici la recherche dichotomique dans un tableau trié d'entiers. Étant donné un tableau t de taille $n > 0$ et un entier x dont on cherche à déterminer sa présence dans le tableau entre les indices i et j , on considère l'algorithme suivant :

- Si $i > j$, alors il n'y a pas de sous-tableau et on renvoie `false`.
- Sinon, soit m l'élément d'indice $p = \left\lfloor \frac{i+j}{2} \right\rfloor$.
 - Si $x = m$, on renvoie `true`
 - Si $x < m$, on continue la recherche dans le sous-tableau des indices i à $p - 1$.
 - Si $x > m$, on continue la recherche dans le sous-tableau des indices $p + 1$ à j .

Le programme suivant présente une implémentation de cet algorithme en C.

```

int rech_dicho(int *t, size_t n, int x)
{
    /* renvoie un indice de x
     * si x est dans le tableau et -1 sinon */
    size_t i = 0;

```

```

size_t j = n-1;

while (i <= j)
{
    size_t p = i + (j-i)/2;
    int m = t[p];

    if (x == m)
        return p;
    else if (x < m)
        j = p-1;
    else
        i = p+1;
}

return -1;
}

```

■ **Remarque 2.4** On a écrit $i + (j-i)/2$ et non $(i+j)/2$ afin d'éviter des erreurs de dépassement dans le calcul de $i+j$. ■

Ici, la terminaison n'est pas immédiate, on va la prouver à l'aide d'un variant de boucle. On considère ainsi la quantité $d(i, j) = j - i$.

- Comme le tableau est non vide, $d(0, n-1) \geq 0$. Ensuite, la condition de boucle est équivalente à $d(i, j) \geq 0$, donc cette quantité est bien entière et positive à l'entrée de chaque itération.
- Quand on passe à l'itération suivante, on passe
 - soit de $d(i, j)$ à $d(i, p-1)$. Or $d(i, j) - d(i, p-1) = j - i - \frac{i+j}{2} + 1 + i = 1 + \frac{j-i}{2} = 1 + \frac{d(i, j)}{2} > 0$.
 - soit de $d(i, j)$ à $d(p+1, j)$. Or $d(i, j) - d(p+1, j) = j - i - j + \frac{i+j}{2} + 1 + i = 1 + \frac{j-i}{2} > 0$.

Dans tous les cas, $d(i, j)$ diminue strictement.

Ainsi, il s'agit d'un variant de boucle et l'algorithme termine.

■ **Remarque 2.5** On remarque que le programme récursif suivant réalise également cet algorithme.

```

(* rech_dicho : int array -> int -> int -> int -> int option *)
let rec rech_dicho t i j x =
    if i <= j
    then let p = (i+j)/2 in
         let m = t.(p) in
         if x = m
         then Some p
         else if x < m
         then rech_dicho t i (p-1) x
         else rech_dicho t (p+1) j x
    else None

```

Il suffit alors d'appeler `rech_dicho t 0 (Array.length t - 1) x` pour faire une recherche sur tout le tableau.

Ici, il n'y a pas explicitement de boucle mais le même principe peut être mis en place pour prouver que le nombre d'appel récursifs est majoré, et donc que toute exécution termine. En effet, la quantité $d(i, j) = j - i$ diminue pour les mêmes raisons à chaque appel récursif et reste entière positive. ■

II Correction

Pour parler de correction d'un algorithme, il est nécessaire d'identifier précisément ce qui doit être calculé par l'algorithme. Pour cela, on considère ici informellement des spécifications dépendant des entrées et du résultat de l'algorithme. On verra dans le chapitre sur la logique qu'il s'agit ici de prédicats logiques.

Voici des exemples de spécifications :

- le tableau t en sortie est trié dans l'ordre croissant
- la valeur renvoyée est le plus petit indice de x dans le tableau ou -1 s'il ne le contient pas.

Définition II.1 Un algorithme est **correct** vis-à-vis d'une spécification lorsque quelle que soit l'entrée

- il **termine**
- le résultat renvoyé vérifie la spécification.

On considère également la correction **partielle** en l'absence de terminaison :

Définition II.2 Un algorithme est **partiellement correct** vis-à-vis d'une spécification lorsque quelle que soit l'entrée le résultat renvoyé vérifie la spécification.

II.1 Invariant de boucle

Définition II.3 On considère ici une boucle (conditionnelle ou non).

Un prédicat est appelé un **invariant de boucle** lorsque

- il est vérifié avant d'entrer dans la boucle
- s'il est vérifié en entrée d'une itération, il est vérifié en sortie de celle-ci.

Quand la boucle termine, on déduit alors que l'invariant est vérifié en sortie de boucle. On cherche donc un invariant qui permette de garantir la spécification en sortie de boucle.

■ **Remarque 2.6** Pour les boucles inconditionnelles, il y a une gestion implicite de l'indice de boucle qui va se retrouver dans l'invariant. On peut alors considérer que la sortie de boucle s'effectue après être passé à l'indice suivant. ■

Dans le cas d'une boucle conditionnelle portant sur la condition P et ayant un invariant de boucle I , en sortie le prédicat $\neg P \wedge I$ (non P et I) sera vérifié.

On peut illustrer cela en reprenant la fonction `plus_grande_puissance2` vue à la partie Terminaison. On considère ici le prédicat $I(k, p) := 2^{k-1} < n$ et $p = 2^k$.

- En entrée de boucle, on a bien $2^{-1} < n$.
- Si le prédicat est vérifié en entrée d'itération. On a alors $2^{k-1} < n$ et comme on est entrée dans cette itération $p = 2^k < n$. Donc en sortie d'itération on aura bien $I(k+1, 2p)$ car $2p = 2^{k+1}$.

Ainsi, ce prédicat est bien un invariant et en sortie de boucle (ce qui arrive nécessairement car l'algorithme termine), le prédicat $I(k, p)$ signifie que $2^{k-1} < n$ et la **condition de sortie de boucle** qu'on a $n \leq 2^k$.

La valeur renvoyée est bien k tel que $2^{k-1} < n \leq 2^k$ ce qui était la spécification annoncée du programme.

II.2 Exemple du tri par sélection

Le programme suivant présente un algorithme de tri, appelé le *tri par sélection* dont on va analyser la complexité. Il s'agit d'un tri qui repose sur un principe simple, on va chercher le plus petit élément du tableau à trier et le placer à la position courante. On définit ainsi trois fonctions :

- `echange` réalise l'échange de valeurs entre deux cases du tableau
- `indice_minimum` renvoie l'indice de la plus petite valeur entre deux indices donnés
- `tri_par_selection` réalise le tri en parcourant le tableau du premier au dernier indice et en plaçant à la position courante le minimum restant.

```
void echange(int *tableau, int i, int j)
{
    int temp = tableau[i];
    tableau[i] = tableau[j];
    tableau[j] = temp;
}

void indice_minimum(int *tableau, int min_indice, int max_indice)
{
    int i = min_indice;

    for (int j = min_indice + 1; j <= max_indice; j++)
    {
        if (tableau[j] < tableau[i])
            i = j;
    }

    return i;
}

void tri_par_selection(int *tableau, int taille)
{
    for (int i = 0; i < taille; i++)
    {
        echange(tableau, i, indice_minimum(tableau, i, taille-1));
    }
}
```

Il n'y a pas de problèmes de terminaison ici car toutes les boucles sont incondtionnelles. Pour prouver sa correction, on va considérer séparément les deux boucles.

- Boucle dans `indice_minimum`: on va valider l'invariant $I(i, j) := \forall k \in \llbracket i, j-1 \rrbracket, \text{tableau}[i] \leq \text{tableau}[k]$.
 - En entrée de boucle, on a $I(\text{min_indice}, \text{min_indice} + 1)$ vérifié directement.
 - Si en entrée d'itération, $I(i, j)$ est vérifié, ce qui signifie que $\text{tableau}[i]$ est plus petit que les valeurs compris entre les indices i et $j - 1$. Alors, on distingue deux cas :
 - soit $\text{tableau}[j] < \text{tableau}[i]$ et alors en sortie i devient $i' = j$. On a alors $\text{tableau}[i'] = \text{tableau}[j] < \text{tableau}[i] \leq \text{tableau}[k]$ pour $k \in \llbracket 1, j - 1 \rrbracket$. Donc $I(i', j + 1)$ est vérifié.
 - soit $\text{tableau}[i] \leq \text{tableau}[j]$ et ainsi on a pu prolonger le prédicat à $I(i, j + 1)$.
- Ce prédicat est bien un invariant. Ainsi, en sortie de boucle, et donc avant de renvoyer sa valeur, on a bien $I(i, \text{taille})$ donc $\text{tableau}[i]$ est la plus petite valeur du tableau.

- Boucle dans `tri_par_selection` : on va valider l'invariant $T(i) :=$ le sous-tableau `tableau[0..i-1]` des indices 0 à $i-1$ est trié et ne contient que des valeurs plus petites que celles du sous-tableau `tableau[i..taille-1]`.
 - En entrée de boucle, le sous-tableau est vide donc trié.
 - Si en entrée d'itération, le prédicat est vérifié. On récupère l'indice j du minimum du sous-tableau `tableau[i..taille-1]` à l'aide la fonction `indice_minimum`, par hypothèse `tableau[j]` est alors supérieur ou égal à chaque élément de `tableau[0..i-1]`, en le plaçant à l'indice i , on a bien `tableau[0..i]` qui est trié et par construction la valeur de `tableau[i]` est inférieure à toutes celles de `tableau[i+1..taille-1]`. On a ainsi $T(i+1)$ vérifié en sortie d'itération.

Ce prédicat est bien un invariant. Ainsi, en sortie de boucle, $T(\text{taille})$ est vérifié : le tableau est trié.

III Complexité

III.1 Complexité dans le pire des cas

Considérons un algorithme pour lequel on peut associer à chaque entrée une notion de taille (par exemple le nombre d'éléments d'un tableau). Pour $n \in \mathbb{N}$, on note ainsi I_n l'ensemble des entrées de taille n pour cet algorithme. Pour une entrée e , on note $t(e)$ le temps pris, par exemple en seconde, par l'algorithme sur l'entrée e . De même, on note $s(e)$ l'espace mémoire maximal, par exemple en octets, occupé par l'algorithme au cours de cette exécution **sans compter la taille des entrées**.

Définition III.1 On appelle :

- **complexité temporelle dans le pire des cas**, la suite $(C_n^t)_{n \in \mathbb{N}}$ telle que pour tout $n \in \mathbb{N}$, $C_n^t = \max_{e \in I_n} t(e)$.
- **complexité spatiale dans le pire des cas**, la suite $(C_n^s)_{n \in \mathbb{N}}$ telle que pour tout $n \in \mathbb{N}$, $C_n^s = \max_{e \in I_n} s(e)$.

Comme on va le voir, calculer explicitement ces suites n'a pas beaucoup d'intérêt tant elles sont dépendantes de la manière dont on mesure le temps et l'espace. Ce qui compte ici, c'est de connaître l'ordre de grandeur de ces complexités en fonction de n .

Pour un tableau de taille n , ce programme va effectuer n itérations et sa complexité est ainsi de l'ordre de n . Il est possible d'être très précis en considérant les temps pris

- pour mettre en place l'appel de fonction et le passage des arguments
- par la gestion de l'indice de la boucle for
- pour la comparaison, puis pour l'affectation éventuelle
- pour mettre en place la valeur de retour afin que le résultat soit lu

On peut remarquer que la notion de pire cas dépend de la précision à laquelle on se place. Ici, si on ne s'intéresse qu'à l'ordre de grandeur, tous les tableaux de taille n sont équivalents. Par contre, si on cherche avec précision le pire cas, il est atteint avec un tableau trié par ordre croissant car c'est le cas qui effectue une affectation à chaque itération.

```
int maximum(int *tableau, int taille)
{
    int M = INT_MIN;

    for(int i=0; i<taille; i++)
    {
        if (M > tableau[i])
            M = tableau[i];
    }

    return M;
}
```

III.2 Comparer des complexités

Avant de pouvoir comparer les complexités des algorithmes ou des programmes, il est nécessaire de mettre en place des outils pour en parler à la fois avec précision mais également sans rentrer dans des détails inextricables d'implémentation.

En effet, comparons les deux fonctions suivantes permettant de calculer le maximum d'un tableau non vide :

<pre>int maximum(int *tableau, int taille) { int M = INT_MIN; for(int i=0; i<taille; i++) { if (M > tableau[i]) M = tableau[i]; } return M; }</pre>	<pre>int maximum(int *tableau, int taille) { int M = tableau[0]; for(int i=1; i<taille; i++) { if (M > tableau[i]) M = tableau[i]; } return M; }</pre>
---	--

La fonction de gauche semble moins efficace que celle de droite car elle effectue une itération de boucle de moins. Mais on doit se poser la question de la pertinence de cette optimisation selon la taille du tableau.

De la même manière, il faut déterminer ce que l'on souhaite compter précisément :

- si on s'intéresse au temps mis, certaines opérations prennent moins de temps que d'autre (par exemple une addition par rapport à une multiplication) mais est-ce vraiment important à l'échelle considérée ?
- si on s'intéresse à l'espace mémoire, doit-on considérer la taille précise en octets ou se contenter d'une estimation plus grossière ?

Mis à part dans certains cadres assez spécifiques, on se contente le plus souvent d'un ordre de grandeur pour ces complexité. Pour cela, on utilise des relations de comparaisons de suites et une échelle de grandeur usuelle pour les comparer.

■ **Note 2.1** Redite ici avec la partie précédente. A reprendre.

III.2.i La notation grand O

Définition III.2 Soit $(u_n)_{n \in \mathbb{N}}$ et $(v_n)_{n \in \mathbb{N}}$ deux suites de nombres réels non nuls, on dit que la suite $(u_n)_n$ est dominée par $(v_n)_n$ lorsque la suite quotient $\left(\frac{u_n}{v_n}\right)_n$ est bornée.
On note alors $u_n = O(v_n)$.

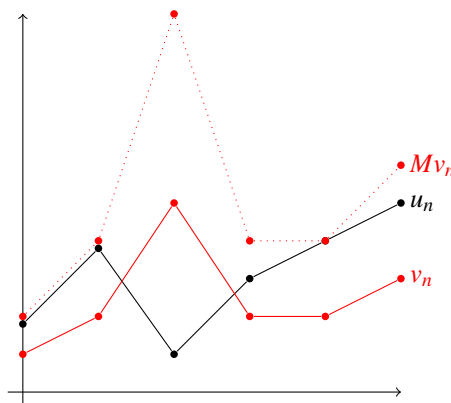
Cette dernière notation se lit u_n est un grand O de v_n .

■ **Remarque 2.7** C'est bien cette locution qu'il faut avoir en tête quand on pense aux grands O et il faut faire attention de ne pas considérer l'égalité en tant que telle sans s'assurer que ce l'on fait est licite. Quand on écrira par la suite $O(v_n)$ on signifiera *n'importe quelle suite qui soit un $O(v_n)$* .

Si $u_n = O(v_n)$, cela signifie qu'il existe un facteur $M > 0$ tel que pour tout entier n , on ait $-M|v_n| \leq u_n \leq M|v_n|$. Les variations de la suite $(u_n)_n$ sont ainsi entièrement contrôlées par les variations de $(v_n)_n$.

En informatique, on ne considère pour la complexité que des suites positives, ce qui permet de simplifier la relation : si $(u_n)_n, (v_n)_n$ sont des suites de réels strictement positifs, alors $u_n = O(v_n) \iff \exists M > 0, \forall n \in \mathbb{N}, u_n \leq Mv_n$. C'est le cadre dans lequel on se place implicitement dans la suite de ce document.

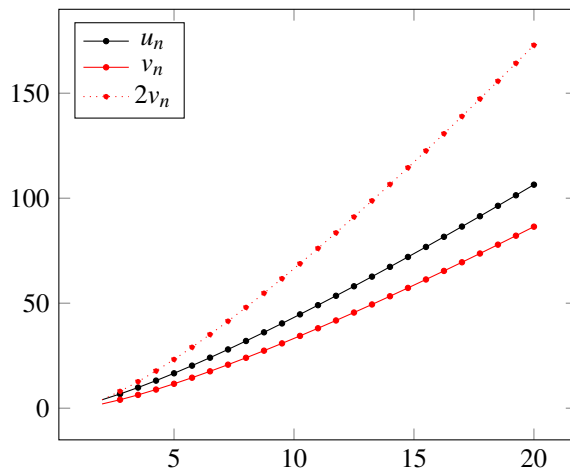
On peut visualiser graphiquement cette relation :



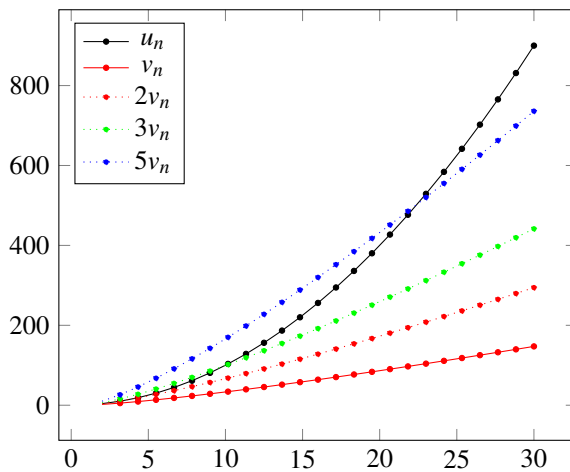
On a $u_n = O(v_n)$ si et seulement s'il est possible de multiplier les ordonnées de chaque point (n, v_n) par une constante afin que ces nouveaux points soient tous au-dessus des points (n, u_n) . On peut voir que la courbe déduite des v_n enveloppe, à un facteur près, celle des u_n .

Remarque : On a relié ici les valeurs des suites pour mieux mettre en valeur cette notion d'enveloppe.

Cette relation est une notion **asymptotique** : elle n'a d'intérêt que lorsqu'on considère des rangs au voisinage de l'infini. En effet, pour un nombre fini de termes, il est toujours possible de trouver un tel M , mais pour un nombre infini, ce n'est pas le cas.



Ici, on compare asymptotiquement les suites $(u_n)_n$ et $(v_n)_n$ où pour $n \in \mathbb{N}$, $u_n = n + n \log_2 n$ et $v_n = n \log_2 n$. Pour simplifier la visualisation, on a tracé les fonctions correspondantes. On remarque qu'on a bien $n + n \log_2 n = O(n \log_2 n)$.



Par contre, si on compare les suites $(u_n)_n$ et $(v_n)_n$ où pour $n \in \mathbb{N}$, $u_n = n^2$ et $v_n = n \log_2 n$, on remarque que quelle que soit la valeur choisie pour M , il y aura un rang à partir duquel $u_n > Mv_n$. Ici, $n^2 \neq O(n \log_2 n)$.

■ **Remarque 2.8** On a ici utilisé le logarithme en base 2, noté \log_2 , qui est essentiel informatique : si $x = \log_2(n)$ alors $n = 2^x$ où x est un réel. On considère aussi $p = \lceil \log_2(n) \rceil$ qui est le plus petit entier égal ou supérieur à $\log_2(n)$. On parle de **partie entière supérieure** et on a alors $2^{p-1} < n \leq 2^p$. Cet entier p correspond alors au plus petit nombre de chiffre nécessaire pour pouvoir écrire n en binaire. On a $\lceil \log_2(n) \rceil = O(\log_2(n))$ et ainsi, le plus souvent, on ne considère pas la partie entière explicitement. De la même manière, $\log_2(n) = \frac{\ln n}{\ln 2} = O(\ln n)$. ■

Un cas important de grand O est celui des $O(1)$. Si $u_n = O(1)$, cela signifie que $(u_n)_{n \in \mathbb{N}}$ est une suite bornée.

III.2.ii Échelle de comparaison

On rappelle les limites obtenues en mathématiques que l'on nomme **croissances comparées** :

$$\forall \alpha, \beta > 0, \lim_{n \rightarrow +\infty} \frac{(\ln n)^\alpha}{n^\beta} = 0$$

$$\forall \alpha \in \mathbb{R}, \forall \beta > 1, \lim_{n \rightarrow +\infty} \frac{n^\alpha}{\beta^n} = 0$$

Or, si $\frac{u_n}{v_n} \xrightarrow{n \rightarrow +\infty} 0$ a fortiori le quotient est borné et $u_n = O(v_n)$. Ainsi, on a les relations suivantes :

$$\forall \alpha, \beta > 0, (\log_2 n)^\alpha = O(n^\beta)$$

$$\forall \alpha \in \mathbb{R}, \forall \beta > 1, n^\alpha = O(\beta^n)$$

De plus, si $\alpha \geq \beta > 0$, $n^\beta = O(n^\alpha)$, $(\log_2 n)^\beta = O((\log_2 n)^\alpha)$ et $\beta^n = O(\alpha^n)$.

On se ramène souvent à des complexités qui sont des grand O de produits de ces suites.

III.2.iii Ordre de grandeur et relation Θ

On vient de voir que $\log_2 n = O(n)$, mais on a également $\log_2 n = O(n^2)$. Quand on cherche à caractériser la complexité par un grand O, on va souvent chercher le grand O le plus proche de la suite.

Il est possible de définir cela précisément en considérant des suites qui sont chacune des grand O l'une de l'autre.

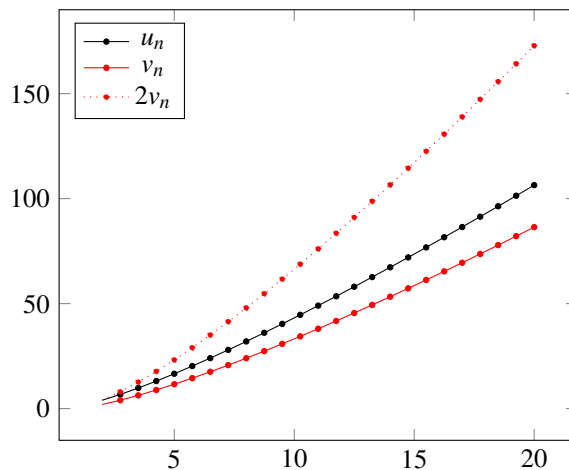
Par exemple, on a vu que $n \log_2 n + n = O(n \log_2 n)$, mais on a également $n \log_2 n = O(n + n \log_2 n)$.

Quand $u_n = O(v_n)$ et $v_n = O(u_n)$, on note $u_n = \Theta(v_n)$ qui est une relation symétrique qui correspond à la notion avoir le même ordre de grandeur. Très souvent, lorsque l'on parle de complexité, on utilise des grand O quand, en fait, on exprime des Θ . Par exemple, l'accès à un élément dans un tableau est en $O(1)$ et il ne serait pas précis de dire que c'est en $O(n)$ **même si c'est parfaitement correct**.

On peut visualiser cette relation Θ en considérant qu'il existe ainsi $M, M' > 0$ tels que $u_n \leq Mv_n$ et $v_n \leq M'u_n$. Mais on a alors

$$1/M'v_n \leq u_n \leq Mv_n$$

Ainsi, $u_n = \Theta(v_n)$ signifie qu'on peut encadrer $(u_n)_n$ entre deux multiples de $(v_n)_n$.



En reprenant la figure précédente, on observe visuellement

$$n \log_2 n \leq n \log_2 n + n \leq 2n \log_2 n$$

Avoir $u_n = \Theta(v_n)$ signifie donc que u_n évolue entre deux guides suivant les variations de v_n .

III.2.iv Opérations sur les grands O

Si $u_n = O(w_n)$ et $v_n = O(w_n)$ alors $u_n + v_n = O(w_n)$. Ainsi, des grand O de même ordre s'ajoutent.

■ **Remarque 2.9** Comme on l'a vu précédemment, un grand O n'est pas très précis, et il est possible que par ajout on puisse obtenir un meilleur grand O . Par exemple : $n = O(n)$ et $\log_2 n - n = O(n)$ mais $n + \log_2 n - n = \log_2 n = O(n)$. Comme on ne considère ici que des suites strictement positifs, ce phénomène de compensation n'aura pas lieu. ■

Si $u_n = O(v_n)$ et w_n est une autre suite de réels strictement positifs, alors $u_n w_n = O(v_n w_n)$. On en déduit ainsi un principe qui nous sera utile par la suite $nO(1) = O(n)$.

III.3 Complexités en temps classiques

On parle ici de complexité par raccourci pour parler de complexité dans le pire des cas en temps.

■ **Note 2.2** Pas convaincu de l'intérêt de ce raccourci par rapport à l'imprécision qui en résulte sur un chapitre d'introduction. ■

III.3.i Complexité constante

On dit qu'un algorithme a une complexité constante quand $C_n^t = O(1)$. Il existe ainsi une constante M telle que le temps pris par l'algorithme **sur une entrée quelconque** soit inférieur à M .

De nombreuses opérations sont en temps constant sur les structures de données usuelles. Parmi celles-ci, citons-en deux essentielles :

- accéder à une case d'indice quelconque dans un tableau
- accéder à la tête ou à la queue d'une liste chaînée

Les algorithmes ou opérations en temps constant jouent un rôle primordiale dans l'analyse de la complexité d'algorithmes, comme on le verra dans la partie suivante, car elles permettent de se concentrer sur les répétitions de ces opérations pour déterminer la complexité : une boucle qui se répète n fois et n'effectue que des opérations en temps constant dans son corps sera de complexité $nO(1) = O(n)$.

III.3.ii Complexité linéaire

On dit qu'un algorithme a une complexité linéaire quand $C_n^t = O(n)$.

Cette complexité correspond à un traitement de temps constant sur chaque élément d'une entrée de taille n . C'est le cas de la recherche d'un élément dans un tableau ou de la recherche de son maximum.

Pour la recherche linéaire d'un élément, correspondant par exemple au programme ci-contre, le pire cas correspond à ne pas avoir x dans `tableau` ce qui oblige à effectuer toutes les itérations. On a bien une complexité temporelle en pire cas de $O(n)$.

```
int recherche(int *tableau, int taille, int x)
{
    /* renvoie le plus petit indice i tel que tableau[i]
       ou -1 si x n'est pas dans le tableau */
    for(int i = 0; i < taille; i++)
    {
        if (tableau[i] == x)
            return i;
    }
    return -1;
}
```

III.3.iii Complexité quadratique, polynomiale

On dit qu'un algorithme a une complexité quadratique quand $C_n^t = O(n^2)$. Par extension, on dit qu'il a une complexité polynomiale quand il existe $k \in \mathbb{N}$ tel que $C_n^t = O(n^k)$. Par extension, on parle parfois de complexité polynomiale pour des complexité plus précise en $O(n^\alpha)$ où α est un réel strictement positif.

L'exemple classique d'un algorithme quadratique est celui dû à un double parcours d'un tableau. On reprend ici l'algorithme de tri par sélection vu dans la partie Exemple du tri par sélection.

Afin d'analyser sa complexité, on procède fonction par fonction pour un tableau de taille n :

- `echange` est en temps constant. $O(1)$
- `indice_minimum` réalise un parcours du tableau et effectue des opérations en temps constant à chaque étape. La complexité est donc linéaire. $O(n)$
- `tri_par_selection` réalise également un parcours du tableau mais à chaque étape, on appelle `indice_minimum` qui est en $O(n)$, la complexité est donc en $nO(n) = O(n^2)$: elle est quadratique.

III.3.iv Complexité logarithmique

On dit qu'un algorithme a une complexité logarithmique quand $C_n^t = O(\log_2 n)$.

Pour illustrer cette complexité, on reprend l'algorithme de recherche dichotomique vu dans la partie Exemple de la recherche dichotomique.

Chaque opération effectuée étant en temps constant, la complexité de cet algorithme correspond au nombre d'itérations, soit ici au nombre d'appels récursifs.

Si on considère un sous-tableau de $n = j - i + 1$ éléments lors de l'appel, un appel récursif se fera nécessairement sur un sous-tableau de $\lfloor n/2 \rfloor$ éléments. Ainsi, si $2^{k-1} < n \leq 2^k$, l'algorithme effectue moins de k itérations. En passant au logarithme, on a donc $k - 1 < \log_2 n \leq k$. Donc, le nombre d'itérations est en $O(\log_2 n)$ et c'est ainsi la complexité de l'algorithme.

■ **Note 2.3** Esquisser dès maintenant le lien entre longueur d'une branche dans un arbre de décision et complexité logarithmique? ■

III.3.v Complexité quasi-linéaire

On dit qu'un algorithme a une complexité quasi-linéaire quand $C_n^t = O(n \log_2 n)$. C'est le cas de la plupart des algorithmes efficaces de tri de n éléments. On peut même montrer qu'il s'agit de la complexité optimale.

Comme de nombreux algorithmes commencent par effectuer un tri avant d'effectuer un traitement linéaire, on retrouve des algorithmes quasi-linéaire par simple utilisation de ce tri.

III.3.vi Complexité exponentielle

On dit qu'un algorithme a une complexité exponentielle quand $C_n^t = O(a^n)$ pour $a > 0$.

Un exemple fondamental d'un tel algorithme est celui de l'énumération de données, par exemple pour chercher une solution par force brute. En effet, il y a 2^n entrées codées sur n bits et un algorithme cherchant une solution ainsi parmi ces entrées aura une complexité en $O(2^n)$.

III.3.vii Estimation de l'impact des complexités sur le temps

Afin de mesurer l'impact d'une complexité, on va considérer un algorithme qui s'exécute en 1 seconde sur un entrée de taille n , et on va calculer combien de temps prendrait ce même algorithme sur une entrée de taille $10n$.

Pour simplifier, on considère à chaque fois que C_n^t correspond exactement à l'ordre du grand O .

Complexité	Temps pour 10n	Temps pour 100n
1	1s	1s
$\log_2 n$	1,003s	1,007s
n	10s	1m40s
$n \log_2 n$	14,7s	3m13s
n^2	1m40s	2h46m40s
2^n	10^{19} années	10^{289} années.

■ **Remarque 2.10** Pour déterminer ces valeurs, on a considéré une unité de mesure de 1000ms afin d'en déduire une valeur de n .

Ainsi, si $\log_2 n = 1000$ on a $n = 2^{1000}$. Bien sûr, ici, ce nombre 2^{1000} n'est pas réaliste. Dans un contexte de mémoire finie, une complexité logarithmique est identifiable à une complexité constante. Cela justifie la terminologie quasi-linéaire.

Si $n \log_2 n = 1000$ alors $n \approx 140, 2$. Or, $1402 \log_2 1402 \approx 14700ms$.

Si $2^n = 1000$, alors $n \approx 10$. Or $2^{100} \approx 10^{30}$.

III.4 Calculer des complexités

Deux principes fondamentaux pour calculer des complexités :

- Si on effectue deux passes successives chacune en $O(u_n)$ alors la complexité globale est en $O(u_n)$. Il ne s'agit que de reformuler l'addition des grands O. Quand on a deux passes de complexité différente, il suffit d'utiliser la plus grande complexité. Par exemple, un algorithme qui commence par un tri en $O(n \log_2 n)$ et qui effectue ensuite un traitement en $O(n)$ sera de complexité globale $O(n \log_2 n)$ car le traitement est également en $O(n \log_2 n)$.
- Si on effectue u_n itérations et que chaque itération est en $O(v_n)$ alors l'algorithme a une complexité de $O(u_n v_n)$. Cela permet de compter le nombre de boucles imbriquées et de se contenter de regarder ce qui se passe dans le corps des boucles.

III.5 Complexité à plusieurs paramètres

Jusqu'ici on a considéré des entrées dépendant d'un unique paramètre n , mais il est possible d'avoir des données dépendant de plusieurs paramètres.

On adapte directement la notation des grands O : si $(u_{n,p})$ et $(v_{n,p})$ sont deux suites de réels non nuls dépendant de deux paramètres, on note toujours $u_{n,p} = O(v_{n,p})$ quand le quotient est borné.

III.5.i Données multidimensionnelles

Le cas le plus usuel de complexité dépendant de plusieurs paramètres est celui des données multidimensionnelles comme une image.

Si on considère une opération effectuant un traitement en temps constant sur chaque pixel d'une image de $w \times h$ pixels, cette opération aura une complexité en $O(wh)$. On ne peut plus parler de complexité linéaire ou quadratique ici car cela dépend d'une éventuelle relation entre w et h : si on ne travaille que sur des images de taille $1 \times h$ alors la complexité est $O(h)$, mais on ne travaille que sur des images carrées, donc pour lesquelles $w = h$, la complexité est $O(h^2)$.

Plus généralement, si on considère des données organisées dans des tableaux imbriqués, on effectuera un traitement sur chaque donnée à l'aide de boucles imbriquées non conditionnelles. La complexité sera alors celle du corps de boucles multipliée par le produit du nombre d'itérations de chaque boucle.

III.5.ii Compromis entre paramètres

Dans certains cas, en particulier pour les graphes, on peut effectuer des traitements successifs dont la complexité ne s'exprime pas en fonction du même paramètre. Imaginons par exemple un programme ayant la structure suivante :

```
for (int i = 0; i < n; i++)
{
    /* corps de boucle en O(1) */
}

for (int j = 0; j < p; j++)
{
    /* corps de boucle en O(1) */
}
```

La complexité de la première boucle est en $O(n)$ et celle de la deuxième en $O(p)$. La complexité globale est en $O(n + p)$ car $n \leq n + p$ et $p \leq n + p$.

III.6 Complexité en moyenne

On reprend ici les notations de la partie Complexité dans le pire des cas.

Définition III.3 Lorsque pour tout $n \in \mathbb{N}$, I_n est fini, on appelle :

- **complexité temporelle en moyenne** la suite $(C_n^{t,m}) = \frac{1}{|I_n|} \sum_{e \in I_n} t(e)$.
- **complexité spatiale en moyenne** la suite $(C_n^{s,m}) = \frac{1}{|I_n|} \sum_{e \in I_n} s(e)$.

On peut étendre cette définition à un cadre infini en considérant une distribution de probabilité sur I_n et T_n la variable aléatoire associée à t sur I_n . Si T_n est d'espérance finie, on pourra parler de complexité en moyenne pour la suite des $E(T_n)$. Concrètement, on considère alors une fonction $p_n : I_n \rightarrow [0, 1]$ telle que $\sum_{e \in I_n} p(e) = 1$ et, lorsque la somme est définie, on note ainsi

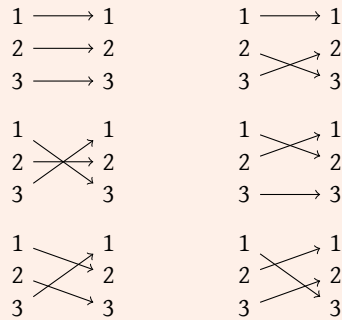
$$C_n^{t,m} = \sum_{e \in I_n} p(e)t(e)$$

$$C_n^{s,m} = \sum_{e \in I_n} p(e)s(e)$$

Un exemple usuel de calcul de complexité en moyenne est celui des tris. En effet, même si les entrées de taille n sont infinies, on peut considérer qu'un tableau de valeurs deux à deux distinctes est l'image par une permutation du tableau triée. Si le tableau est de taille n , on aura ainsi $n!$ permutations ce qui permet, du moment que l'algorithme de tri considéré ne dépend que cette permutation, de calculer la complexité en moyenne sur l'ensemble des permutations.

■ **Remarque 2.11** Les permutations d'un ensemble sont les applications bijectives de cet ensemble dans lui-même. Si l'ensemble contient n éléments, il y a $n!$ permutations.

Par exemple, les six permutations sur l'ensemble $\{1, 2, 3\}$ correspondent aux diagrammes sagittaires suivants :



Ces six permutations correspondant elles-mêmes, de gauche à droite et de haut en bas, aux tableaux $\{1, 2, 3\}$, $\{1, 3, 2\}$, $\{3, 2, 1\}$, $\{2, 1, 3\}$, $\{2, 3, 1\}$ et $\{3, 1, 2\}$.

III.6.i Exemple de calcul de complexité temporelle en moyenne

On considère la recherche linéaire vue dans la partie Complexité linéaire. L'ensemble des entrées est ici infini, on va donc supposer pour faire le calcul qu'on ne considère que des tableaux de valeurs deux à deux distinctes et qu'on recherche un élément présent dans le tableau, chaque élément étant équiprobable.

Si on recherche le i -ème élément du tableau, l'algorithme effectue i itérations avant d'y accéder et de renvoyer son indice. Ainsi, le temps pour cet entrée est de iC où C est le coût d'une itération.

La complexité temporelle en moyenne est alors $C_n^{t,m} = \sum_{i=1}^n \frac{1}{n} iC = \frac{(n+1)C}{2} = O(n)$. On retrouve ici la même complexité que la complexité dans le pire des cas. La sortie prématurée de la boucle n'a donc aucune influence sur la complexité.

III.7 Complexité amortie

Dans le cadre de l'étude des structures de données, il est fréquent de considérer non pas la complexité dans le pire des cas d'une opération mais celle d'une succession d'opérations divisée par le nombre d'opérations effectuées. Ainsi, on peut très bien avoir une opération ponctuellement plus coûteuse que les autres, mais en procédant ainsi on lisse le surcoût sur l'ensemble des opérations. On parle alors de **complexité amortie**.

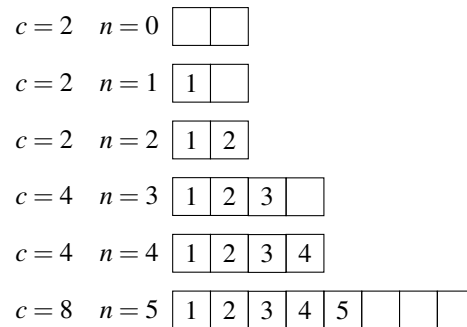
■ **Remarque 2.12** Cette notion ne masque pas le fait qu'une opération puisse prendre ponctuellement plus de temps. Dans des contextes temps réel où il est important de maîtriser pleinement les complexités, il est peu judicieux d'utiliser de telles complexités. Par exemple, dans une visualisation en 3D, pour maintenir un débit constant d'images par secondes, chaque image doit prendre un temps similaire. Se reposer sur une structure de donnée ayant une faible complexité amortie mais une complexité dans le pire des cas importante, c'est risquer d'avoir des saccades avec une image qui prendrait plus de temps pour être calculée.

Un exemple simple est donnée par la structure de données des tableaux dynamiques. C'est la structure de données utilisées dans de nombreux langages de haut niveau pour implémenter le type abstrait des listes. La différence principale entre cette structure de données et celle des tableaux de C est qu'on peut ajouter et supprimer des éléments.

Un tableau dynamique d'entiers est un triplet (t, c, n) où t est un tableau de taille c , appelée la capacité du tableau dynamique, et n est un autre entier représentant la taille logique du tableau. A tout moment $c \geq n$. Dans t il y a ainsi $c - n$ cases déjà allouées qui permettent de rajouter un élément en temps constant. Quand $c = n$, on alloue une nouvelle zone mémoire,

souvent de taille $2c$, on déplace le tableau t dans cette zone et on a donc pour cet ajout prévu un certain nombre de cases d'avance.

La figure suivante présente une succession d'ajouts :



Une implémentation de ces opérations est proposée dans le programme suivant :

```
#include <stdio.h>
#include <stdlib.h>

typedef struct {
    int *t;
    size_t c;
    size_t n;
} tableau_dynamique ;

tableau_dynamique tableau_dynamique_creer()
{
    tableau_dynamique d;
    const size_t capacite_initiale = 2;

    d.t = malloc(capacite_initiale * sizeof(int));
    d.c = capacite_initiale;
    d.n = 0;

    return d;
}

void tableau_dynamique_ajout(tableau_dynamique *d, int x)
{
    if (d->c == d->n) {
        d->c = 2 * d->c;
        d->t = realloc(d->t, d->c * sizeof(int));
    }
    d->t[d->n] = x;
    d->n++;
}

void tableau_dynamique_print(tableau_dynamique d)
{
    printf("c=%d\tn=%d\nt|", d.c, d.n);
    for (size_t i = 0; i < d.n; i++) {
        printf("%d|", d.t[i]);
    }
    for (size_t i = d.n; i < d.c; i++) {
```

```

        printf(" |");
    }
    printf("\n");
}

int main(void) {
    tableau_dynamique d = tableau_dynamique_creer();
    tableau_dynamique_print(d);
    for (int i = 1; i < 6; i++) {
        tableau_dynamique_ajout(&d,i);
        tableau_dynamique_print(d);
    }
}

```

Ce programme, une fois exécuté produit la sortie suivante qui permet de retrouver exactement le comportement attendu :

```

c=2 n=0 | | |
c=2 n=1 |1| |
c=2 n=2 |1|2|
c=4 n=3 |1|2|3| |
c=4 n=4 |1|2|3|4|
c=8 n=5 |1|2|3|4|5| | | |

```

Calculons la complexité amortie de l'ajout d'un élément. Si on considère un ajout d'élément qui provoque une réallocation du tableau, celle-ci sera en $O(c)$ et les $c - 1$ opérations suivantes d'ajout seront en $O(1)$. La complexité globale de ces c opérations d'ajout est alors en $O(c)$, ce qui donne une complexité amortie en $O(1)$. On peut ainsi considérer que l'ajout d'un élément dans un tableau dynamique est en complexité temporelle amortie constante.

■ **Note 2.4** Il faut faire un choix entre reprendre ici une preuve plus précise ou la garder pour un chapitre ultérieur avec au moins un exemple de méthode du potentiel (Skew Heaps?)

III.8 Pertinence de la complexité spatiale

Même si la complexité temporelle est le plus souvent celle qui est importante à calculer, certains algorithmes ont une complexité temporelle faible mais en contrepartie une complexité spatiale élevée. On parle alors de compromis temps-mémoire.

Un exemple classique d'un tel compromis est celui de la programmation dynamique où on passe d'une complexité temporelle exponentielle à une complexité temporelle polynomiale en stockant des valeurs intermédiaires pour ne pas les recalculer. En procédant ainsi, on passe d'une complexité spatiale constante à polynomiale.

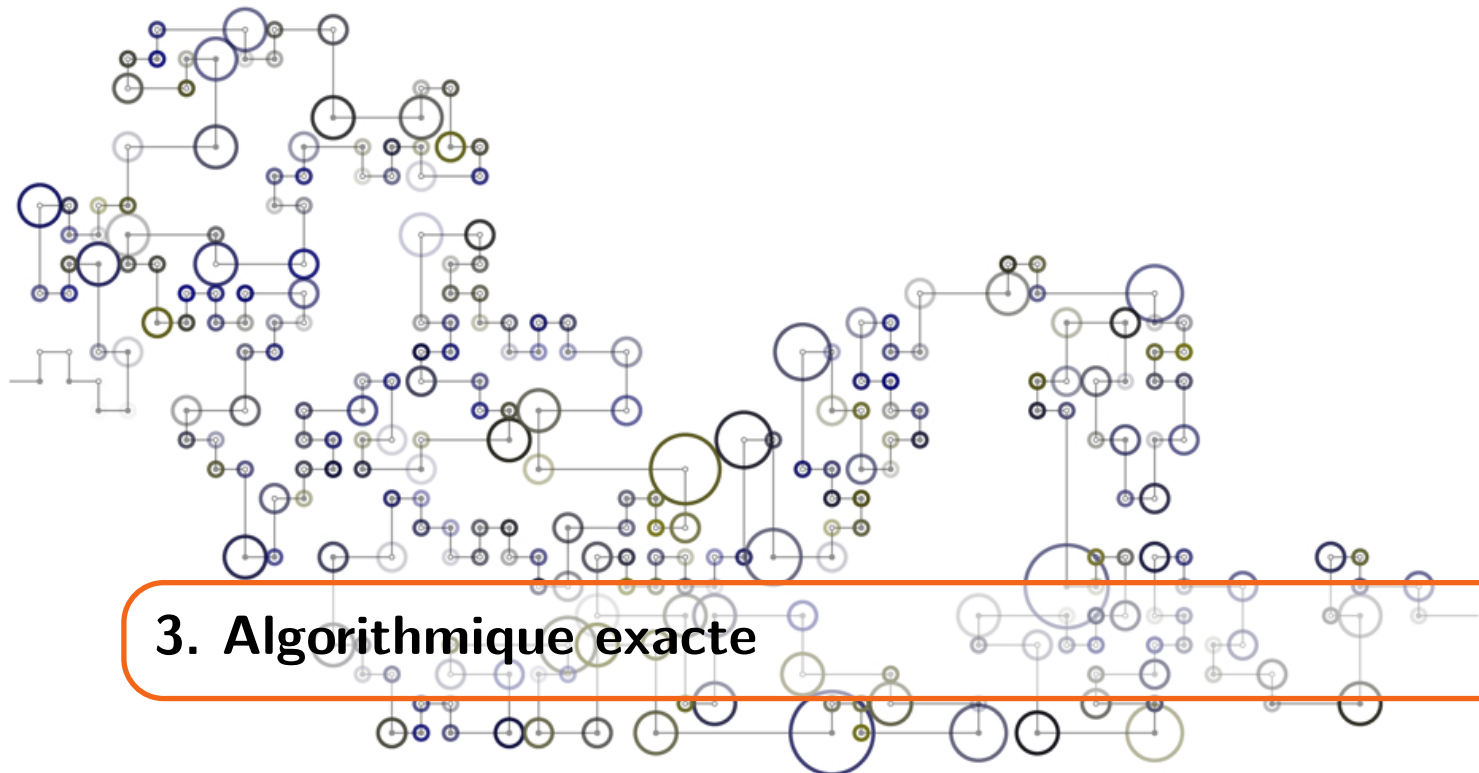
Cela est illustré dans le programme suivant qui permet de déterminer le n -ième terme de la suite de Fibonacci, ce qui n'a pas d'intérêt informatique mais est caractéristique de récurrence que l'on résoudra par la programmation dynamique.

```

(* Fibonacci exponentiel *)
let rec fibo n =
    if n = 0
    then 0
    else if n = 1
    then 1
    else fibo (n-1) + fibo (n-2)

```

```
(* Fibonacci linéaire *)  
let fibo n =  
  let prec = Array.make (n+1) 0 in  
  prec.(0) <- 0;  
  prec.(1) <- 1;  
  for i = 2 to n do  
    prec.(i) <- prec.(i-1) + prec.(i-2)  
  done;  
  prec.(n)
```

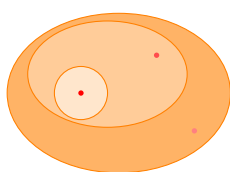


Source image : <https://www.flickr.com/photos/x6e38/3440634940/>

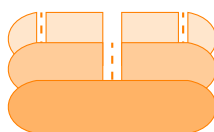
■ **Remarque 3.1** Dans ce chapitre, on étudie des problèmes pour lesquels on va exprimer des algorithmes permettant d'obtenir des solutions exactes. C'est à contraster avec le chapitre sur l'algorithmique approchée.

Une grande partie des stratégies de résolution est basée sur la résolution de sous-problèmes. On verra ainsi trois types de stratégies résumées dans le schéma suivant :

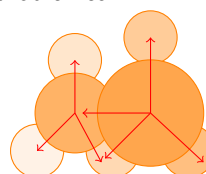
Stratégies de résolution basées sur des sous-problèmes



Algorithme Glouton
Optimal - Choix Glouton - Sous-problème optimal



Diviser pour Régner
Optimal - Sous-problèmes disjoints - Fusion



Programmation dynamique
Optimal - Sous-problèmes superposés - Stratégie de calcul

I Recherche par force brute

I.1 Principe

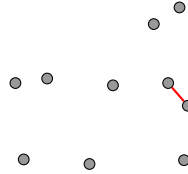
Considérons un problème du type trouver un $x \in V$ vérifiant une propriété $P(x)$. Par exemple, V est l'ensemble des chaînes de caractère et P vérifie si une chaîne est un mot de passe qu'on cherche. Dans certains problèmes, un tel x n'est pas unique et on cherche à tous les énumérer.

Une recherche par force brute, ou recherche exhaustive, consiste à parcourir l'ensemble V jusqu'à obtenir une solution. Pour la recherche du mot de passe, on pourrait commencer par

énumérer les chaînes de longueur 1, puis de longueur 2, et ainsi de suite.

Le plus souvent, l'ensemble V est fini (pour les mots de passe, cela peut consister à limiter la longueur maximale du mot de passe). Ainsi, une recherche par force brute effectuée $O(|V|)$ itérations.

Considérons le problème *PlusProchePaire* qui, étant donné un ensemble de n points ($n \geq 2$), détermine la paire constituée des deux points les plus proches.



Une implémentation naïve de la recherche par force brute consiste à énumérer les $\frac{n(n-1)}{2}$ paires et donc à effectuer $O(n^2)$ itérations.

```
let plus_proche_paire points =
  let n = Array.length points in
  let min_paire = ref (distance points.(0) points.(1), (0, 1)) in
  for i = 0 to n - 1 do
    for j = i+1 to n - 1 do
      let d = distance points.(i) points.(j) in
      if d < !min_paire
      then min_paire := (d, (i, j))
    done
  done;
  snd !min_paire
```

I.2 Raffinement : droite de balayage

Il est parfois possible d'accélérer la recherche par force brute en ordonnant le parcours des candidats pour pouvoir éviter de tester certains d'entre eux.

En géométrie algorithmique, une approche classique consiste à ordonner les objets selon leur abscisse et à parcourir les objets par abscisse croissante. On parle alors de **droite de balayage** (en anglais, *sweep line*) car cela revient à balayer le plan par une droite verticale en ne traitant que les objets avant cette ligne.

Reprenons le problème précédent, on considère que les points sont triés par abscisse croissante : $(x_0, y_0), \dots, (x_{n-1}, y_{n-1})$. On va parcourir les points dans cet ordre en maintenant un ensemble de points à gauche du point courant, appelés *points actifs*, et en ne calculant que les intersections avec les points actifs.

Si on a parcouru les N premiers points et qu'on a obtenu que la plus petite distance était d , lorsqu'on considère le point (x_N, y_N) , il est inutile de tester les points qui sont forcément à distance $> d$ de celui-ci. C'est-à-dire qu'on peut éliminer les points qui ne sont pas dans le rectangle $[x_N - d, x_N] \times [y_N - d, y_N + d]$ du test. Les points dont l'abscisse est $< x_N - d$ peuvent être éliminés définitivement vu que l'on raisonne par abscisse croissante, par contre, les points d'ordonnées invalides doivent être conservés pour les points ultérieurs.

Ce rectangle est représenté sur le schéma suivant ainsi qu'une ligne imaginaire qui correspond à l'abscisse du point courant et qu'on peut imaginer parcourant le plan de gauche à droite pour traiter les points au fur et à mesure.



Afin de déterminer la complexité de cet algorithme, il est nécessaire de connaître le nombre maximal de points dans le rectangle. Comme ces points ont été pris en compte précédemment, ils sont forcément à distance au moins d les uns des autres. Il s'agit donc de déterminer le nombre maximum de points qu'on peut placer dans ce rectangle à distance au moins d . On remarque tout d'abord qu'on peut placer six points ainsi :



Si jamais on avait au moins sept points, on peut voir qu'il y a forcément un des six sous-rectangles suivants qui contiendrait au moins deux points :



Or, ces sous-rectangles sont de longueur $\frac{1}{2}d$ et de hauteur $\frac{2}{3}d$, donc la distance maximale entre deux de leurs points correspond à la longueur des diagonales : $\sqrt{\frac{1}{4} + \frac{4}{9}}d = \frac{5}{6}d < d$.

Comme un de ces six points est le point courant, il y a toujours au plus 5 points dans l'ensemble des points actifs.

Voici le principe de l'algorithme que l'on va implémenter :

- On trie le tableau `points` par ordre croissant. **Complexité** : $O(n \log n)$
- On initialise la plus petite distance `d` courante à la distance entre les deux premiers points
- On crée un ensemble `actifs`, ordonné par les ordonnées, de points contenant initialement les deux premiers points
- Pour chaque point (x, y) en partant du deuxième :
 - On supprime les points (x', y') tels que $x' < x - d$ de `actifs`. **Complexité** : sur l'ensemble des itérations on ne pourra jamais supprimer deux fois un point, donc on effectue au maximum n suppressions chacune en $O(\log n)$ donc $O(n \log n)$.
 - On parcourt les points de `actifs` dont les ordonnées sont comprises entre $y - d$ et $y + d$. **Complexité** : pour récupérer le premier point de l'ensemble, il faut $O(\log n)$ en pire cas (tous les points actifs) et ensuite on effectue au plus 5 itérations comme on vient de le prouver.

On remarque ainsi que la complexité en temps et en pire cas de cet algorithme est de $O(n \log n)$. Ici, le fait d'avoir la structure `actifs` ordonnée par les ordonnées est crucial pour garantir la complexité. Pour la réalisation d'une structure d'ensemble ordonnée ayant ces complexité, voir le chapitre FIXME.

Ici, on utilise le module Set d'OCaml pour réaliser la structure d'ensemble, pour cela on commence par créer le module PointSet pour les ensembles de points :

```
module Point = struct
  type t = float * float
  let compare (x1,y1) (x2,y2) = Stdlib.compare y1 y2
end

module PointSet = Set.Make(Point)
```

Puis on définit une fonction permettant de parcourir les points entre deux ordonnées :

```
let set_iter_entre f set bas haut =
  try
    let e = PointSet.find_first (fun p -> snd p >= bas) set in
    let seq = PointSet.to_seq_from e set in
    let rec aux seq =
      match seq () with
      | Seq.Nil -> ()
      | Seq.Cons (p, seq_suite) ->
          if snd p <= haut
          then begin
            f p;
            aux seq_suite
          end
    in aux seq
  with Not_found -> ()
```

On implémente alors assez directement l'algorithme décrit précédemment :

```
let plus_proche_paire_balayage points =
  let compare (x1,y1) (x2,y2) =
    if x1 = x2
    then if y1 < y2 then -1 else 1
    else if x1 < x2 then -1 else 1
  in
  Array.sort compare points;
  let n = Array.length points in
  let d = ref (distance points.(0) points.(1)) in
  let couple = ref (points.(0), points.(1)) in
  let actifs = ref (PointSet.empty
    |> PointSet.add points.(0) |> PointSet.add points.(1)) in

  let gauche = ref 0 in

  for i = 2 to n-1 do
    let xi, yi = points.(i) in

    while fst points.(!gauche) < xi -. !d do
      actifs := PointSet.remove points.(!gauche) !actifs;
      incr gauche
    done;

    set_iter_entre (fun pj ->
      let dip = distance points.(i) pj in
      if dip < !d
```

```

    then begin
        couple := (points.(i), pj);
        d := dip
    end) !actifs (yi -. !d) (yi +. !d);

    actifs := PointSet.add points.(i) !actifs
done;
!d

```

I.2.i Problème : test d'intersection pour un ensemble de segments

Considérons le problème suivant *IntersectionEnsemble* : étant donné n segments dans le plan, il s'agit de déterminer si au moins deux des segments s'intersectent.

■ **Remarque 3.2** On peut considérer ici que l'on dispose d'une fonction

```

intersecte : (float * float) * (float * float)
            -> (float * float) * (float * float) -> bool

```

qui teste l'intersection entre deux segments.

Cependant, il est possible d'écrire une telle fonction avec un peu de géométrie élémentaire.

Si on considère que les deux segments sont $[A_1B_1]$ et $[A_2B_2]$, avec $A_1 \neq B_1$ et $A_2 \neq B_2$, alors chaque point du segment $[A_1B_1]$ est de la forme $A_1 + t\overrightarrow{A_1B_1}$ où $t \in [0, 1]$. De même les points du segments $[A_2B_2]$ sont de la forme $A_2 + u\overrightarrow{A_2B_2}$ où $u \in [0, 1]$.

S'il y a une intersection, c'est qu'il existe $(t, u) \in [0, 1]^2$ tel que

$$A_1 + t\overrightarrow{A_1B_1} = A_2 + u\overrightarrow{A_2B_2} \iff \overrightarrow{A_2A_1} + t\overrightarrow{A_1B_1} = u\overrightarrow{A_2B_2}$$

L'idée est alors d'utiliser une opération appelée **produit vectoriel** sur les vecteurs. Comme ici, tout est plan, le produit vectoriel est uniquement déterminé par sa troisième coordonnée, celle qui sort du plan, et on peut se contenter de calculer celle-ci. On note ainsi $(x, y) \times (x', y') = xy' - yx'$ cette coordonnée. On a donc $u \times u = 0$.

On peut alors composer l'égalité par $\times \overrightarrow{A_2B_2}$:

$$\overrightarrow{A_2A_1} \times \overrightarrow{A_2B_2} + t \left(\overrightarrow{A_1B_1} \times \overrightarrow{A_2B_2} \right) = 0$$

Notons $\Delta = \overrightarrow{A_1B_1} \times \overrightarrow{A_2B_2}$, si $\Delta \neq 0$, alors

$$t = -\frac{\overrightarrow{A_2A_1} \times \overrightarrow{A_2B_2}}{\Delta} = \frac{\overrightarrow{A_1A_2} \times \overrightarrow{A_2B_2}}{\Delta}$$

On procède de même avec $\times \overrightarrow{A_1B_1}$ pour obtenir une expression de u : $\overrightarrow{A_2A_1} \times \overrightarrow{A_1B_1} = u \left(\overrightarrow{A_2B_2} \times \overrightarrow{A_1B_1} \right) = -u\Delta$ et donc

$$u = -\frac{\overrightarrow{A_2A_1} \times \overrightarrow{A_1B_1}}{\Delta} = \frac{\overrightarrow{A_1A_2} \times \overrightarrow{A_1B_1}}{\Delta}$$

Si $\Delta \neq 0$, on peut donc alors exprimer u et t et vérifier qu'ils sont dans $[0, 1]$.

Si $\Delta = 0$ c'est que les deux segments sont de directions parallèles ou confondues.

- Si $\overrightarrow{A_1A_2} \times \overrightarrow{A_1B_1} \neq 0$ alors $\overrightarrow{A_1A_2}$ et $\overrightarrow{A_1B_1}$ sont non colinéaires donc les deux segments sont sur des droites parallèles distinctes et ne peuvent s'intersecter.
- Sinon, les segments reposent sur une même droite et il s'agit de vérifier leurs positions sur la droite. Pour cela, on exprime $A_2 = A_1 + t_A \overrightarrow{A_1B_1}$ de même pour $B_2 = A_1 + t_B \overrightarrow{A_1B_1}$. Plus précisément, on calcule $\overrightarrow{A_1A_2} \cdot \overrightarrow{A_1B_1} = t_A \|\overrightarrow{A_1B_1}\|^2$ à l'aide du produit scalaire et on a $t_A = \frac{\overrightarrow{A_1A_2} \cdot \overrightarrow{A_1B_1}}{\|\overrightarrow{A_1B_1}\|^2}$. De même, $t_B = \frac{\overrightarrow{A_1B_2} \cdot \overrightarrow{A_1B_1}}{\|\overrightarrow{A_1B_1}\|^2}$. On doit alors vérifier si l'intervalle $[t_A, t_B]$ (ou $[t_B, t_A]$ selon leur position) intersecte $[0, 1]$.

Voici une fonction OCaml qui correspond à ce raisonnement

```
let intersecte (a1,b1) (a2,b2) =
  let vec (x1,y1) (x2,y2) = (x2-.x1,y2-.y1) in
  let cross (x1,y1) (x2,y2) = x1 *. y2 -. y1 *. x2 in
  let dot (x1,y1) (x2,y2) = x1 *. x2 +. y1 *. y2 in
  let proche0 x = let eps = 1e-20 in
    if x < 0. then -.x < eps else x < eps in
  let a1b1 = vec a1 b1 in let a2b2 = vec a2 b2 in
  let a1a2 = vec a1 a2 in let a1b2 = vec a1 b2 in

  let delta = cross a1b1 a2b2 in

  if proche0 delta
  then
    if proche0 (cross a1a2 a1b1)
    then let na1b1 = dot a1b1 a1b1 in (* colinéaires *)
      let tA = (dot a1a2 a1b1) /. na1b1 in
      let tB = (dot a1b2 a1b1) /. na1b1 in
      if tA < tB
      then not (tB < 0. || tA > 1.)
      else not (tA < 0. || tB > 1.)
    else false (* parallèles *)
  else let t = (cross a1a2 a2b2) /. delta in (* se croisent *)
    let u = (cross a1a2 a1b1) /. delta in
    t >= 0. && t <= 1. && u >= 0. && u <= 1.
```

■ **Note 3.1** réécrire cela avec le déterminant de deux vecteurs du plan qui est au programme de mathématiques de seconde.

La recherche par force brute va alors énumérer l'ensemble des paires de segments distincts et tester deux à deux les intersections. On peut ainsi écrire le programme suivant qui est assez simple et effectuera effectivement $O(|v|^2)$ itérations dans le pire cas, i.e. lorsqu'il n'y a pas d'intersections.

exception Trouve

```
let intersection_ensemble (v: ((float * float) * (float * float)) array) : bool =
  let n = Array.length v in
  try
    for i = 0 to n - 1 do
      for j = i+1 to n-1 do
```

```

        if intersekte v.(i) v.(j)
        then raise Trouve
    done
done;
false
with Trouve -> true

```

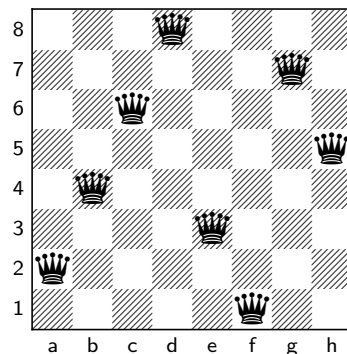
TODO approche par droite de balayage : algorithme de Shamos et Hoey (1976)

I.3 Recherche par retour sur trace (backtracking)

Dans des problèmes admettant des solutions partielles, on peut construire une solution par essai de toutes les possibilités en complétant tant qu'on a bien une solution partielle. La recherche par retour sur trace repose sur ce constat pour énumérer l'ensemble des solutions en utilisant la récursivité (d'où la notion de *retour sur trace*) pour les essais.

L'exemple classique de ce problème est celui des huit reines : étant donné un échiquier, peut-on placer huit reines de sorte qu'aucune reine ne puisse prendre une autre reine ? Plus précisément : sur un plateau de 8x8 cases, peut-on placer huit pions tels que deux pions quelconques ne soient jamais sur la même ligne ou la même diagonale ?

Exemple de solution :



Ce problème admet effectivement des solutions partielles en ne considérant que k reines à placer. Pour énumérer les solutions, on peut même se contenter de solutions partielles où les k reines sont placées sur les k premières rangées.

Voici ainsi un algorithme pour énumérer les solutions :

- Supposons que k reines aient été placées et qu'on dispose d'une solution partielle.
 - Si $k = 8$ alors toutes les reines sont placées et la solution est complète, on la comptabilise
 - Sinon, on continue la recherche pour chaque position de la $k + 1$ reine sur la $k + 1$ rangée qui préserve le fait d'être une solution partielle.

Ici, quand on dit qu'on continue la recherche, ce qu'on signifie c'est qu'on effectue un appel récursif.

Pour programmer cette méthode, on va définir une fonction récursive de signature :

```
val resout_reines : (int * int) list -> (int * int) list list
```

Un appel à `resout_reines part` va ainsi renvoyer la liste des solutions complètes construites à partir de la solution partielle `part`. Les solutions sont représentées par des listes de couples de coordonnées sur l'échiquier, donc dans $[0; 7]^2$

Voici une implémentation où on explore les solutions à l'aide d'une boucle impérative dans l'appel récursif. La fonction `valide` permet de tester si le placement d'une reine est possible avant d'effectuer un appel.

```
let rec valide (x1,y1) l =
  match l with
  | [] -> true
  | (x2,y2)::q ->
    x1 <> x2 && abs (x2-x1) <> abs(y2-y1) && valide (x1,y1) q

let rec resout_reines part =
  let k = List.length part in
  if k = 8
  then [ part ]
  else begin
    let resultats = ref [] in
    for x = 0 to 7 do
      let essai = (x,k) :: part in
      if valide (x,k) part
      then begin
        resultats := (resout_reines essai) @ !resultats;
      end
    done;
    !resultats
  end
end
```

et, ici, une autre implémentation purement récursive à l'aide d'une fonction récursive.

```
let rec resout_reines part =
  let k = List.length part in
  if k = 8
  then [ part ]
  else
    let rec aux x acc =
      if x < 0
      then acc
      else let essai = (x,k) :: part in
            let nacc = if valide (x,k) part
                       then (resout_reines essai) @ acc
                       else acc in
            aux (x-1) nacc
    in
    aux 7 []
```

Une partie de l'arbre de recherche est présenté sur l'image suivante :

Arbre de recherche pour les huit reines

L'arbre complet comporte 2057 noeuds dont 92 feuilles correspondant aux solutions du problème. A titre de comparaison, l'arbre exhaustif correspondant à faire tous les choix de placement à raison d'une reine par ligne compterait $8^8 = 16777216$ noeuds. On voit bien que le backtracking est plus économe en exploration.

I.3.i Problème : résolution de Sudoku

La recherche par retour sur trace se prête très bien à la résolution de problèmes comme le Sudoku. On va ici tout simplement tenter de remplir chaque case du haut vers le bas tant qu'on

satisfait les contraintes du Sudoku. Le programme sera ainsi très proche de la résolution des huit reines.

Commençons par rappeler le principe du Sudoku :

- On part d'une grille de 81 cases réparties en une grille de 3x3 sous-grilles de 3x3 cases et comportant des chiffres de 1 à 9 dans certaines cases.

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

- L'objectif est de remplir chaque case avec un chiffre de 1 à 9 de sorte que chaque ligne, chaque colonne et chaque sous-grille 3x3 comporte une et une seule fois chaque chiffre.
- Un sudoku admet une unique solution.

Pour représenter une grille de Sudoku en OCaml on utilise un `(int option) array array`, la valeur `None` signifiant que la case est vide et la valeur `Some x` qu'elle est remplie avec la valeur x .

```
type grille = (int option) array array
```

On fait le choix de représenter la grille par un tableau de lignes, ce qui signifie que pour accéder à la case de coordonnée (x, y) dans `g` il faut écrire `g.(y).(x)`.

Le problème donné précédemment est alors représenté par la valeur suivante :

```
let probleme = [|
  [| Some 1; None; None;   None; None; None;   None; None; Some 6 |];
  [| None; None; Some 6;   None; Some 2; None;   Some 7; None; None |];
  [| Some 7; Some 8; Some 9;   Some 4; Some 5; None;   Some 1; None; Some 3 |];

  [| None; None; None;   Some 8; None; Some 7;   None; None; Some 4 |];
  [| None; None; None;   None; Some 3; None;   None; None; None |];
  [| None; Some 9; None;   None; None; Some 4;   Some 2; None; Some 1 |];

  [| Some 3; Some 1; Some 2;   Some 9; Some 7; None;   None; Some 4; None |];
  [| None; Some 4; None;   None; Some 1; Some 2;   None; Some 7; Some 8 |];
  [| Some 9; None; Some 8;   None; None; None;   None; None; None |];
  [| |]
```

Afin de définir la fonction de résolution, on définit une première fonction suivant de signature :

```
val suivant : grille -> (int * int) -> (int * int) option
```

telle que l'appel à suivant $g(x, y)$ renvoie $\text{Some}(x_i, y_i)$ quand (x_i, y_i) sont les coordonnées de la prochaine case libre, dans l'ordre gauche à droite puis haut vers bas, après (x, y) ou None quand il n'existe pas de telle case libre. Cela signifie alors que la grille est entièrement remplie.

```
let rec suivant g (x,y) =
  if y > 8
  then None
  else if g.(y).(x) = None
  then Some (x,y)
  else if x < 8 then suivant g (x+1, y)
  else suivant g (0, y+1)
```

On définit également une fonction valide de signature

```
val valide : grille -> int -> int -> bool
```

telle que l'appel à valide $g\ x\ y$ renvoie true si et seulement si la valeur placée en coordonnée (x, y) n'invalide pas la grille. Ne pas prendre cette valeur en paramètre permettant d'écrire un peu plus simplement cette fonction. La fonction est assez directe, étant donné (x, y) on va parcourir sa ligne, sa colonne et sa sous-grille pour vérifier qu'un nombre n'a pas été placé deux fois à l'aide d'un tableau de drapeaux :

```
let valide g x y =
  let v = ref true in
  let vus_colonne = Array.make 9 false in
  for y0 = 0 to 8 do
    match g.(y0).(x) with
    | None -> ()
    | Some k ->
      if vus_colonne.(k-1)
      then v := false;
      vus_colonne.(k-1) <- true
  done;
  let vus_ligne = Array.make 9 false in
  for x0 = 0 to 8 do
    match g.(y).(x0) with
    | None -> ()
    | Some k ->
      if vus_ligne.(k-1)
      then v := false;
      vus_ligne.(k-1) <- true
  done;
  let vus_grille = Array.make 9 false in
  let xb = (x / 3) * 3 in
  let yb = (y / 3) * 3 in
  for xd = 0 to 2 do
    for yd = 0 to 2 do
      match g.(yb+yd).(xb+xd) with
      | None -> ()
      | Some k ->
        if vus_grille.(k-1)
        then v := false;
        vus_grille.(k-1) <- true
    done
  done;
  !v
```


On peut alors définir la fonction `resout` qui va résoudre le Sudoku en effectuant tous les remplissages tant qu'on a une grille valide. Dès qu'une solution est trouvée, on s'arrête. Pour cela, on utilise le mécanisme des exceptions pour permettre une sortie prématurée. On a fait le choix de travailler en place dans la grille, ainsi à la fin de l'exécution de la fonction, la grille correspond à la solution.

exception `Solution`

```
let resout g =
  let rec aux xi yi = match suivant g (xi, yi) with
    | None -> raise Solution
    | Some (x,y) ->
      for i = 1 to 9 do
        g.(y).(x) <- Some i;
        if valide g x y
        then begin
          aux x y
        end
      done;
      g.(y).(x) <- None
  in
  try
    aux 0 0
  with Solution -> ()
```

II Algorithmes gloutons

II.1 Principe

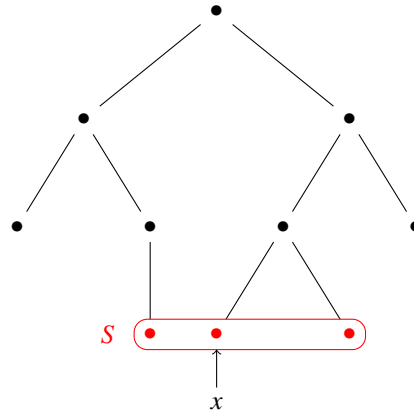
On considère ici un problème d'énumération comme dans la section précédente muni d'une fonction d'objectifs qui attribue une valeur numérique aux solutions et aux solutions partielles.

Soit $f : P \rightarrow \mathbb{R}$ une telle fonction, où $S \cup P$ est l'ensemble des solutions du problème d'énumération et P l'ensemble des solutions partielles, on se pose maintenant le problème de l'optimalité vis-à-vis de f : déterminer $x \in S$ tel que $f(x) = \max_{y \in S} f(y)$ on note souvent $x = \operatorname{argmax}_{y \in S} f(y)$. On parle alors de problème d'optimisation combinatoire.

- **Remarque 3.3** — En considérant $g : y \mapsto -f(y)$, on transforme un problème de maximisation en un problème de minimisation.
- Il y a une ambiguïté sur $\operatorname{argmax}_{y \in S} f(y)$ quand plusieurs éléments de S réalisent ce maximum. Dans la plupart des algorithmes gloutons qu'on va considérer, on commence par donner un ordre sur S et on considère le plus petit y pour cet ordre réalisant le maximum. L'ordre choisi est alors crucial dans la preuve de correction. C'est aussi une des raisons pour lesquelles les algorithmes gloutons sont souvent de complexité temporelle $O(n \log_2 n)$.

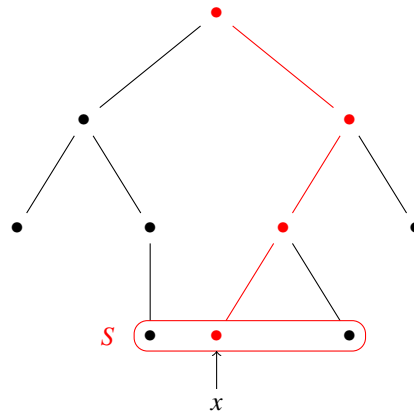
Une première stratégie très élémentaire consiste alors à énumérer S , de manière exhaustive ou avec une stratégie plus fine comme le retour sur trace, puis à déterminer un élément maximal de manière directe.

Cela revient donc à déterminer l'arbre des solutions puis à trouver une feuille maximisant l'objectif :

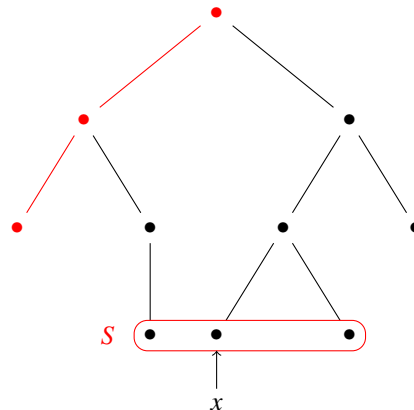


Un algorithme glouton va suivre une approche beaucoup plus efficace : à chaque étape de construction de la solution, on choisit la branche qui maximise la fonction d'objectif. C'est-à-dire que si en partant d'une solution partielle $x \in P$ il est possible de l'étendre en d'autres solutions partielles $p_x = \{y_1, \dots, y_n\}$, on va choisir $y = \operatorname{argmax}_{t \in p_x} f(t)$ la solution qui maximise localement f .

Sur l'arbre précédent, cela reviendrait à n'emprunter qu'une seule branche :



Cela a l'air très efficace mais il y a un problème majeur : il n'y a aucune garantie qu'on aboutisse ainsi à une solution, encore moins à une solution optimale. En effet, on aurait très bien pu faire les choix suivants :



et ne pas aboutir à une solution.

Considérons par exemple le problème du **rendu de monnaie** : étant donné, une liste de valeurs faciales de pièces $P = (v_1, \dots, v_p) \in (\mathbb{N}^*)^p$ avec $1 = v_1 < \dots < v_p$ et une somme $n \in \mathbb{N}^*$, on cherche la manière d'exprimer cette somme avec le plus petit nombre de pièces possible.

Plus précisément, l'ensemble des solutions $S = \{(k_1, \dots, k_p) \in \mathbb{N}^p \mid k_1 v_1 + \dots + k_p v_p = n\}$ et la fonction d'objectif est $f : (k_1, \dots, k_p) \mapsto k_1 + \dots + k_p$. Les solutions partielles ici sont les réalisations de valeur $< n$. On cherche alors $x = \operatorname{argmin}_{y \in S} f(y)$.

Comme $1 = v_1$, $S \neq \emptyset$ car $(n, 0, \dots, 0) \in S$ et ainsi $f(x) \leq n$.

L'algorithme glouton va utiliser la plus grande pièce possible à chaque étape puis on applique l'algorithme glouton sur la somme restante sauf si elle est nulle, ce qui constitue la condition d'arrêt.

Exemple 1

- $P = (1, 2, 5, 10)$
- $n = 14$
- On utilise la plus grande pièce possible $10 \leq 14$ puis on exprime $4 = 14 - 10$
- Ici, la plus grande pièce est 2 et on continue avec $2 = 4 - 2$
- La plus grande pièce est encore 2 et on s'arrête car $0 = 2 - 2$.
- En conclusion, on a obtenu $x = (0, 2, 0, 1)$.
- Une exploration exhaustive permet de s'assurer qu'on a effectivement obtenu une décomposition minimale. En effet, ici l'ensemble des décompositions est : $\{(14, 0, 0, 0), (12, 1, 0, 0), (8, 3, 0, 0), (6, 4, 0, 0), (4, 5, 0, 0), (2, 6, 0, 0), (0, 7, 0, 0), (9, 0, 1, 0), (7, 1, 1, 0), (5, 2, 1, 0), (3, 3, 1, 0), (1, 4, 1, 0), (4, 0, 2, 0), (2, 1, 2, 0), (0, 2, 2, 0), (4, 0, 0, 1), (2, 1, 0, 1), (0, 2, 0, 1)\}$.

Exemple 2

- $P = (1, 2, 7, 10)$
- $n = 14$
- L'algorithme glouton va ici procéder comme dans l'exemple 1 et on va obtenir $x = (0, 2, 0, 1)$.
- Mais on remarque que ce n'est pas un minimum car $x' = (0, 0, 2, 0)$ convient avec $f(x') = 2 < 3 = f(x)$.

Conclusion l'algorithme glouton n'a effectivement pas de raisons d'être optimal.

On peut se poser la question des algorithmes pour lesquels l'algorithme glouton aboutit nécessairement à une solution optimale.

■ **Note 3.2** TODO - Ajouter un paragraphe simple sur les matroïdes qui puisse se décliner sous la forme d'un problème.

■

II.2 Construction de l'arbre de Huffman

■ **Remarque 3.4** Ce paragraphe décrit l'étape cruciale du principe de compression de Huffman. Celui-ci sera présenté complètement dans le chapitre Algorithmique des textes.

■

On va étudier ici un principe de compression parfaite (sans perte d'information à la décompression) de données appelé l'algorithme de Huffman et qui repose sur ce principe simple : coder sur moins de bits les caractères les plus fréquents.

Par exemple si on considère le mot `abaabc`, en le codant avec un nombre de bits fixes, par exemple 2 avec le code $a=00, b=01, c=10$, on aurait besoin de 12 bits pour représenter le mot. Mais si on choisit le code suivant : $a=0, b=10, c=11$, il suffit de 9 bits. On a donc gagné 3 bits soit un facteur de compression de 75%.

On remarque que pour pouvoir décompresser, il n'aurait pas été possible de faire commencer le code de `b` ou `c` par un `0`, sinon on aurait eu une ambiguïté avec la lecture d'un `a`. On parle alors de code préfixe :

Définition II.1 Soit $X \subset \{0, 1\}^*$, on dit que X est un code préfixe lorsque pour tous $x, y \in X$, x n'est pas un préfixe de y et y n'est pas un préfixe de x .

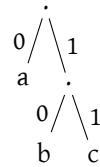
On se pose alors la question du code préfixe optimal pour un texte donné.

Plus précisément, étant donné un alphabet fini Σ et une application $f : \Sigma \rightarrow [0, 1]$ associant à chaque lettre son nombre d'occurrences dans le texte considéré. Ainsi $\sum_{x \in \Sigma} f(x)$ est la longueur du texte. On cherche un code préfixe X et une application $c : \Sigma \rightarrow X$ telle que $\sum_{x \in \Sigma} f(x)|c(x)|$ soit minimale car cela correspond au nombre de bits après codage.

■ **Remarque 3.5** On utilise aussi la notion de fréquence du lettre qui est son nombre d'occurrence rapporté à la longueur du texte. Un des avantages de la notion de fréquence est qu'il est possible de considérer une table de fréquence déjà construite comme celle de la langue française. ■

L'application de codage c peut être représenté par un arbre binaire où les arêtes gauches correspondent à 0, les arêtes droites à 1 et les feuilles aux éléments de Σ dont les étiquettes des chemins y menant depuis la racine de l'arbre correspondent à leur image par c .

Par exemple, pour le code $a = 0$, $b = 10$, $c = 11$ on aurait l'arbre :



Avec un tel arbre, il est très simple de décoder le texte codé car il suffit de suivre un chemin dans l'arbre jusqu'à tomber sur une feuille, produire la lettre correspondante, puis repartir de la racine de l'arbre. La longueur du code associé à une lettre est alors égale à la profondeur de la feuille correspondante. L'optimalité du codage préfixe est ainsi équivalente à la minimalité de l'arbre vis-à-vis de la fonction d'objectif $\varphi(t) = \sum_{x \in \Sigma} f(x)p(t, x)$ où $p(t, x)$ est la profondeur de la feuille d'étiquette x dans l'arbre t ou 0 si x n'est pas une des étiquettes, cet extension permettant d'étendre la fonction d'objectif aux solutions partielles.

L'algorithme d'Huffman va construire un arbre correspondant à un codage optimal à l'aide d'une file de priorité d'arbres. On étend pour cela l'application f à de tels arbres en définissant que si t est un arbre de feuilles x_1, \dots, x_n alors $f(t) = f(x_1) + \dots + f(x_n)$.

- Au départ, on place dans la file des arbres réduits à une feuille pour chaque élément $x \in \Sigma$ et dont la priorité est $f(x)$.
- Tant que la file contient au moins deux éléments
 - on retire les deux plus petits éléments x et y de la file de priorité $f(x)$ et $f(y)$
 - on ajoute un arbre $z = \text{Noeud}(x, y)$ de priorité $f(z) = f(x) + f(y)$.
- On renvoie l'unique élément restant dans la file.

L'implémentation de cet algorithme est alors assez directe avec une file de priorité. On réutilise ici la structure de tas implémentée en FIXME. Comme il s'agit d'un tas max, on insère avec $-f(x)$ comme valeur.

ERROR: src/algorithmique/../../snippets/algorithmique/huffman.py does **not** exist

L'algorithme de Huffman est un algorithme glouton car si on considère pour solution partielle la forêt présente dans la file et pour objectif la fonction φ étendue aux forêts en sommant la valeur de φ sur chaque arbre, alors fusionner dans la forêt F deux arbres x et y en la transformant en une forêt F' va avoir l'impact suivant sur la fonction d'objectif :

$$\varphi(F') = \varphi(F) + f(x) + f(y)$$

car, en effet, on va rajouter 1 à la profondeur de chaque feuille et donc on passe pour la contribution de x de $\varphi(x) = \sum_{c \in \Sigma} f(c)p(x, c)$ à $\sum_{c \in \Sigma} f(c)(p(x, c) + 1) = \varphi(x) + \sum_{c \in \Sigma} f(c) = \varphi(x) + f(x)$.

On remarque ainsi que la fusion qui minimise localement φ est celle qui fusionne les deux arbres de plus petite valeur pour f .

Pour montrer que l'algorithme glouton produit ici un codage minimal, on va utiliser une technique classique qui consiste à montrer qu'étant donné une solution optimale, on peut toujours la transformer sans augmenter sa valeur pour obtenir, de proche en proche, la solution renvoyée par le glouton.

Théorème II.1 Supposons que les lettres les moins fréquentes soient a et b , il existe un arbre optimal dont les deux feuilles étiquetées par a et b descendent du même noeud et sont de profondeur maximale.

Démonstration. Considérons un arbre optimal t et soient c l'étiquette d'une feuille de profondeur maximale. On remarque qu'elle a forcément une feuille sœur car sinon, on pourrait omettre le noeud et l'arbre obtenu serait de plus petite valeur par φ .

FIXME : dessin

Soit d l'étiquette de cette feuille sœur. Sans perte de généralités, on suppose que $f(c) \leq f(d)$ et $f(a) \leq f(b)$. Comme a a le plus petit nombre d'occurrences, a $f(a) \leq f(c)$ et comme b est la deuxième, on a $f(b) \leq f(d)$. De plus, $p(t, a) \geq p(t, c)$ et $p(t, b) \geq p(t, d)$.

Si on échange les étiquettes a et c , seule les termes associées à ces lettres changent dans l'évaluation de φ . Si on note t' le nouvel arbre obtenu après cet échange, on a

$$\varphi(t') = \varphi(t) - f(a)p(t, a) - f(c)p(t, c) + f(a)p(t, c) + f(c)p(t, a)$$

Or, $f(c) \geq f(a)$ et $p(t, a) \geq p(t, c)$ donc

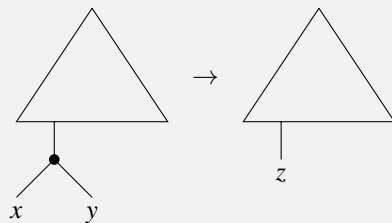
$$\varphi(t') = \varphi(t) + (f(c) - f(a))(p(t, a) - p(t, c)) \leq \varphi(t)$$

L'échange préserve le caractère optimal. En fait, ici, on a nécessairement une égalité pour ne pas aboutir à une contradiction, donc soit les feuilles étaient à même profondeur, soit les lettres avaient le même nombre d'occurrences.

Comme on a les mêmes relations entre b et d , on peut effectuer le même argument et échanger les étiquettes en préservant le caractère optimal. ■

Le théorème suivant permet de raisonner par récurrence en diminuant le nombre de lettres.

Théorème II.2 Soit t un arbre ayant x et y comme feuilles soeurs et t' l'arbre obtenu en remplaçant le noeud liant x et y par une feuille étiquetée par z où z est une nouvelle lettre telle que $f(z) = f(x) + f(y)$.



On a alors $\varphi(t) = \varphi(t') + f(z)$.

Démonstration. Seule les termes portant sur x, y et z sont influencés par le changement et on a :

$$\begin{aligned}\varphi(t) &= \varphi(t') + f(x)p(t, x) + f(y)p(t, y) - f(z)p(t', z) \\ &= \varphi(t') + f(z)(p(t', z) + 1) - f(z)p(t', z) \\ &= \varphi(t') + f(z)\end{aligned}$$

■

Théorème II.3 L'algorithme de Huffman renvoie un arbre optimal.

Démonstration. Par récurrence sur $|\Sigma|$.

Initialisation : si Σ ne contient qu'une lettre, il n'y a qu'un arbre qui est nécessairement optimal.

Hérédité : si la propriété est vraie pour un alphabet de $n-1 \geq 1$ lettres, alors soit Σ contenant n lettres et x et y les deux lettres les moins fréquentes.

On pose Σ' obtenue en remplaçant x et y par une nouvelle lettre z et on suppose que $f(z) = f(x) + f(y)$. L'hypothèse de récurrence assure qu'on obtient un arbre optimal t' en appliquant l'algorithme d'Huffman sur Σ' . Comme la première étape d'Huffman va fusionner les feuilles x et y , on sait que l'arbre t obtenu en partant de Σ se déduit de t' en remplaçant z par $\text{Noeud}(x, y)$. Le théorème précédent assure alors que $\varphi(t) = \varphi(t') + f(z)$.

Soit t_o un arbre optimal pour Σ dans lequel x et y sont sœurs, possible en vertu du premier théorème, et soit t'_o l'arbre obtenue en remplaçant dans t_o le noeud liant x et y par une feuille étiquetée par z . On a ici encore $\varphi(t_o) = \varphi(t'_o) + f(z) \geq \varphi(t') + f(z) \geq \varphi(t)$ car t' est optimal.

Ainsi, on a bien l'égalité $\varphi(t_o) = \varphi(t)$ et t est optimal.

■

II.3 Preuve d'optimalité

Dans le paragraphe précédent, on retrouve un schéma de preuve classique pour les preuves d'optimalité des algorithmes gloutons :

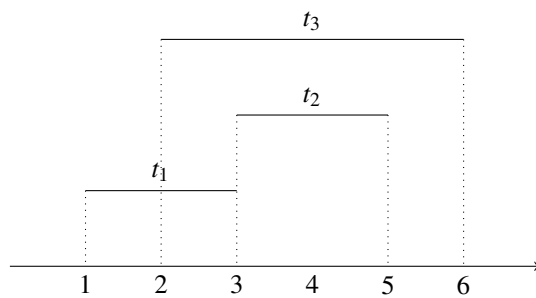
- Montrer qu'à partir d'une solution optimale, il est possible de déterminer une solution optimale ayant fait le même choix que l'algorithme glouton. Pour Huffman c'était le fait d'avoir un arbre optimal ayant les deux lettres les moins fréquentes comme sœurs à profondeur maximale.
- Montrer qu'une solution optimale se comportant comme le résultat de l'algorithme glouton à une étape ne peut être meilleure que le résultat de l'algorithme glouton.

II.4 Sélection d'activités

II.4.i Description

Étant donné un ensemble d'activités données par leur temps de début et leur temps de fin (on considère les temps comme des entiers pour simplifier), on se pose la question du nombre maximal d'activité que l'on puisse sélectionner sans que deux activités soient en conflits. Cela correspond par exemple à l'organisation du planning d'un employé.

On dit que deux activités (d_1, f_1) et (d_2, f_2) sont en conflits quand $[d_1, f_1] \cap [d_2, f_2] \neq \emptyset$.



Ici, t_1 et t_2 sont en conflits avec t_3 . Mais t_1 et t_2 ne sont pas en conflit. On considère que deux activités peuvent se succéder directement : $f_1 = d_2$.

On considère donc en entrée de ce problème une suite finie $((d_1, f_1), \dots, (d_n, f_n))$ et on cherche un sous-ensemble $I \subset \llbracket 1, n \rrbracket$ de plus grand cardinal tel que pour tous $i, j \in I$, si $i \neq j$ alors (d_i, f_i) et (d_j, f_j) ne sont pas en conflits. On dit que I est un **ensemble indépendant**.

II.4.ii Algorithme glouton et implémentation

Pour résoudre ce problème, on considère l'algorithme glouton associé à la fonction d'objectif cardinal et **en triant les activités** ordre croissant de temps de fin.

Cet algorithme est implémenté dans le programme suivant :

```
#include <stdio.h>
#include <stdlib.h>

typedef struct {
    unsigned int id;
    unsigned int debut;
    unsigned int fin;
    unsigned char selectionnee;
} activite;

int compare_activites(const void *t1, const void *t2)
{
    return ((activite *)t1)->fin - ((activite *)t2)->fin;
}

void selectionne(activite *activites, size_t nb_activites)
{
    size_t derniere_activite = 0;
    /* on commence par trier en  $O(n \log_2 n)$  les activités
     * selon le temps de fin */
    qsort(activites, nb_activites,
          sizeof(activite), compare_activites);
    activites[0].selectionnee = 1;
    for (size_t i = 1; i < nb_activites; i++)
    {
        if (activites[i].debut >= activites[derniere_activite].fin)
        {
            activites[i].selectionnee = 1;
            derniere_activite = i;
        }
    }
}

int main()
```

```

{
    activite activites[] = {
        { 0, 1, 3, 0 }, { 1, 3, 4, 0 }, { 2, 2, 5, 0 },
        { 3, 5, 9, 0 }, { 4, 11, 12, 0 }, { 5, 8, 10, 0 },
        { 6, 0, 7, 0 }
    };

    size_t nb_activites = sizeof(activites) / sizeof(activite);

    selectionne(activites, nb_activites);

    for (size_t i = 0; i < nb_activites; i++)
    {
        printf("Activité %d (%d,%d) : %d\n",
            activites[i].id, activites[i].debut,
            activites[i].fin, activites[i].selectionnee);
    }

    return 0;
}

```

Ce programme produit alors la sortie :

```

Activité 0 (1,3) : 1
Activité 1 (3,4) : 1
Activité 2 (2,5) : 0
Activité 6 (0,7) : 0
Activité 3 (5,9) : 1
Activité 5 (8,10) : 0
Activité 4 (11,12) : 1

```

■ **Remarque 3.6** Comme l'algorithme commence par effectuer un tri, on a rajouté dans la structure `activite` un champ permettant d'identifier une activité autrement que par son indice.

II.4.iii Preuve d'optimalité

On va prouver que l'algorithme glouton renvoie un ensemble indépendant optimal. Le fait que l'ensemble soit indépendant étant direct, on se concentre sur la preuve d'optimalité en présentant un schéma de preuve qui correspond à celui identifié dans le paragraphe précédent.

Théorème II.4 Si a_1, \dots, a_n sont des activités énumérées dans l'ordre croissant de leur temps de fin, alors il existe un ensemble indépendant optimal contenant a_1 .

■ **Remarque 3.7** Cela signifie qu'il fait le même choix que l'algorithme glouton à la première étape.

Démonstration. Soit I un ensemble indépendant optimal ne contenant pas $a_1 = (d_1, f_1)$ (sinon c'est direct). Si $a_k = (d_k, f_k)$ est l'activité de plus petit indice dans I , alors $f_k \geq f_1$ donc pour tout $a_i = (d_i, f_i)$ dans $I' = I \setminus \{a_k\}$ on a $d_i \geq f_k \geq f_1$ et ainsi a_1 et a_i ne sont pas en conflit. Ainsi $I' \cup \{a_1\}$ est un ensemble indépendant contenant a_1 de même cardinal que I donc optimal.

Théorème II.5 Soit $A = \{a_1, \dots, a_n\}$ des activités ordonnées par ordre croissant de temps de fin et I un ensemble indépendant optimal contenant $a_1 = (d_1, f_1)$ (ce qui est possible selon le théorème précédent).

$I' = I \setminus \{a_1\}$ est optimal pour $A' = \{(d, f) \in A \mid d \geq f_1\}$.

Démonstration. Si, par l'absurde, I' est pas optimal pour A' alors $J \subset A'$ est un ensemble indépendant de cardinal strictement plus grand que celui de I' . Or, $A' \cup \{a_1\}$ est indépendant pour l'ensemble des activités et est de cardinal strictement plus grand que I . Contradiction. ■

Théorème II.6 L'algorithme glouton renvoie un ensemble indépendant optimal.

Démonstration. Par récurrence forte sur le nombre d'activités.

- Initialisation : Pour une activité a_1 , le glouton renvoie $\{a_1\}$ qui est directement optimal.
- Hérédité : Si la propriété est vérifiée pour $k \leq n$ activités, soit $A = \{a_1, \dots, a_n\}$ des activités ordonnées par temps de fin. Soit I un ensemble indépendant optimal contenant a_1 et $I' = I \cap \{a_1\}$. Le théorème précédent assure que I' est optimal sur $A' = \{(d, f) \in A \mid d \geq f_1\}$.

Par hypothèse de récurrence, l'algorithme glouton sur A' produit un ensemble indépendant optimal G' , donc tel que $|G'| = |I'|$. Par construction l'algorithme glouton sur A renvoie $G = G' \cup \{a_1\}$ de même cardinal que I , donc optimal. ■

II.5 Ordonnement de tâches

II.5.i Description

On considère ici un problème voisin du problème précédent. On considère n tâches $T = \{t_1, \dots, t_n\}$ prenant une unité de temps pour être traitées sur une unité de calcul.

Chaque tâche t dispose d'une date limite $f(t) \in \llbracket 1, n \rrbracket$ (**deadline**) à laquelle elle doit être traitée sans quoi on écope d'une pénalité $p(t) \in \mathbb{N}$.

On appelle stratégie d'ordonnement une application $d : T \rightarrow \llbracket 0, n-1 \rrbracket$ qui associe à chaque tâche un unique temps de début $d(t)$. Selon cette stratégie, on déduit une séparation de T en deux ensembles disjoints :

- $T^+(d)$ l'ensemble des tâches traitées dans les délais : $t \in T^+(d) \iff d(t) < f(t)$.
- $T^-(d)$ l'ensemble des tâches traitées en retard : $t \in T^-(d) \iff d(t) \geq f(t)$.

On note alors $P(d) = \sum_{t \in T^-(d)} p(t)$ la somme des pénalités des tâches en retard.

■ **Exemple 3.1** On considère l'ensemble de tâches :

t_i	1	2	3	4	5	6	7
$f(t_i)$	1	2	3	4	4	4	6
$p(t_i)$	3	6	4	2	5	7	1

Une stratégie d'ordonnement (les tâches en retard sont en gras) est donnée dans le tableau suivant :

t_i	1	2	3	4	5	6	7
$d(t_i)$	6	0	1	4	3	2	5

On a alors $P(d) = 5$. ■

On cherche à obtenir une stratégie d'ordonnancement de valeur $P(d)$ minimale.

On remarque que l'ordonnancement des tâches en retard n'a aucune importance, et on peut donc se contenter de déterminer une stratégie d'ordonnancement pour les tâches traitées dans les délais et la compléter par n'importe quel ordonnancement des autres tâches. On peut ainsi reformuler le problème : déterminer un sous-ensemble $T^+ \subset T$ de tâches **pouvant** être traitées dans les délais tel que $\sum_{t \in T^+} p(t)$ soit **maximale**.

II.5.ii Algorithme glouton et implémentation

On résout maintenant ce problème de maximisation des pénalités T^+ par un algorithme glouton :

- On commence avec $T^+ = \emptyset$ et tous les temps de $\llbracket 0, n - 1 \rrbracket$ sont marqués comme étant disponibles.
- On parcourt les tâches dans l'ordre décroissant des pénalités.
 - Quand on considère la tâche t s'il existe un temps i disponible tel que $i < d(t)$ alors on marque comme indisponible le temps $i_0 = \max \{ i \in \llbracket 0, n - 1 \rrbracket \mid i < d(t) \text{ et } i \text{ disponible} \}$ et on rajoute alors t à T^+ en commençant t au temps i_0 .
- On place les tâches restantes aux temps disponibles.

Pour les structures de données, on utilise une représentation en tableaux de booléens (des `unsigned char` à 0 ou 1 en C) pour la disponibilité des temps. L'ensemble T^+ est alors implicite car il correspond aux tâches ordonnancées dans la première étape. Utiliser un tableau implique qu'une recherche linéaire soit faite pour chercher un plus grand temps disponible, et donc, la complexité temporelle globale sera en $O(n^2)$.

■ **Remarque 3.8** Il est possible d'améliorer cela pour passer en $O(n \log_2 n)$ (exercice). ■

Le programme C suivant implémente cet algorithme.

```
#include <stdio.h>
#include <stdlib.h>
#include <string.h>

typedef struct {
    unsigned int id;
    unsigned int date_limite;
    unsigned int penalite;
    int debut; /* -1 tant que la tâche n'est pas ordonnancée */
} tache;

int compare_taches(const void *t1, const void *t2)
{
    return ((tache *)t2)->penalite - ((tache *)t1)->penalite;
}

void *ordonnancement(tache *taches, size_t nb_taches)
{
    unsigned char *temps_occupe = malloc(sizeof(unsigned char) * nb_taches);
    memset(temps_occupe, 0, nb_taches);

    /* tri des activités par ordre décroissant des pénalités */
```

```
qsort(taches, nb_taches, sizeof(tache), compare_taches);

/* T+ par algorithme glouton */
for (size_t k = 0; k < nb_taches; k++)
{
    int i0 = -1;
    for (size_t i = 0; i < nb_taches; i++)
    {
        if (temps_occupe[i] == 0 && i < taches[k].date_limite)
            i0 = i;
    }
    if (i0 >= 0)
    {
        taches[k].debut = i0;
        temps_occupe[i0] = 1;
    }
}

/* Complétion par les tâches en retard */
int i = 0; // indice du dernier temps disponible utilisé

for (size_t k = 0; k < nb_taches; k++)
{
    if (taches[k].debut == -1)
    {
        while(temps_occupe[i] == 1)
            i++;
        taches[k].debut = i;
        temps_occupe[i] = 1;
    }
}

free(temps_occupe);
}

int main()
{
    tache taches[] = {
        { 1, 1, 3, -1 }, { 2, 2, 6, -1 }, { 3, 3, 4, -1 },
        { 4, 4, 2, -1 }, { 5, 4, 5, -1 }, { 6, 4, 7, -1 },
        { 7, 6, 1, -1 }
    };

    size_t nb_taches = sizeof(taches) / sizeof(tache);

    ordonnancement(taches, nb_taches);

    for (size_t i = 0; i < nb_taches; i++)
    {
        printf("T%d (f:%d,p:%d) @ %d\n", taches[i].id, taches[i].date_limite,
            taches[i].penalite, taches[i].debut);
    }

    return 0;
}
```

Il produit la sortie :

```
T6 (f:4,p:7) @ 3
T2 (f:2,p:6) @ 1
T5 (f:4,p:5) @ 2
T3 (f:3,p:4) @ 0
T1 (f:1,p:3) @ 4
T4 (f:4,p:2) @ 6
T7 (f:6,p:1) @ 5
```

Ce qui correspond à l'ordonnancement $t_3, t_2, t_5, t_6, t_1, t_7, t_4$. Les tâches t_1 et t_4 sont en retard, donc la pénalité totale est de 5.

II.5.iii Preuve d'optimalité

On va montrer que cet algorithme glouton renvoie un ensemble T^+ optimal. Pour cela, on procède comme précédemment. Tout d'abord, on montre qu'il existe une solution optimale qui effectue le premier choix de l'algorithme glouton.

Théorème II.7 Soit T un ensemble de tâches et $t \in T$ une tâche de pénalité maximale. Il existe un ensemble T^+ de tâches pouvant être traitées dans les délais, maximal pour les pénalités et tel que $t \in T^+$.

Démonstration. Soit $T^+ \subset T$ un ensemble maximal. S'il contient t , il convient directement. Sinon, il existe une tâche t' de T^+ qui est traitée à un moment où on pourrait traiter t à temps (sinon $T^+ \cup \{t\}$ conviendrait et T^+ ne pourrait être maximal). On a $p(t') \leq p(t)$ par maximalité de t . L'ensemble T' déduit de T^+ en remplaçant t' par t convient car on a forcément $P(T') = P(T^+)$ (en fait \geq mais = par optimalité de T^+) et par construction toutes ses tâches peuvent être traitées à temps. ■

On montre maintenant qu'en enlevant le choix glouton, on obtient une solution optimale du sous-problème.

Théorème II.8 Soit $T^+ \subset T$ ensemble de tâches pouvant être traitées, maximal pour les pénalités et contenant une tâche t de plus grande pénalité. Soit i l'instant auquel la tâche t commence dans un ordonnancement de T^+ .

On pose $T' = T \setminus \{t\}$ avec des dates limites modifiées :

$$\forall t' \in T', d_{T'}(t') = \begin{cases} d_T(t') & \text{si } d_T(t') \leq i \\ d_T(t') - 1 & \text{sinon} \end{cases}$$

$T^+ \setminus \{t\}$ est alors maximal pour T' .

Démonstration. Dans T' , on a à la fois enlevé t et supprimé l'instant i . Tout ordonnancement de T' peut alors être relevé en un ordonnancement de T en décalant d'un instant les tâches commençant à partir de l'instant i et en ordonnant la tâche t . Réciproquement d'un ordonnancement dans T , on déduit directement un ordonnancement de T' .

Ainsi, s'il existait T'^+ maximal pour T' tel que $P(T'^+) > P(T^+ \setminus \{t\}) = P(T^+) - p(t)$ alors $T'^+ \cup \{t\}$ serait de somme de pénalités strictement plus grande que celle de T^+ supposé maximal.

Donc, $T^+ \setminus \{t\}$ est maximal. ■

On conclut alors directement par récurrence sur le nombre de tâches comme on l'a fait précédemment pour la sélection d'activités :

Théorème II.9 L'algorithme glouton renvoie un ordonnancement optimal.

III Diviser pour régner

III.1 Principe

Le principe des algorithmes dits *Diviser pour régner* est de décomposer un problème en plusieurs sous-problèmes disjoints et de déduire des solutions de ces sous-problèmes une solution au problème de départ.

Le point clé pour ce principe est de pouvoir **fusionner** les solutions de sous-problèmes pour en faire une solution, et de pouvoir le faire dans un temps/espace raisonnable. On procède alors par récursivité en appliquant ce principe pour résoudre les sous-problèmes eux-mêmes jusqu'à tomber sur des sous-problèmes très simples.

III.2 Tri fusion

L'algorithme du tri fusion est un des exemples les plus importants d'algorithmes *Diviser pour régner* :

- Étant donnée une liste l de taille $n \geq 2$, on va considérer les sous-listes l_p des valeurs d'indice pair et l_i des valeurs d'indice impair.
- On trie ensuite l_1 et l_2 pour obtenir l'_1 et l'_2 .
- On fusionne ces deux listes pour obtenir $l' = \text{fusion}(l'_1, l'_2)$ liste triée déduite de l .

Comme expliqué dans le paragraphe précédent, les tris de l_1 et l_2 s'effectuent eux-aussi à l'aide d'un tri fusion.

■ **Note 3.3** TODO : dessin

■

Voici une implémentation en OCaml de cet algorithme :

```
let rec separe_en_deux l =
  match l with
  | [] -> ([], [])
  | [x] -> ([x], [])
  | x::y::q -> let l1, l2 = separe_en_deux q in
    (x::l1, y::l2)

let rec fusionne l1 l2 =
  match l1, l2 with
  | [], _ -> l2
  | _, [] -> l1
  | x::q1, y::q2 ->
    if x < y
    then x :: (fusionne q1 l2)
    else y :: (fusionne l1 q2)

let rec tri_fusion l =
  match l with
  | [] -> []
  | [x] -> [x]
  | _ ->
    let l1, l2 = separe_en_deux l in
```

```

let l1p = tri_fusion l1 in
let l2p = tri_fusion l2 in
fusionne l1p l2p

```

La correction et la terminaison de cet algorithme ne posant aucune difficulté, on va se concentrer sur le calcul de la complexité temporelle :

- `separe_en_deux` consiste en un parcours linéaire de la liste l donc $O(|l|)$.
- `fusionne` supprime un élément d'une des deux listes à chaque appel récursif, donc une complexité en $O(|l_1| + |l_2|)$.
- Pour `tri_fusion` la situation est plus complexe en raison du double appel récursif. On va d'abord traiter le cas des listes contenant 2^k éléments.

Notons t_n la complexité temporelle pour $|l| = n$.

Lemme III.1 $t_{2^n} = O(2^n \log_2 2^n)$

Démonstration. Par l'analyse de complexité des deux fonctions auxiliaires, on a pour $n \in \mathbb{N}$

$$t_{2^{n+1}} = 2t_{2^n} + O(2^n) \leq 2t_{2^n} + M2^n$$

où on peut supposer que $M \geq 1$.

On va montrer par récurrence sur $n \in \mathbb{N}^*$ que $t_{2^n} \leq 2Mn2^n$.

- Initialisation : $t_{2^1} = 2t_1 + M2 = 2M + 2 \leq 4M = 2 \times 1 \times 2^1 M$.
- Hérédité : si $n \in \mathbb{N}^*$ et l'hypothèse est vérifiée pour t_{2^n} , alors $t_{2^{n+1}} \leq 4n2^n M + M2^n = (4n + 1)M2^n \leq 4(n + 1)M2^n \leq 2M(n + 1)2^{n+1}$.

Ainsi $t_{2^n} = O(n2^n)$. ■

Théorème III.2 $t_n = O(n \log_2 n)$

Démonstration. Le lemme assure qu'il existe M' tel que $\forall p \in \mathbb{N}^*, t_{2^p} \leq M'p2^p$.

Soit $n \in \mathbb{N}^*$ et p minimum tel que $n \leq 2^p$. On a $\log_2 n \leq p$ par croissance de \log_2 et ainsi $t_n \leq t_{2^p} \leq M'p2^p = M'n \log_2 n$.

Ainsi, $t_n = O(n \log_2 n)$. ■

■ **Remarque 3.9** On a utilisé implicitement la croissance de t_n ici : plus la liste est longue, plus on effectue d'opérations. ■

Le programme suivant présente une implémentation du tri fusion reposant sur des tableaux. Les sous-tableaux sont manipulés à l'aide de leurs indices de début et de fin comme pour la recherche dichotomique.

```

let rec separe_en_deux l =
  match l with
  | [] -> ([], [])
  | [x] -> ([x], [])
  | x::y::q -> let l1, l2 = separe_en_deux q in
                (x::l1, y::l2)

let rec fusionne l1 l2 =

```

```

match l1, l2 with
| [], _ -> l2
| _, [] -> l1
| x::q1, y::q2 ->
    if x < y
    then x :: (fusionne q1 l2)
    else y :: (fusionne l1 q2)

let rec tri_fusion l =
  match l with
  | [] -> []
  | [x] -> [x]
  | _ ->
      let l1, l2 = separe_en_deux l in
      let l1p = tri_fusion l1 in
      let l2p = tri_fusion l2 in
      fusionne l1p l2p

```

■ **Note 3.4** TODO : exercice tri avec un tableau et tri **en place**

III.3 Nombre d'inversions

Définition III.1 Soit t une structure séquentielle (tableau, liste, ...) contenant des valeurs comparables a_0, \dots, a_{n-1} et énumérées dans cet ordre au sein de t .

Une paire $(i, j) \in \llbracket 0, n-1 \rrbracket^2$ où $i < j$ est appelée une *inversion* de t lorsque $a_i > a_j$.

On note $I(t)$ le nombre d'inversion de t .

- **Remarque 3.10** — Le nombre d'inversions permet de mesurer à quel point t est non triée dans l'ordre croissant.
- Ce concept d'inversion est exactement celui utilisé pour les permutations en mathématiques : si $\sigma \in \mathfrak{S}_n$, il suffit de considérer $(\sigma(1), \dots, \sigma(n))$.

On cherche dans ce paragraphe à calculer $I(t)$ efficacement. Remarquons tout d'abord qu'un algorithme naïf est en $O(n^2)$ où $|t| = n$ en explorant toutes les paires :

```

size_t inversions(int *t, size_t taille)
{
    size_t inv = 0;
    for (size_t i = 0; i < taille; i++)
    {
        for (size_t j = i+1; j < taille; j++)
        {
            if (t[i] > t[j]) inv++;
        }
    }

    return inv;
}

```

On va maintenant donner un algorithme type *Diviser pour régner* :

- On sépare t en deux moitiés t_1 et t_2 .
- On calcule $I(t_1)$ et $I(t_2)$ par des appels récursifs.

- On compte les inversions entre des éléments de t_1 et des éléments de t_2
 - Cela ne dépend pas de leur position dans t_1 ou dans t_2 .
 - On peut donc trier t_1 en t'_1 et t_2 en t'_2 .
 - On compte $N(t_1, t_2) = N(t'_1, t'_2)$ le nombre d'inversions entre t'_1 et t'_2 .
- On en déduit que $I(t) = I(t_1) + I(t_2) + N(t_1, t_2)$.

Pour calculer le nombre d'inversions entre deux tableaux triés t'_1 et t'_2 on peut utiliser l'algorithme en $O(|t'_1| + |t'_2|)$ suivant : pour j parcourant les indices de t'_2 , on cherche le plus petit i tel que $t'_1[i]$.

III.4 Points les plus proches

III.5 Sous-ensemble de somme donnée

III.6 Recherche dichotomique

III.7 Couverture par des segments égaux

IV Programmation dynamique

IV.1 Principe

IV.2 Somme de sous-ensembles

IV.3 Ordonnancement de tâches

IV.4 Plus longue sous-suite commune

IV.5 Distance d'édition



4. Algorithmique des textes

Source image : justgrims, <https://www.flickr.com/photos/notbrucelee/8016192302>

Sources

- *Algorithms* Robert Sedgewick, Kevin Wayne
- *Éléments d'algorithmique* D. Beauquier, J. Berstel, Ph. Chrétienne
- *125 Problems in Text Algorithms with Solutions* Maxime Crochemore, Thierry Lecroq, Wojciech Rytter

I Recherche dans un texte

I.1 Principe de la recherche

On s'intéresse ici au problème suivant :

Problème - RECHERCHETEXTE

- Entrées :
 - une chaîne de caractère s sur l'alphabet Σ
 - un autre chaîne de caractère m sur ce même alphabet appelé *motif* et de longueur plus petite que s
- Sortie : un résultat partiel correspondant à l'indice de la première occurrence du motif dans la chaîne s'il est présent.

La différence fondamentale entre ce problème et celui de la recherche d'un sous-tableau dans un tableau est le fait qu'on considère un alphabet fini et dont le nombre d'éléments est le plus souvent négligeable par rapport à la taille des chaînes de caractères. Cela permet d'effectuer des optimisations qui ne sont pas sans rappeler les tris linéaires comme le tri par comptage.

On parle alors d'algorithmique du texte pour désigner des algorithmes tirant partie de cette contrainte sur les données. La plupart des algorithmes que l'on présente peuvent ainsi s'adapter aisément au cas de tableaux dont les éléments sont pris dans un ensemble fini de petit cardinal.

Avant d'entamer ce chapitre, remarquons qu'il existe, outre l'alphabet usuel, trois alphabets très importants :

- celui des caractères ASCII usuels
- celui contenant les deux éléments 0 et 1, ce qui permet de travailler sur des recherche en binaire.
- et enfin, très important pour la biologie, l'alphabet à quatre lettres A, T, G et C correspondant aux bases d'un brin d'ADN et qui ouvre la porte à beaucoup d'applications en bio-informatique.

■ **Note 4.1** Il y aura sûrement des applications bio-info dans la partie programmation dynamique, faire le lien ici.

I.2 Algorithme naïf en force brute

Une solution naïve consiste à parcourir chaque position de s afin de tester si le motif est présent à partir de cette position.

indices	0	1	2	3	4	5	6	7	8
s	t	o	t	a	t	o	t	o	u
recherche à l'indice 0	t	o	t	a	t	o	t	o	u
à l'indice 1		t	o	t	a	t	o	t	o
à l'indice 2			t	a	t	o	t	o	u
à l'indice 3				t	a	t	o	t	o
à l'indice 4					t	o	t	o	u

motif trouvé à l'indice 4

Cela donne l'implémentation assez directe suivante :

```
def recherche_naive(motif, chaine):
    '''Recherche le motif dans la chaine et renvoie l'indice de
    la première occurrence du motif s'il est présent ou None sinon.'''
    n, p = len(chaine), len(motif)
    for i in range(n-p+1):
        present = True
        for j in range(p):
            if chaine[i+j] != motif[j]:
                present = False
                break
        if present:
            return i
    return None
```

La complexité temporelle en pire cas de cet algorithme correspond au maximum de comparaisons. On peut naturellement en déduire par majoration une borne en $O(np)$ mais on peut remarquer qu'il est assez difficile d'obtenir un exemple concret, ce qui fait penser que ce pire cas est rare.

■ **Remarque 4.1** Considérons la chaîne $s = aa...a = a^n$ qui contient n fois la lettre a et le motif $m = a^{p-1}b$ qui contient $p-1$ a et finit par un b . Dans l'algorithme, on va donc à chaque étape de la première boucle effectuer p itérations dans la seconde avant de se rendre compte que le motif n'est pas présent en comparant b et a . On a donc exactement $(n-p+1)p = \Theta(np)$ comparaisons et on retombe ainsi sur la complexité $O(np)$ pour ces exemples.

Ce qui va se passer dans une application usuelle de cet algorithme, c'est qu'au bout d'une ou deux comparaisons, on pourra invalider la position et passer à la suivante. On va alors avoir une complexité en $O(n+p)$ en considérant en plus la validation du motif dans le cas où il est présent. Ici $p \leq n$ donc $O(n+p) = O(n)$ mais c'est important de garder en tête cette complexité en $O(n+p)$ qu'on retrouvera car elle s'appliquera à des algorithmes où on effectue un prétraitement sur le motif pour l'appliquer ensuite sur plusieurs chaînes.

I.3 Algorithme de Boyer-Moore

Dans un premier temps, on va présenter la variante usuelle de cet algorithme appelée algorithme de Boyer-Moore-Horspool. On présentera ensuite l'algorithme de Boyer-Moore en tant que tel.

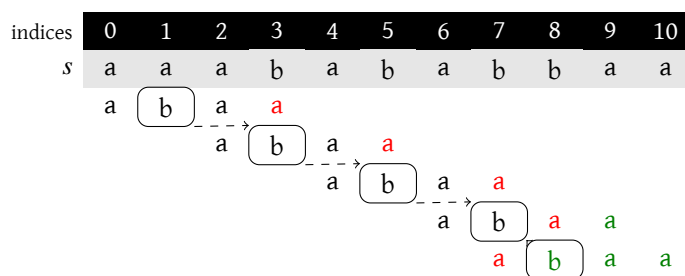
I.3.i Principe de Boyer-Moore-Horspool

Le principe de l'algorithme de Boyer-Moore-Horspool est d'effectuer une recherche du motif comme précédemment mais en partant de la fin. On va alors tenter de trouver des suffixes de plus en plus grand du motif. Si on trouve ainsi le motif, on renvoie la position. Sinon, c'est qu'on a lu dans s un mot de la forme xm' où m' est un suffixe strict de m mais xm' n'en est pas un. Si x n'est pas présent dans m , alors on peut relancer la recherche juste après x dans s . Si x est présent dans m , on peut relancer la recherche en alignant ce caractère avec sa position la plus à droite dans m .

■ **Remarque 4.2** Il faut tenir compte différemment du dernier caractère du motif, car il n'est pas utile de le réaligner. On considère alors, quand elle existe, l'occurrence précédente de ce caractère.

On obtient ainsi une stratégie de saut qui en cas d'échec relance la recherche plus loin.

Voici un premier exemple où on effectue une recherche de *abaa* dans le mot *aabababbaa*. Cette stratégie a permis d'éviter une recherche inutile à partir de l'indice 1.



I.3.ii Implémentation par table de saut

Pour réaliser ces sauts, on construit une table *droite* indexée par Σ et telle que *droite*[c] indique l'indice de l'occurrence la plus à droite dans le motif m du caractère c , en ignorant le dernier caractère du motif.

Ainsi, dans l'exemple précédent du motif *abaa*, on obtient la table suivante :

c	'a'	'b'	'c'	...
<i>droite</i> [c]	2	1	\emptyset	...

On a indiqué ici \emptyset quand un caractère de Σ n'est pas présent dans le motif, car il peut être présent dans s .

Cette table contient donc de l'ordre de Σ éléments. On peut la réaliser par un tableau direct de taille $|\Sigma|$ étant donné un ordre d'énumération. On peut aussi la réaliser par un dictionnaire, ce qui est plus économe en espace si le motif contient peu de lettres différentes. On a choisi ici, pour des raisons pédagogiques, de considérer la numérotation ASCII naturelle associées au caractère de cette table.

```

taille_alphabet = 256
def calcule_droite(motif):
    '''Calcule le tableau droite associé au motif'''
    droite = [ None ] * taille_alphabet
    p = len(motif)
    for i in range(p-1):
        j = p-2-i # indice en partant de la fin
        c = motif[j]
        if droite[ord(c)] is None:
            droite[ord(c)] = j
    return droite

```

Afin d'implémenter l'algorithme lui-même, il est nécessaire de faire des calculs élémentaires mais précis pour déterminer le saut à effectuer. Si à la position $i + j$ on a un échec après avoir lu le caractère c où $\text{droite}[c]$ contient la valeur k .

- Si $k = \emptyset$, c'est que le motif ne pourra jamais être trouvé tant que ce caractère c sera présent. On relance donc la recherche juste après à l'indice $i + j + 1$.

0	1	2	3	4	5	6	7	8
a	b	b	a	a	d	a	c	a
d	a	c						
			d	a	c			

- Si $k \geq j$, cela signifie que c est présent plus à droite dans le motif, donc aligner cette occurrence ne permettrait pas d'avancer la recherche. Rien ne nous permet de savoir si c est présent ou non ailleurs dans le motif, on relance alors prudemment la recherche en $i + 1$.

0	1	2	3	4	5	6	7	8
a	c	a	c	a	d	a	c	a
c	a	c						
	c	a	c					

- Sinon, on veut aligner ce c avec le caractère correspondant du motif, si on relance à l'indice i' , on souhaite ainsi avoir $i' + k = i + j$ donc $i' = i + j - k$.

```

def recherche_BMH(motif, droite, chaine):
    '''Cherche motif dans chaine en utilisant la table de saut
    précalculée droite'''
    n, p = len(chaine), len(motif)
    i = 0
    while i <= n-p:
        present = True

```

```

for j in reversed(range(p)):
    if chaine[i+j] != motif[j]:
        present = False
        k = droite[ord(chaine[i+j])]
        if k is None:
            i = i + j + 1
        elif k < j:
            i = i + j - k
        else:
            i = i + 1
        break
    if present:
        return i
return None

```

I.3.ii.a Correction

Tout d'abord, remarquons que la terminaison ne pose pas de questions dans la mesure où on le nouvel indice auquel on relance la recherche est toujours strictement plus grand que le précédent.

Au sujet de la correction, il suffit de s'assurer que les indices écartés correspondent nécessairement à des recherches infructueuses. Sans perte de généralité, on peut supposer que la recherche s'effectue depuis le premier indice de s . Comme seul les sauts d'au moins deux indices sont ceux pour lesquels il est nécessaire de faire une preuve, cela correspond au cas où $m = m_1cm_2dm_3x$ et $s = s_1cm_3s'$ avec c, d et x des caractères, $d \neq c$ et c non présent dans m_2dm_3 .

Ainsi, toute recherche démarrant à des indices inférieurs échouera systématiquement, au plus tard, en comparant le caractère c de cm_3 avec un caractère du motif dans m_2dm_3 donc différent de c .

I.3.ii.b Complexité

Tout d'abord, on remarque que la table de saut se construit en $O(\max(|m|, |\Sigma|))$ pour un motif m sur un alphabet Σ .

Sans chercher à rentrer dans les détails, on peut raisonnablement penser **si l'alphabet contient assez de caractères** que les motifs auront peu de répétitions et qu'ainsi, les sauts seront presque toujours maximaux, ce qui permet d'obtenir de l'ordre de $\frac{n}{p}$ comparaisons où n est la longueur de la chaîne et p la longueur du motif.

Cependant, en pire cas, cet algorithme n'est pas meilleur que le précédent. Pour s'en convaincre, on va considérer un exemple proche de celui introduit pour l'algorithme naïf. Si on cherche ba^{p-1} dans a^n à l'indice i , il est nécessaire d'attendre de comparer au caractère b pour constater un échec et devoir relancer l'algorithme à l'indice $i + 1$. On va donc faire ici aussi $(n - p + 1)p = \Theta(np)$ comparaisons.

La complexité temporelle en pire cas de Boyer-Moore-Horspool est donc de $O(np)$, même si, en pratique, elle est sous-linéaire.

■ **Remarque 4.3** Si l'alphabet contient peu de caractères, ce qui est le cas en particulier du binaire, il y a de grandes chances qu'on soit dans ce cas pire cas. Ainsi, Boyer-Moore-Horspool n'est pas adapté pour ce type de texte. ■

I.3.iii Principe de Boyer-Moore

Considérons le cas suivant de l'algorithme précédent : on cherche $abbcabc$ dans $cbacbbcab$.

0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
c	b	a	c	b	b	c	a	b	c
a	b	b	c	a	b	c			
	a	b	b	c	a	b	c		
			a	b	b	c	a	b	c

On remarque qu'en raison du fonctionnement de cet algorithme, on est forcé de faire de tous petits sauts et on est ramené à l'algorithme naïf. Cependant, après la première étape, on sait qu'on a lu un suffixe du motif bc qui est précédé d'un caractère a en sorte que bbc ne soit pas un suffixe du motif.

Il y a un autre endroit dans le motif où on peut trouver *bc avec * un autre caractère que a. On pourrait donc relancer la recherche en alignant cette occurrence de bc avec celle qu'on vient de lire. Cela revient à sauter directement à la dernière étape dans cet exemple :

0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
c	b	a	c	b	b	c	a	b	c
a	b	b	c	a	b	c			
			a	b	b	c	a	b	c

Pour pouvoir réaliser ce décalage, il est nécessaire de calculer une nouvelle table en parcourant le motif pour identifier de telles apparitions de suffixes.

On peut aller plus loin en considérant également le plus long préfixe du motif qui soit un suffixe du suffixe considéré. Par exemple, pour le motif bcabc on remarque que bc étant un préfixe, on peut effectuer un saut comme dans l'exemple suivant :

0	1	2	3	4	5	6	7	8
c	a	a	b	c	c	b	b	c
b	c	a	b	c				
			b	c	a	b	c	

I.3.iii.a Table des bons suffixes

■ **Note 4.2** Tout cela sera redéfini proprement plus tard dans le chapitre sur les langages. Je laisse cette partie en attendant pour que la présentation soit complète.

Il est nécessaire d'introduire des définitions précises pour formaliser la stratégie qu'on vient de présenter. Dans le contexte des langages, on parle plus souvent de mot que de chaîne de caractères, qui sont un type de données permettant de les représenter. Un mot sur l'alphabet Σ est donc une suite finie $a_1 \dots a_n$ de lettres dans l'alphabet. On note μ l'unique mot vide, c'est-à-dire ne contenant aucune lettre. L'ensemble des mots sur Σ est noté Σ^* . Si u et v sont des mots, uv est le mot obtenu par concaténation.

■ **Remarque 4.4** Σ^* muni de cette loi de composition a une structure proche de l'ensemble des entiers naturels \mathbb{N} muni de l'addition :

- on a : $\forall u, v, w \in \Sigma^*, u(vw) = (uv)w = uvw$, on dit que la loi est associative ;
- elle possède un élément neutre $\mu : \forall u \in \Sigma^*, \mu u = u\mu = u$.

On dit alors que Σ^* est un **monoïde**. Cette structure très simple est cruciale en informa-

tique. ■

Définition 1.1 Soit $u, v \in \Sigma^*$, on dit que v est :

- un **suffixe** de u s'il existe $w \in \Sigma^*$ tel que $u = wv$
- un **préfixe** de u s'il existe $w \in \Sigma^*$ tel que $u = vw$

Lorsque $w \neq \mu$, on parle de suffixe ou de préfixe **propre**.

On dit que v est un **bord** de u lorsque v est suffixe et préfixe propre de u .

■ **Exemple 4.1** Soit $u = abacaba$. *abac* est un préfixe de u , *caba* un suffixe et *aba* un bord. ■

Définition 1.2 Soit $x = x_1 \dots x_n$ et u, v deux suffixes **distincts** de x . On dit que u et v sont des suffixes **disjoints** quand on est dans l'un des cas suivants :

- $u = x$
- $v = x$
- $u \neq x, v \neq x$ et $x_{|x|-|u|} \neq x_{|x|-|v|}$.

Des suffixes disjoints sont donc des suffixes précédés par des lettres différentes dans x . On définit de même la notion de préfixes disjoints.

On considère un motif $x = x_0 \dots x_{n-1}$ et on va reprendre, en la précisant, la description précédente. Se faisant, on va construire une table **bonsuffixe** appelée la table des **bons suffixes** du motif x et telle que, pour $i \in \llbracket 0, n-1 \rrbracket$, **bonsuffixe**[i] donne le nombre de positions dont on doit décaler le motif vers la droite pour relancer la recherche après la lecture du suffixe $x_{i+1} \dots x_{n-1}$.

Supposons qu'on vient de lire avec succès un suffixe propre u . Ainsi $x = x_0 \dots x_i u$ et on vient de lire dans la chaîne où on effectue la recherche au avec $a \neq x_i$.

- Soit il existe un autre suffixe buv de x où $b \neq x_i$ et alors on appelle bon suffixe pour u un tel suffixe de longueur minimale et on pose alors **bonsuffixe**[i] = $|v|$
- Sinon, on cherche v de longueur minimale tel que x soit un suffixe de uv et on pose également **bonsuffixe**[i] = $|v|$.

On remarque que si x est suffixe de uv et qu'on a également buv' suffixe de x , alors $|uv| = |u| + |v| \geq |x| \geq |buv'| \geq |u| + |v'|$ donc $|v| \geq |v'|$ ce qui permet de considérer le plus petit v sur l'ensemble des cas.

I.3.iii.b Table des suffixes

Afin de calculer efficacement **bonsuffixe** on va commencer par calculer la table des suffixes du motif, il s'agit de la table **suffixe** où **suffixe**[i] contient la longueur du plus long suffixe de x de la forme $x_j \dots x_i$. Ainsi, si on note S_i les suffixes de cette forme, on a :

$$\text{suffixe}[i] = \begin{cases} 0 & \text{si } S_i = \emptyset \\ \max \{ |s| \mid s \in S_i \} & \text{sinon} \end{cases}$$

Nécessairement, **suffixe**[$n-1$] = n car x convient.

■ **Exemple 4.2** Pour $x = bcabc$ on a :

i	0	1	2	3	4
suffixe[i]	0	2	0	0	5

et pour $x = abbabba$:

i	0	1	2	3	4	5	6
suffixe[i]	1	0	0	4	0	0	7

■

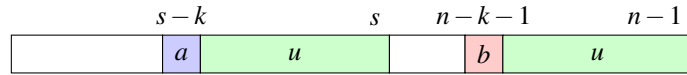
Il est possible de construire `suffixe` avec un simple parcours linéaire en tirant partie de l'information déjà calculée. Pour cela, on va remplir `suffixe` de droite à gauche.

A tout moment, on va conserver le meilleur suffixe rencontré, c'est-à-dire celui pour lequel on est allé le plus loin à gauche avant d'avoir un échec de comparaison. On note s la position la plus à droite de ce suffixe et k sa longueur, il s'agit donc de $u = x_{s-k+1} \dots x_s$ et il y a eu un échec de comparaison en x_{s-k} . Par définition de `suffixe` on a `suffixe[s] = k`. Le mot x s'écrit alors :

$$x = x_0 \dots \underbrace{x_{s-k} x_{s-k+1} \dots x_s}_{= u} \dots \underbrace{x_{n-1-k} x_{n-k} \dots x_{n-1}}_{= u}$$

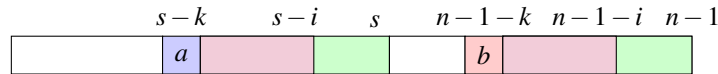
\neq

Ce qu'on peut représenter schématiquement ainsi :

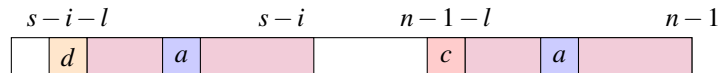


Maintenant, on considère la position $s-i$ où $s > s-i > s-k$, cela signifie qu'on cherche un suffixe depuis une position interne au mot u de gauche. Le point clé permettant d'obtenir un algorithme linéaire est de remarquer que la situation est la même que dans le mot u de droite. Or, comme on procède de gauche à droite, on a déjà calculé la valeur correspondante `suffixe[n-1-i]`. Là, on a deux cas :

- soit quand on a cherché le plus grand suffixe à partir de $n-i$, on s'est heurté à une erreur de comparaison à la position $n-k$. Dans ce cas, on a `suffixe[n-1-i] = k-i` et on peut regarder, en partant de la position $s-k$, si on peut prolonger le suffixe finissant à la position $s-i$.



Pour effectuer ce prolongement, il suffit de comparer, caractère par caractère, vers la gauche en partant de la position $s-k$. On aboutira alors à une nouvelle position du suffixe finissant le plus à gauche qui finira en $s-i$.



Remarquons qu'il n'est pas nécessaire que $s-i-l \neq s-k$. C'est-à-dire que même si a ne permet pas de prolonger le suffixe déduit de la position $n-i$, on considère tout de même que la nouvelle position de référence est $s-i$. On en déduit également la valeur `suffixe[s-i] = l`.

- soit `suffixe[n-1-i] = p ≠ k-i` et alors
 - soit $p < k-i$, on a alors pour ce suffixe un échec dans u , ce qui limite de la même manière la valeur en $s-i$: `suffixe[s-i] = p`.

- soit $p > k - i$, donc on doit avoir un b après avoir le suffixe dans u depuis $s - i$ pour le prolonger, or, c'est impossible car il y a un $a \neq b$. Ainsi, le suffixe est limité par u : $\text{suffixe}[s-i] = k - i$.

Il reste à traiter le cas où $s - i \leq s - k$, ce qui revient à considérer qu'on a dépassé le précédent suffixe pouvant apporter une information. On procède donc naïvement pour trouver le plus grand suffixe depuis cette position.

On en déduit l'implémentation suivante :

```
def calcule_suffixe(x):
    '''Prend en entrée un mot non vide x et renvoie son tableau de suffixe'''
    n = len(x)
    suffixe = [ None ] * n
    suffixe[n-1] = n
    plus_a_gauche = n-1
    depart = None

    for j in reversed(range(0,n-1)):
        if plus_a_gauche < j and suffixe[n-1-depart+j] != j-plus_a_gauche:
            suffixe[j] = min(suffixe[n-1-depart+j], j-plus_a_gauche)
        else:
            plus_a_gauche = min(plus_a_gauche, j)
            depart = j
            while plus_a_gauche >= 0 \
                  and x[plus_a_gauche] == x[n-1-j+plus_a_gauche]:
                plus_a_gauche = plus_a_gauche - 1
            suffixe[j] = depart - plus_a_gauche

    return suffixe
```

■ **Remarque 4.5** Cette implémentation est optimisée par rapport à la description précédente en calculant directement sans introduire i ou k , et en fusionnant deux cas qui reviennent à dupliquer du code.

On donne ici le code maladroit qui correspond à la traduction exacte de la description précédente :

```
def calcule_suffixe_rep(x):
    '''Prend en entrée un mot non vide x et renvoie son tableau de suffixe'''
    n = len(x)
    suffixe = [ None ] * n
    suffixe[n-1] = n
    plus_a_gauche = n-1
    depart = None

    for j in reversed(range(0,n-1)):
        if plus_a_gauche < j:
            # on a j = depart - i avec
            i = depart - j
            # et plus_a_gauche = depart - k avec
            k = depart - plus_a_gauche
            if suffixe[n-1-i] != k-i:
                suffixe[j] = min(suffixe[n-1-i], k-i)
            else:
                depart = j
```

```

        while plus_a_gauche >= 0 \
            and x[plus_a_gauche] == x[n-1-j+plus_a_gauche]:
            plus_a_gauche = plus_a_gauche - 1
            suffixe[j] = depart - plus_a_gauche
    else:
        plus_a_gauche = depart = j
        while plus_a_gauche >= 0 \
            and x[plus_a_gauche] == x[n-1-j+plus_a_gauche]:
            plus_a_gauche = plus_a_gauche - 1
            suffixe[j] = depart - plus_a_gauche

    return suffixe

```

On remarque que dans ce code, `plus_a_gauche` ne peut que diminuer, on effectue donc au plus n itérations dans la boucle `while` pour tout l'algorithme. Donc, en considérant la boucle `for`, on effectue au plus $2n$ comparaisons de caractères : au plus une pour chaque itération de la boucle `for` pour voir si on entre dans le `while`, puis en tout au plus n avant de sortir du `while`.

L'algorithme qu'on a obtenue est bien linéaire en $|x|$.

I.3.iii.c Obtention de bonsuffixe à partir de suffixe

On reprend maintenant le calcul de `bonsuffixe[i]` dans le mot $x = x_0 \dots x_{n-1}$.

On cherche à obtenir des suffixe de la forme buv de x où $b \neq x_i$ et $u = x_{i+1} \dots x_{n-1}$ est un suffixe de x . Mais si `suffixe[k] = n - 1 - i` cela signifie que ce suffixe est exactement u et qu'il est soit préfixe, soit précédé d'une lettre différente de x_i , sinon $n - 1 - i$ ne serait pas maximal.

On a donc

$$\begin{aligned}
 \text{bonsuffixe}[n - 1 - i] &= \min \{ n - 1 - k \mid \text{suffixe}[k] = n - 1 - i \} \\
 &= n - 1 - \max \{ k \mid \text{suffixe}[k] = n - 1 - i \}
 \end{aligned}$$

On remarque qu'on peut ainsi faire croître k et poser :

$$\text{bonsuffixe}[n - 1 - \text{suffixe}[k]] = n - 1 - k$$

On aura alors naturellement, à la fin de la boucle, la valeur minimale placée en dernier.

Reste à considérer les valeurs non remplies ainsi dans le tableau `bonsuffixe`. Elles correspondent aux positions i telles qu'il n'existe pas de suffixe de la forme buv . On doit donc chercher un mot uv de longueur minimale dont x est suffixe. Mais u étant un suffixe de x , cela revient à considérer les bords de x . La table `suffixe` permet également de détecter les bords : si $x_0 \dots x_k$ est un bord c'est que `suffixe[k] = k + 1`.

Soit $k < n - 1$ maximal vérifiant cette condition. Pour tout $u = x_{i+1} \dots x_n$ suffixe de x , pour qu'il ait $x_0 \dots x_k$ comme suffixe, il faut qu'il soit strictement plus long (sinon on est dans le cas précédent), donc que $n - i > k + 1 \iff i < n - 1 - k$. Dans ce cas, x est alors suffixe de uv où $v = x_{k+1} \dots x_{n-1}$ donc $|v| = n - 1 - k$. Les k plus petits ne pourront alors que faire augmenter $|v|$, on peut ainsi poser `bonsuffixe[i] = n - 1 - k`.

On en déduit un remplissage en parcourant les k dans l'ordre décroissant de $n - 2$ à 0 , tout en maintenant l'indice i de la prochaine valeur à remplir dans `bonsuffixe`. Dès qu'on détecte un bord, on place $n - 1 - k$ jusqu'à ce que $i \geq n - 1 - k$.

En sortie de boucle, il est possible que $i < n$ donc qu'il reste des valeurs à remplir. On remarque dans ce cas là que pour que x soit un suffixe de uv il faut que $v = x$. On a donc pour ces valeurs restantes `bonsuffixe[i] = n`.

Comme ce second cas est toujours plus long que le premier quand les deux se produisent en i , on implémente successivement les remplissages de sorte à obtenir la valeur minimum. On en déduit le programme suivant :

```
def calcule_bonsuffixe(x):
    '''Prend en entrée un mot non vide x et renvoie son tableau de suffixe'''
    n = len(x)
    suffixe = calcule_suffixe(x)
    bonsuffixe = [ n ] * n

    suivant = 0
    for k in reversed(range(0,n-1)):
        if suffixe[k] == k+1: # c'est un bord
            for i in range(suivant,n-1-k):
                bonsuffixe[i] = n-1-k
            suivant = n-1-k

    for k in range(0,n-1):
        bonsuffixe[n-1-suffixe[k]] = n-1-k

    return bonsuffixe
```

Il est facile de constater que cet algorithme est de complexité temporelle linéaire en $|x|$.

I.3.iii.d Algorithme de Boyer-Moore

On incorpore naturellement la table précédente à l'algorithme de Boyer-Moore en choisissant le meilleur décalage entre cette table et la stratégie précédente.

```
def recherche_BM(motif, droite, bonsuffixe, chaine):
    '''Cherche motif dans chaine en utilisant les tables de sauts
    droite et bonsuffixe'''
    n, p = len(chaine), len(motif)
    i = 0
    while i <= n-p:
        present = True
        for j in reversed(range(p)):
            if chaine[i+j] != motif[j]:
                present = False
                k = droite[ord(chaine[i+j])]
                if k is None:
                    dec = j + 1
                elif k < j:
                    dec = j - k
                else:
                    dec = 1
                dec = max(dec, bonsuffixe[j])
                i = i + dec
                break
        if present:
            return i
    return None
```

Supposons que le motif est de longueur p , que la chaîne dans laquelle on recherche est de longueur n et que la taille de l'alphabet est une constante indépendante des entrées. La première partie de l'algorithme consiste à construire les tables de sauts, comme on l'a vu, elle est en complexité en temps et en espace en pire cas en $O(p)$.

On admet que l'algorithme Boyer-Moore complet, étant donné les deux tables de saut et d'autres modifications mineures non présentées ici, est en complexité temporelle en pire cas en $O(n)$.

Il est assez raisonnable de penser que soit $p \leq n$ quand on effectue une recherche, soit on compte chercher un même motif dans plusieurs textes et on réutilise ainsi les tables de sauts. Il n'est donc pas forcément très pertinent de parler de la complexité globale de l'algorithme, mais lorsqu'on le fait, on dit qu'elle est en $O(p + n)$. On rappelle ici le rôle de l'addition dans les complexités qui fait référence à la succession de deux traitements, un en $O(p)$ suivi d'un en $O(n)$.

I.4 Algorithme de Rabin-Karp

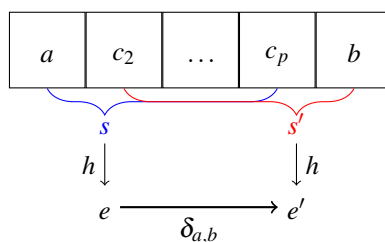
I.4.i Principe

L'algorithme de Rabin-Karp est un algorithme de recherche d'un motif dans un texte qui utilise une notion d'empreinte pour déterminer, en temps constant, si il est probable que la position actuelle corresponde à une occurrence du motif.

Pour cela, si on cherche un motif de longueur p sur l'alphabet Σ , on considère une **fonction de hachage** $h : \Sigma^p \rightarrow X$. Les éléments de l'ensemble X sont appelés des empreintes et on suppose que l'égalité entre deux empreintes se vérifie en temps constant contrairement à l'égalité dans Σ^p qui se vérifie en $O(p)$ dans le pire des cas. Le plus souvent, on choisit pour X un type entier machine.

■ **Note 4.3** Sûrement mettre ici des renvois vers la partie portant le plus sur la notion de fonction de hachage pour la définition la plus complète.

Bien qu'il soit normalement aussi coûteux de calculer l'image par h d'une sous-chaîne de longueur p que de tester l'égalité entre cette sous-chaîne et le motif, le point essentiel de l'algorithme de Rabin-Karp est d'utiliser une fonction de hachage permettant un calcul incrémental en temps constant :



Ici, on considère donc, pour $a, b \in \Sigma$, une fonction de mise à jour $\delta_{a,b} : X \rightarrow X$ telle que pour tout $c_2, \dots, c_p \in \Sigma$ on ait $\delta_{a,b}(h(ac_2 \dots c_p)) = h(c_2 \dots c_p b)$.

L'algorithme de Rabin-Karp procède alors ainsi pour chercher m de longueur p dans la chaîne $s = c_0 \dots c_{n-1}$ où $n \geq p$:

- calcul de $e_m = h(m)$ et $e = h(c_0 \dots c_{p-1})$.
- Pour i allant de 0 à $n - p$:
 - Si $e_m = e$, on renvoie un succès pour la recherche à la position i si $m = c_i \dots c_{i+p-1}$
 - si $i < n - p$ on met à jour l'empreinte $e \leftarrow \delta_{c_i, c_{i+p}}(e)$.

La complexité temporelle liée à la gestion des empreintes est donc en $O(n + p) = O(n)$ car $n \geq p$. Par contre, pour calculer la complexité liée à la recherche $m = c_i \dots c_{i+p-1}$, il est nécessaire d'estimer la proportion de faux positifs, c'est-à-dire de positions i telles que $e_m = e$ mais $m \neq c_i \dots c_{i+p-1}$. On va voir dans la partie suivante qu'on peut supposer qu'elle est négligeable, ce qui permet de considérer que l'algorithme de Rabin-Karp est linéaire.

I.4.ii Choix d'une fonction de hachage

Réaliser une bonne fonction de hachage est une question très complexe qui dépasse le cadre du cours d'informatique de MPI. Cependant, il est possible de réaliser ici une fonction de hachage répondant aux contraintes de Rabin-Karp assez facilement.

Pour cela, on considère que les caractères sont des entiers compris entre 0 et 255, ce qui correspond au type des caractères non signés sur un octet. On peut alors identifier une chaîne de longueur p avec un nombre entre 0 et $r^p - 1$ où $r = 2^8$, on note ainsi

$$P(c_0 \dots c_{p-1}) = \sum_{i=0}^{p-1} c_i r^{p-1-i} = c_0 r^{p-1} + c_1 r^{p-2} + \dots + c_{p-1}$$

On considère de plus un entier premier q et on pose $h(s) = P(s) \bmod q$ c'est-à-dire le reste de $P(s)$ dans la division euclidienne par q . On peut ainsi définir $\delta_{a,b}(e) = (r(e - ar^{p-1}) + b) \bmod q$.

Si on précalcule $r^{p-1} \bmod q$ il suffit d'un nombre d'opération constant, et indépendant de p , pour calculer la nouvelle empreinte à l'aide de $\delta_{a,b}$.

Le point essentiel est alors de déterminer un nombre premier q tel qu'il soit peu probable d'obtenir des faux positifs. Une analyse mathématique permet d'affirmer que chaque élément de $[0; q-1]$ a de l'ordre de $\frac{r^p}{q}$ antécédents par h . Ainsi, si on choisit deux chaînes aléatoirement dans Σ^p , il y aura collision avec probabilité proche de $\frac{1}{q}$. En considérant q proche de la taille maximale pour le type entier considéré, on minimise donc cette probabilité.

■ **Remarque 4.6** On peut également s'intéresser à des nombres q pour lesquels le modulo soit rapide à calculer. Un exemple classique est $q = 2^{31} - 1$ car on peut déduire la division euclidienne de a par q de l'écriture de a en base 2^{31} . En effet, si $a = \sum_{k=0}^n a_k 2^{31k}$ comme $2^{31} - 1 \mid 2^{31k} - 1$ pour $k \geq 1$, on a $2^{31k} \equiv 1 [q]$ et ainsi $a \equiv \sum_{k=0}^n a_k [q]$. On remarque que $a_k = (a \gg 31k) \& 2^{31}$, on a alors soit $a_k < q$ et alors $a_k \bmod q = a_k$, soit $a_k = q$ et $a_k \bmod q = 0$. Il suffit donc de faire un masquage pour obtenir directement $a_k \bmod q = (a \gg 31k) \& q$.

On obtient alors le programme suivant :

```
def fastmod(a):
    s = 0
    q = 0x7fffffff
    while a > 0:
        s = s + a & q
        a = a >> 31
    if s > q:
        return fastmod(s)
    elif s == q:
        return 0
    return s
```

Le programme suivant implémente naïvement les calculs de h et de $\delta_{a,b}$:

```
def hash(r,q,s):
    e = 0
    p = 1
    for c in reversed(s):
```

```

        e = (ord(c) * p + e) % q
        p = (r * p) % q
    return e

def delta(r,q,rp,a,b,e):
    return (r * (e - rp * ord(a)) + ord(b)) % q

```

I.4.iii Implémentation

Une implémentation directe de l'algorithme de Rabin-Karp est donnée dans le programme qui suit. On se sert ici du caractère paresseux du `&&` pour n'effectuer le test coûteux d'égalité des chaînes qu'en cas d'égalité des empreintes.

```

def rabin_karp(m, s):
    p, n = len(m), len(s)
    r, q = 256, 0x7fffffff
    rp = (r ** (p-1)) % q
    me, e = hash(r,q,m), hash(r,q,s[:p])
    for i in range(0,n-p+2):
        if me == e and m == s[i:i+p]:
            return i
        if i+p < n:
            e = delta(r,q,rp,s[i],s[i+p],e)
    return None

```

Si on suppose qu'il est improbable d'obtenir un faux positif, il est possible de renvoyer un succès dès que les empreintes sont égales. L'avantage d'une telle version est alors d'être un algorithme sans retour sur les données. C'est-à-dire qu'il n'est pas nécessaire de garder en mémoire ou de réaccéder à un caractère.

I.4.iv L'algorithme originel de Rabin et Karp

Si on regarde l'article originel de Rabin et Karp décrivant cette méthode, on peut être étonné du fait que la méthode précédemment décrite était considérée comme déjà connue dans la littérature par les auteurs. En fait, ce qu'ils décrivent et annoncent comme étant novateur est l'utilisation d'un algorithme probabiliste en choisissant aléatoirement une fonction de hachage à chaque lancement de l'algorithme. En pratique, il s'agit de choisir aléatoirement un nombre premier q parmi un ensemble précalculé de nombres premiers.

L'algorithme que l'on vient de décrire a un pire cas qui est très improbable car on considère que la probabilité d'un faux positif est à peu près de $1/q$, donc moins de $5 \cdot 10^{-10}$ pour $q = 2^{31} - 1$. Le problème ici est la notion de probabilité sur les entrées : est-on certain que l'algorithme recevra une entrée choisie uniformément ? Rabin et Karp parlent d'un *adversaire intelligent* qui aurait connaissance de la fonction de hachage choisie pour produire des entrées en pire cas. On pourrait ainsi imaginer une *attaque* sur serveur effectuant une recherche avec Rabin-Karp suite à l'entrée d'un utilisateur. Un adversaire pourrait construire une entrée en pire cas et tenter de surcharger le serveur en l'effectuant de manière répétée.

Pour bien mettre en lumière ce phénomène, nous allons ici construire, dans un cas très simple de fonction de hachage, une telle chaîne problématique. Pour cela, considérons la fonction de hachage précédemment décrite dans le cas de motif de taille 2, avec Σ contenant les lettres de a à z, $r = 26$ et $q = 17$. On considère une recherche du motif aa dont l'empreinte est 0, la même que celle des chaînes ar et ra. On peut donc considérer la chaîne arar...ar qui produira un faux positif à chaque étape.

■ **Remarque 4.7** Détail des calculs. Ici on associe à a la valeur 0, ..., à z la valeur 25. On a donc

$$h(aa) = (0 \times 26 + 0) \mod 17 = 0$$

$$h(ar) = (0 \times 26 + 17) \mod 17 = 0$$

$$h(ra) = (17 \times 26 + 0) \mod 17 = 0$$

L'empreinte reste ainsi nulle tout au long de l'algorithme de Rabin-Karp et on a un faux positif à chaque itération. ■

II Compression

II.1 Principe

On s'intéresse ici à la compression parfaite d'un texte, c'est-à-dire, étant donné un alphabet fixé Σ , qu'on cherche à réaliser un couple de fonctions $comp, dec : \Sigma^* \rightarrow \Sigma^*$ telles que :

- pour tout mot $m \in \Sigma^*$, $dec(comp(m)) = m$
- pour la plupart des mots m qui correspondent aux données qu'on cherche à compresser, $|comp(m)| < |m|$.

■ **Remarque 4.8** Le fait que $dec \circ comp = id_{\Sigma^*}$ implique, comme on a pu le voir dans le cours de mathématique, que $comp$ est injective : deux mots différents ont nécessairement des images distinctes.

Si A et B sont deux ensembles finis tels que $|A| < |B|$, il n'existe pas de fonction injective de A dans B . Ainsi, si on note L_n les mots de Σ^* de longueur au plus n , il ne peut exister de fonction injective de L_n dans L_m où $n < m$.

Autrement dit : il est impossible d'espérer pouvoir compresser toutes les données de L_n . Si certains mots vont diminuer de longueur après compression, d'autres vont nécessairement augmenter.

Tout l'enjeu des algorithmes de compression parfaites est alors de diminuer les longueurs des mots qui nous intéressent. Par exemple, si on s'intéresse à des mots issus de textes en français, il est plus important d'arriver à compresser une phrase comme "ceci est un texte" plutôt qu'une suite de caractères non signifiante comme "c2#5%1ajdn // @#3d!fn". ■

II.2 Algorithme d'Huffman

La définition et la construction de l'arbre de Huffman ont été présentées au paragraphe Algorithme d'Huffman - Compression. On va s'intéresser ici au processus complet permettant de compresser et décompresser des fichiers avec cet algorithme.

II.2.i Calcul de la table d'occurrences

Par souci d'efficacité, on calcule une table d'occurrences pour l'ensemble des valeurs d'octets entre 0 et 255. Il suffit alors de parcourir le fichier pour incrémenter les valeurs correspondant aux octets lus.

ERROR: src/algorithmique/../../snippets/algorithmique/huffman.py does not exist

II.2.ii Sérialisation de l'arbre de Huffman

Afin de décompresser, il est nécessaire de connaître l'arbre de Huffman donnant le code préfixe. Pour cela, il faut stocker cet arbre dans le fichier comme une série d'octet, on parle de *sérialisation*. Cette notion sera prolongée dans le chapitre FIXME.

On choisit ici la représentation récursive `repr(a)` de l'arbre a définie ainsi :

- Si $a = \text{Noeud}(g, d)$, `repr(a) = 0 repr(g) repr(d)`
- Si $a = \text{Feuille}(c)$, `repr(a) = 1 c`.

■ **Exemple 4.3** Si $a = \text{Noeud}(\text{Feuille } 42, \text{Noeud}(\text{Feuille } 16, \text{Feuille } 64))$, on obtient la suite d'octets : 0 1 42 0 1 16 1 64.

La lecture et l'écriture de la sérialisation s'effectue alors simplement par récurrence :

ERROR: src/algorithmique/../../snippets/algorithmique/huffman.py does **not** exist

II.2.iii Écriture dans un fichier un bit à la fois

■ **Note 4.4** À déplacer éventuellement dans une partie spécifique sur la gestion de fichiers.

Le propre de l'algorithme de Huffman est d'associer à chaque caractère un codage binaire de longueur variable. Afin de pouvoir écrire ce codage dans un fichier, il est nécessaire de grouper les bits par paquet de huit (octet en français, byte en anglais).

Ainsi, par exemple, si on a le codage suivant :

c	'a'	'b'	'c'
code(c)	0	100	101

et qu'on doit encoder "abbaca", on obtient le mot binaire 010010001010 qu'on complète avec des 0 à la fin et qu'on sépare en octets : 01001000 10100000. On obtient donc les deux octets, convertis en décimal, 72 et 160. Ce sont eux qu'on va écrire dans un fichier.

Une technique usuelle pour cela est de garder un accumulateur qui correspond à l'octet en train d'être construit ainsi que le nombre de bits qui ont été accumulés. Dès qu'on accumulé 8 bits, on peut construire l'octet, l'écrire dans le fichier, puis réinitialiser ces variables.

Quand on rajoute un bit b à l'accumulateur, on veut passer de $acc = b_1 \dots b_k$ à $b_1 \dots b_k b = 2acc + b$.

On en déduit l'implémentation assez directe suivante :

class Bitpacking:

'''La classe Bitpacking se comporte comme un fichier Python tout en fournissant des méthodes spécifiques à la lecture et à l'écriture de bit.'''

```
def __init__(self, filename, mode):
    self.file = open(filename, mode)
    self.accumulateur = 0
    self.bits_accumules = 0

    self.input = mode[0] == 'r'
    if self.input:
        self.init_input()

def write_bit(self, b):
    if self.bits_accumules == 8:
        self.write(bytes([self.accumulateur]))
        self.accumulateur = 0
        self.bits_accumules = 0
    self.accumulateur = 2 * self.accumulateur \
```



```

        + (1 if b else 0)
    self.bits_accumules += 1

```

Il reste à traiter la question des zéros finaux, si l'accumulateur contient k bits au moment de la fermeture du fichier, où $0 < k < 8$, il faut ajouter $8 - k$ zéros. On appelle cela du *padding* de l'anglais pour rembourrage. Ici, cela correspond à faire un décalage binaire vers la gauche d'autant (*shift left* en anglais). Comme il sera nécessaire de se souvenir que ces zéros ne sont pas significatifs à la lecture, on rajoute un octet final contenant cette valeur k .

On obtient alors la fonction de fermeture de fichier suivante :

```

def close(self):
    if not self.input:
        self.close_output()
    self.file.close()

def close_output(self):
    if self.bits_accumules == 0:
        self.file.write(b'\x00')
    else:
        padding = 8 - self.bits_accumules
        self.file.write(bytes([
            self.accumulateur << padding,
            padding ]))

```

■ **Remarque 4.9** Une autre possibilité consiste à ajouter un entier décrivant la taille des données non compressées. C'est d'ailleurs parfois un problème avec les formats car si la taille est stockée sur 4 octets cela limite la taille d'un fichier pouvant être compressé. ■

Pour la lecture, on procède de même en faisant attention à deux points :

- on va lire les bits dans l'octet de la gauche vers la droite, c'est-à-dire du bit de poids le plus fort au bit de poids le plus faible. Ainsi, si l'accumulateur contient $acc = b_1 \dots b_8$, il suffit de faire un *et* bit à bit avec $b10000000 = 0x80 = 128$ pour obtenir $acc \& 0x80 = b_1 0 \dots 0$ donc un nombre qui vaut 0 si et seulement si $b_1 = 0$. Après avoir effectué cette lecture, il suffit de décaler vers la gauche en multipliant l'accumulateur par 2 : $2acc = b_2 \dots b_8 0$.
- on doit tenir compte des zéros finaux, pour ça, on a besoin de savoir qu'on est en train de lire le dernier caractère du fichier. On calcule donc la taille du fichier à son ouverture et on test si l'octet lu est l'avant-dernier, auquel cas on lit le dernier octet et on diminue d'autant le nombre de bits significatifs dans l'accumulateur.

On obtient alors le programme suivant pour la lecture :

```

def init_input(self):
    self.file.seek(0, os.SEEK_END)
    self.taille = self.file.tell()
    self.file.seek(0, os.SEEK_SET)

def read_bit(self):
    if self.bits_accumules == 0:
        c = self.file.read(1)
        if len(c) == 0: # fin de fichier
            return b''
        self.accumulateur = ord(c)
        self.bits_accumules = 8

```

```

        if self.file.tell() == self.taille - 1:
            pad = ord(self.file.read(1))
            self.bits_accumules -= pad
        bit = (self.accumulateur & 0x80) != 0
        self.accumulateur *= 2
        self.bits_accumules -= 1
    return bit

```

II.2.iv Compression d'un octet

Pour pouvoir compresser un octet, il est nécessaire d'obtenir le chemin qui mène jusqu'à la feuille dont il est l'étiquette dans l'arbre de Huffman. Pour cela, on commence par calculer l'ensemble des chemins de l'arbre de Huffman sous forme d'une table à 256 entrées qui contient le chemin associé à un octet s'il est présent dans l'arbre ou un chemin vide sinon. On parlera de représentation plate de l'arbre de Huffman.

Il suffit de faire un parcours exhaustif de l'arbre (FIXME référence aux parcours d'arbres) pour réaliser cette table :

ERROR: src/algorithmique/../../snippets/algorithmique/huffman.py does **not** exist

Afin de compresser un octet, on va donc aller lire le chemin dans cette table puis écrire le mot binaire correspond grâce aux fonctions d'écriture bit à bit :

ERROR: src/algorithmique/../../snippets/algorithmique/huffman.py does **not** exist

■ **Remarque 4.10** A chaque fois qu'on va compresser un octet, on va parcourir la liste correspondant à son chemin. Comme les chemins les plus longs sont les moins fréquents, cela ne pose pas vraiment de problèmes.

Cependant, il est possible d'optimiser cela en ne stockant pas le chemin mais la fonction d'écriture elle-même. Ainsi, on ne va plus stocker des listes de booléens mais des fonctions du type `Bitpacking.out_channel_bit -> unit` qui vont réaliser l'écriture compressé de l'octet correspondant.

Au cours du parcours de l'arbre, on maintient une fonction correspondant à l'écriture du préfixe du chemin `chemin`. Si on l'appelle est effectué sur un noeud, on remplace `chemin` par la fonction qui appelle `chemin` puis écrit le bit correspondant au côté gauche ou droit.

Cela correspond au programme suivant :

ERROR: src/algorithmique/../../snippets/algorithmique/huffman.py does **not** exist

Cette représentation des chemins partiels par des fonctions est très classique dans le style de programmation fonctionnelle par passage de continuations.

■

II.2.v Décompression d'un octet

Pour décompresser un octet, il suffit de parcourir l'arbre de Huffman en lisant bit à bit le fichier compressé en descendant à gauche ou à droite selon que le bit lu soit 0 ou non. Dès qu'on arrive sur une feuille, on écrit dans le nouveau fichier le caractère correspondant.

ERROR: src/algorithmique/../../snippets/algorithmique/huffman.py does **not** exist

II.2.vi Compression et décompression de fichiers

En mettant bout à bout l'ensemble des fonctions, on obtient la fonction suivante qui réalise la compression complète d'un fichier :

```
ERROR: src/algorithmique/../../snippets/algorithmique/huffman.py does not exist
```

On obtient de même la fonction de décompression suivante :

```
ERROR: src/algorithmique/../../snippets/algorithmique/huffman.py does not exist
```

■ **Exemple 4.4** En compressant ainsi l'intégrale de Proust, on passe de 7543767 octets à 4249758 octets. A titre de comparaison, l'outil unix zip permet d'obtenir un fichier de 2724213 octets. ■

■ **Remarque 4.11** Le format de fichier présenté ici est rudimentaire. Les formats usuels sont en général plus complexes pour gérer

- l'identification : c'est-à-dire pouvoir déterminer qu'un fichier est un fichier compressé par un certain programme. Les fichiers zip commencent ainsi par les deux lettres PK.
 - l'extensibilité : il est possible qu'on souhaite changer le format de sérialisation de l'arbre, ou même l'algorithme. En rajoutant un système de version sur les différentes parties, on peut permettre de faire évoluer un type de fichier en préservant la compatibilité avec les versions précédentes.
-

II.3 Algorithme de Lempel-Ziv-Welch

L'algorithme d'Huffman est efficace, mais il présente un désavantage majeur : il nécessite de lire le contenu d'un fichier dans son intégralité pour pouvoir déterminer un code préfixe optimal. Il est toutefois possible de modifier l'algorithme pour lever cette limitation. Dans ce paragraphe, nous allons plutôt étudier une autre technique de compression qui, bien que moins efficace en pratique que Huffman, se programme assez facilement et permet de compresser des flux plutôt que des fichiers. C'est-à-dire qu'on peut compresser et décompresser des données au fur et à mesure qu'elles sont transmises.

Il s'agit de l'algorithme de Lempel-Ziv-Welch, appelé communément compression LZW, et qui est une modification faite en 1984 par Welch de l'algorithme de LZ78 de Lempel et Ziv.

II.3.i Principe de la compression

L'idée de l'algorithme LZW est de faire avancer une fenêtre sur le texte en maintenant une table des motifs déjà rencontrés. Quand on rencontre un motif déjà vu, on le code avec une référence vers la table et quand on rencontre un nouveau motif, on le code tel quel en rajoutant une entrée dans la table.

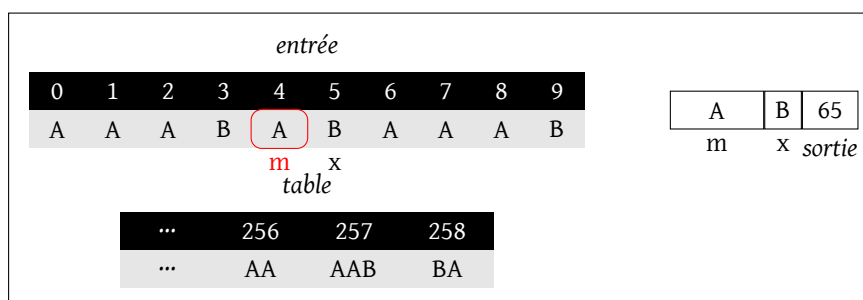
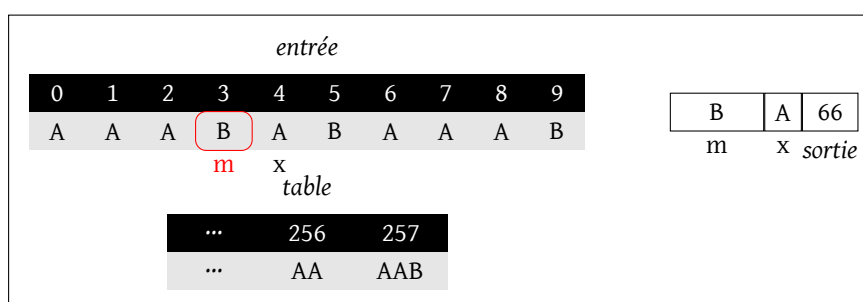
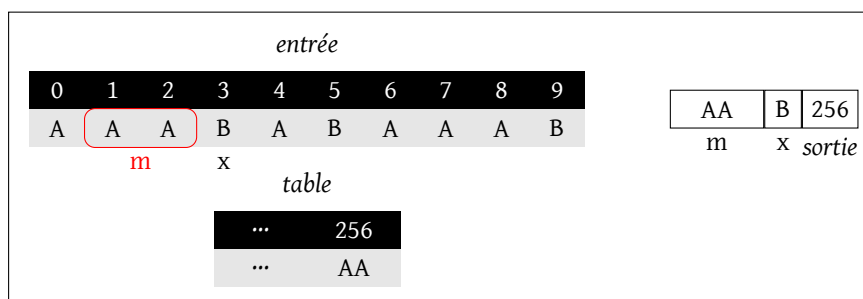
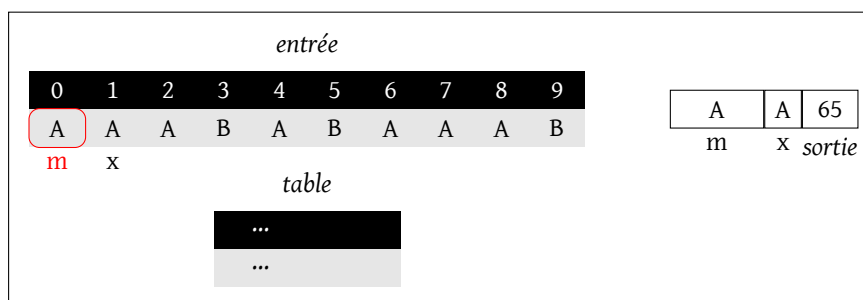
Pour la table, on peut utiliser un tableau dynamique de motifs (ref FIXME) dont la taille ne pourra pas dépasser 2^d éléments ou directement un tableau de 2^d valeurs optionnelles, dans la mesure où d est en général petit. Ainsi, on pourra référencer chaque motif avec un mot de d bits. Afin de pouvoir retrouver efficacement l'indice associé à un motif, on utilise une table de hachage (ref FIXME) réalisant l'inverse de la table.

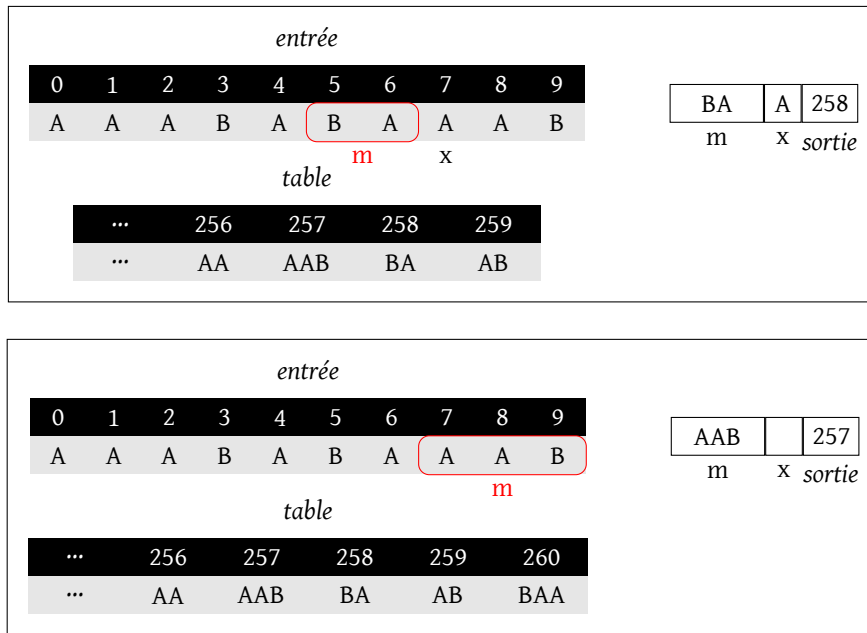
L'algorithme procède alors ainsi pour compresser :

- on initialise la table avec une entrée pour chaque caractère, donc chaque octet, en considérant des caractères 8bit.
- on maintient une variable contenant le plus long suffixe m du texte lu qui soit présent dans la table, il est initialisé avec la première lettre du texte.

- on lit alors chaque caractère x :
 - Soit mx est dans la table, et alors on remplace le motif courant par $m \leftarrow mx$
 - Soit mx n'est pas dans la table, par construction m y est nécessairement on produit alors le code correspondant à m , on rajoute une entrée dans la table pour mx si elle contient moins de 2^d éléments et on repart de $m \leftarrow x$.
- quand tous les caractères ont été lus, on produit le code correspondant à m .

Voici les différentes étapes pour la compression de la chaîne AAABABAAAB qui produit la suite d'entiers 65, 256, 66, 65, 258, 257 qui seront alors codés dans un fichier sur d bits. Les 256 premières entrées de la table ont été volontairement ignorées. On remarque juste que A correspond à l'index 65 et B à l'index 66.





II.3.ii Principe de la décompression

Pour décompresser, on effectue la procédure précédente en sens inverse. Cependant, il faut reconstruire la table en même temps qu'on lit le fichier compressé. Dans la majorité des cas, c'est assez immédiat. Pour le premier code lu, il s'agit forcément d'un référence à un des 256 caractères, donc on le reproduit. A partir du second code lu :

- on lit un code n où $n < |\text{table}|$ et $\text{table}[n] = xm'$, x est un caractère et m' un mot.
- on écrit xm' dans le fichier de sortie.
- si le code lu précédemment est c et $\text{table}[c] = m$, on rajoute dans la table mx .

En faisant ainsi, on reproduit le processus de compression mais en remplissant la table avec un temps de retard. En effet, si on reprend le principe exposé plus haut, une entrée pour mx est ajoutée dans la table quand on lit le caractère x et que le motif lu précédemment est m , on repart alors avec x pour motif lu. C'est exactement ce qu'on fait ici en tenant compte du premier caractère de $\text{table}[n]$.

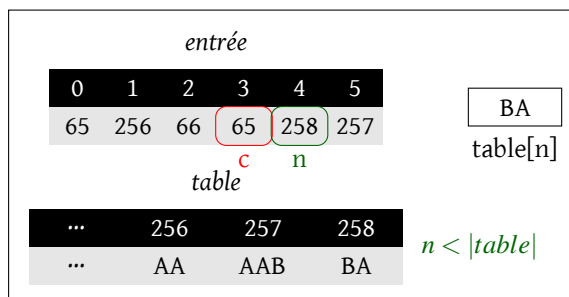
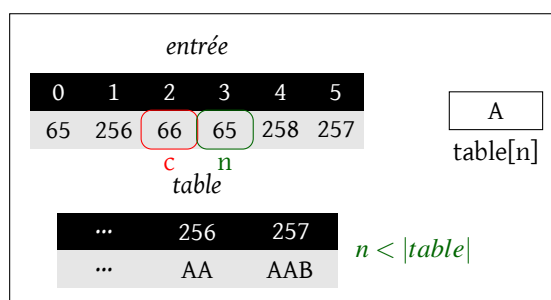
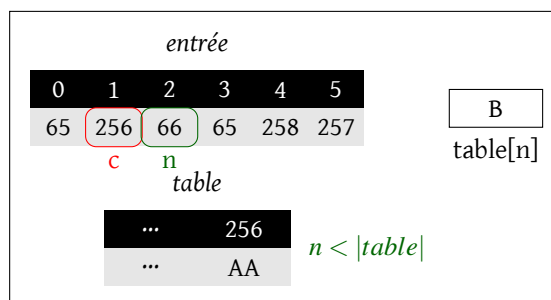
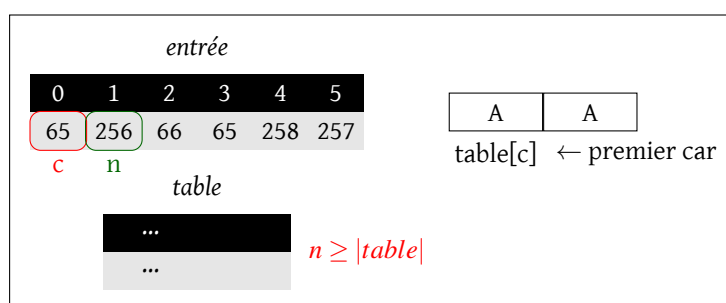
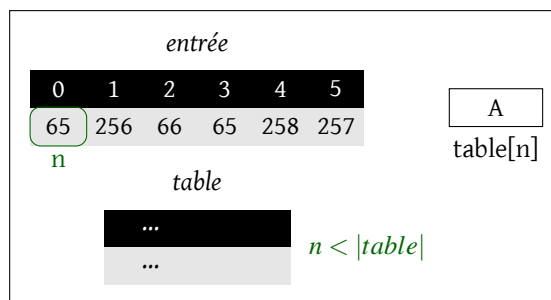
Il reste toutefois un cas à traiter, celui où $n = |\text{table}|$, c'est-à-dire quand on lit un code qui n'est pas encore présent dans la table. Pour comprendre ce cas, il est important d'identifier précisément quand il se produit dans le processus de compression. Comme on vient de le voir, on rajoute une entrée pour mx après avoir produit le code c correspondant à m . Pour que le code n ne soit pas présent dans la table, il faut donc que n corresponde à cette entrée mx . Or, quand on a compressé, on est reparti du motif x à ce moment là, donc nécessairement m commence par x . Cela signifie qu'on peut reconstruire $\text{table}[n]$ en décompressant avec mx où x est la première lettre de $\text{table}[c] = m$.

On en déduit alors la procédure complète suivante :

- on initialise la table avec une entrée pour chaque caractère, donc chaque octet, en considérant des caractères 8bit.
- on maintient une variable c contenant le dernier code lu qu'on initialise avec le premier code en produisant le caractère correspondant.
- pour chaque code n :
 - Soit $n < |\text{table}|$ et $\text{table}[n] = xm'$ où x est un caractère, alors on écrit xm' en sortie
 - Soit $n = |\text{table}|$ et alors on écrit en sortie $\text{table}[c]x$ où x est le premier caractère de $\text{table}[c]$
 - Dans tous les cas, on remplace $c \leftarrow n$ et on ajoute $\text{table}[c]x$ à la table.

Contrairement à la compression, il est inutile ici de retrouver l'indice associé à un motif. On peut donc ignorer la table de hachage utilisée par la compression.

Voici les étapes de décompression de l'exemple précédent :



entrée																	
0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
A	B	A	B	C	A	B	C	D	A	B	C	D	A	B	C	D	A

m x
table

...	256	257	258	259	260
...	AB	BA	ABC	CA	ABCD

Puis après lecture de $wA = Aw_0A$:

entrée																	
0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
A	B	A	B	C	A	B	C	D	A	B	C	D	A	B	C	D	A

m x
table

...	256	257	258	259	260	261
...	AB	BA	ABC	CA	ABCD	DA

Enfin, la lecture du reste du texte va déclencher l'ajout de ABCDA dans la table et l'écriture de son code.

entrée																	
0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
A	B	A	B	C	A	B	C	D	A	B	C	D	A	B	C	D	A

m
table

...	256	257	258	259	260	261	262
...	AB	BA	ABC	CA	ABCD	DA	ABCDA

A la décompression, on produira bien le texte correspondant avec le principe présenté plus haut :

entrée							
0	1	2	3	4	5	6	7
65	66	256	67	258	68	260	262

c n

...	256	257	258	259	260	261
...	AB	BA	ABC	CA	ABCD	DA

$n \geq |table|$

ABCD	A
------	---

$table[c] \leftarrow \text{premier car}$

II.3.iii Implémentation

Avant de commencer à implémenter l'algorithme, il est nécessaire de définir des fonctions de manipulation des entiers sur d bits et de lecture/écriture dans un fichier.

Tout d'abord, on définit des fonctions d'écriture d'entiers sous forme codée sur d bits à l'aide des fonctions vues précédemment :

```
def read_code(self, longueur_code):
    acc = 0
    for i in range(longueur_code):
        b = self.read_bit()
        if b == b'':
            assert(i == 0) # pas au milieu d'un code
            return None
        if b:
            acc += 1 << i
    return acc

def write_code(self, code, longueur_code):
    assert(code < 1 << longueur_code)

    for i in range(longueur_code):
        self.write_bit( code % 2 == 1 )
        code //= 2
```

On implèmente alors assez directement la compression :

```
def compresse(nom_in, nom_out, longueur_code=12):
    table = [ bytes([c]) for c in range(256) ]
    indices = { bytes([c]) : c for c in range(256) }

    with open(nom_in, 'rb') as fin, \
        Bitpacking(nom_out, 'wb') as fout:
        m = fin.read(1)
        while True:
            c = fin.read(1)
            if c == b'': break
            if m+c in indices:
                m = m+c
            else:
                fout.write_code(indices[m], longueur_code)
                if len(table) < 1 << longueur_code:
                    indices[m+c] = len(table)
                    table.append(m+c)
                m = c

    # code final
    fout.write_code(indices[m], longueur_code)
```

Et on procède de même pour la décompression :

```
def decompresse(nom_in, nom_out, longueur_code=12):
    table = [ bytes([c]) for c in range(256) ]

    with Bitpacking(nom_in, 'rb') as fin, \
        open(nom_out, 'wb') as fout:

        code = fin.read_code(longueur_code)
        fout.write(table[code])
```

```

while True:
    nouveau = fin.read_code(longueur_code)
    if nouveau is None:
        break

    if len(table) == nouveau:
        x = table[code][0:1] # car bytes
        s = table[code]+x
    else:
        s = table[nouveau]
        x = s[0:1] # car bytes
    fout.write(s)
    if len(table) < 1 << longueur_code:
        table.append(table[code]+x)
    code = nouveau

```

II.3.iv Impact de la longueur du code

Afin d'étudier l'impact de la longueur du code sur la taille des fichiers compressés, on considère deux fichiers :

- `proust.txt` contenant, en 7543768 octets, l'intégrale de *à la recherche du temps perdu* de Marcel Proust
- `code.py` contenant 8566 octets de code source Python

On note np la taille en nombre d'octets après compression du fichier `proust.txt` et tp le nombre d'entrées dans la table à la fin du processus. De même, on note nc et tc les valeurs respectives pour le fichier `code.py`.

On obtient alors les valeurs suivantes en fonction du nombre d de bits du code :

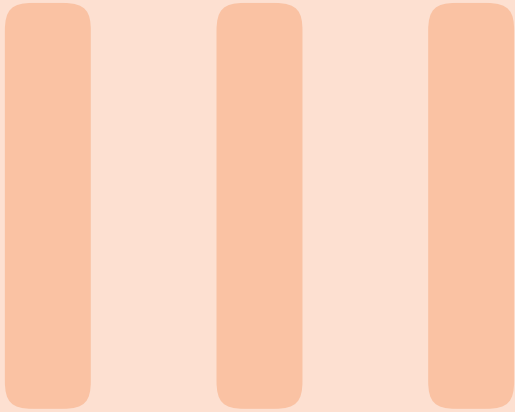
d	np	nc	tp	tc
8	7543768	8566	256	256
9	5056398	5709	512	512
10	4195124	4431	1024	1024
11	3864174	3948	2048	2048
12	3612505	4039	4096	2947
13	3434424	4376	8192	2947
14	3262145	4712	16384	2947
15	3131790	5049	32768	2947
16	2998639	5385	65536	2947
17	2682264	5722	131072	2947
18	2554323	6058	262144	2947
19	2500314	6395	524288	2947
20	2557656	6731	1023317	2947

On constate qu'il est nécessaire d'avoir un texte riche pour bénéficier d'une grande longueur de code. Le fichier `code.py` ne contenant pas plus que 2947 motifs. Même si le fichier `proust.txt` en contient plus que les tailles considérées ici, il y a un compromis qui s'établit entre la richesse de la table et la taille du code. Ainsi, il semble que le fichier `proust.txt` soit compressé de manière optimale avec un code de longueur 19.

III Problèmes supplémentaires

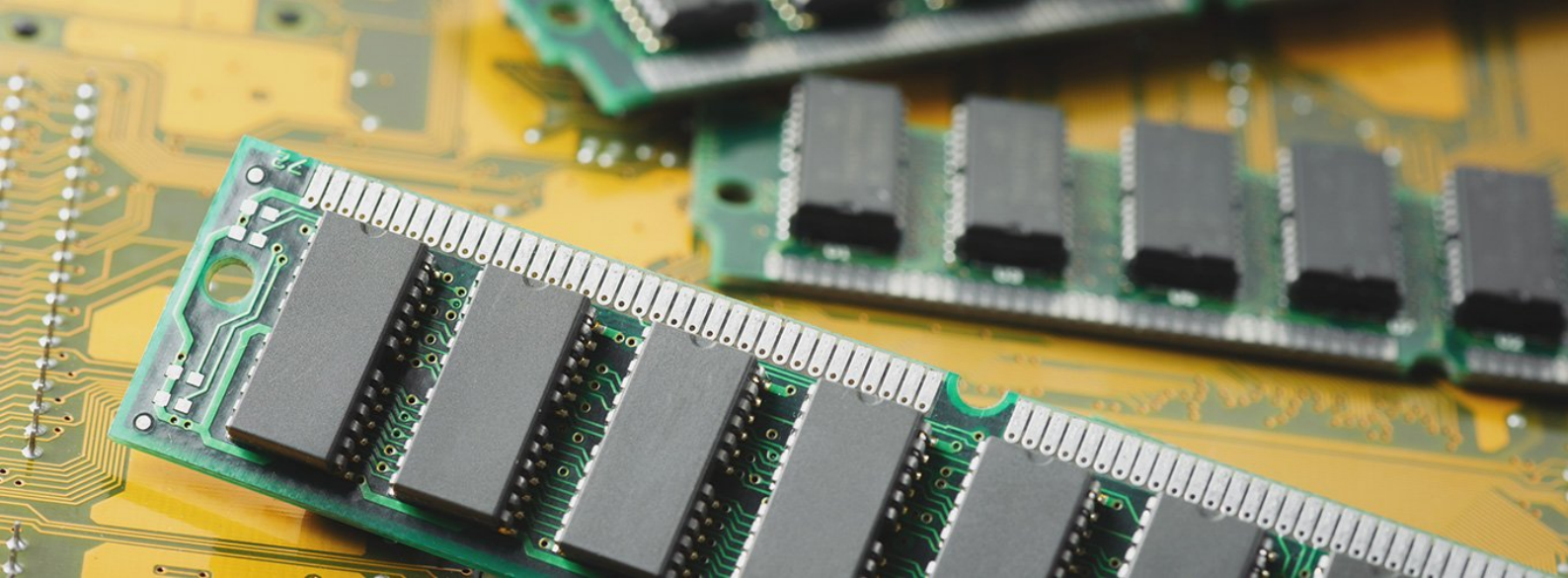
III.1 Transformation de Burrows-Wheeler

- III.2** Move to front
- III.3** La structure de données corde
- III.4** L'algorithme de Knuth-Morris-Pratt
- III.5** Extensions à l'analyse d'images



Systemes

5	Gestion de la mémoire dans un programme compilé	87
I	Organisation de la mémoire	
II	Portée d'un identificateur	
III	Durée de vie d'une variable	
IV	Piles d'exécution, variables locales et paramètres	
V	Allocation dynamique	



5. Gestion de la mémoire dans un programme compilé

■ **Remarque 5.1** Ce chapitre se concentre sur la manière dont un programme compilé gère la mémoire. Il est question, en particulier, de la notion de variable. Le modèle dans lequel on se place est celui du langage C où une variable est un emplacement mémoire.

I Organisation de la mémoire

■ **Note 5.1** Ici, je fais le choix d'une présentation assez informelle pour ne pas qu'elle soit trop liée à la réalité d'un compilateur en particulier.

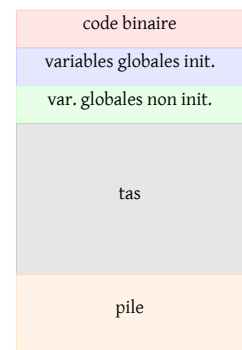
Un programme compilé gère la mémoire d'un ordinateur de deux manières très différentes

- statiquement : c'est le cas des variables locales ou globales définies dans le programme. Au moment de la compilation, le compilateur dispose de l'information suffisante pour prévoir de la place en mémoire pour stocker ces données.
- dynamiquement : c'est le cas des objets dont la taille n'est connue qu'à l'exécution et peut varier selon l'état du programme. C'est alors au moment de l'exécution que le programme va faire une demande d'allocation pour obtenir une place mémoire.

En terme d'allocation statique, on peut distinguer plusieurs types de mémoire :

- les variables globales initialisées qui seront stockées dans le binaire et placées en mémoire dans une zone spécifique chargée avec le binaire
- les variables globales non initialisées dont seule la déclaration sera dans le binaire et qui seront allouées, placées en mémoire et initialisées à 0 au moment du chargement du binaire
- les variables locales et les paramètres qui sont placés dans une pile afin de les allouer uniquement au moment de l'exécution du bloc ou de la fonction

L'allocation dynamique utilise une zone mémoire appelée tas dont une possible organisation est développée dans la partie sec. V.4.



Structure de la mémoire associée à un programme

Considérons le programme c suivant.

```
~~~~~ {.#memoirecodeex1 .c} const int a = 42; int b[] = { 1, 2, 3 }; int c;
int f(int x, int y) { int z = x; z = z * y; return z; }
int main(int argc, char **argv) { const int d = 1664;
```

```
c = f(a, d);
```

```
return 0;
```

```
}
```

Il est possible d'observer la manière dont sa mémoire sera répartie en utilisant l

```
~~~~~ {..zsh}
$ gcc -c memoire.c
$ objdump -x memoire.o
```

```
memoire.o:      file format elf64-x86-64
memoire.o
architecture: i386:x86-64, flags 0x00000011:
HAS_RELOC, HAS_SYMS
start address 0x0000000000000000
```

Sections:

Idx	Name	Size	VMA	LMA	File off	Algn
0	.text	00000053	0000000000000000	0000000000000000	00000040	2**0
	CONTENTS, ALLOC, LOAD, RELOC, READONLY, CODE					
1	.data	00000000	0000000000000000	0000000000000000	00000093	2**0
	CONTENTS, ALLOC, LOAD, DATA					
2	.bss	00000004	0000000000000000	0000000000000000	00000094	2**2
	ALLOC					
3	.rodata	00000014	0000000000000000	0000000000000000	00000098	2**3
	CONTENTS, ALLOC, LOAD, READONLY, DATA					


```

4 .comment      00000013 0000000000000000 0000000000000000 000000ac 2**0
                  CONTENTS, READONLY
5 .note.GNU-stack 00000000 0000000000000000 0000000000000000 000000bf 2**0
                  CONTENTS, READONLY
6 .eh_frame     00000058 0000000000000000 0000000000000000 000000c0 2**3
                  CONTENTS, ALLOC, LOAD, RELOC, READONLY, DATA

```

SYMBOL TABLE:

```

0000000000000000 l    df *ABS* 0000000000000000 orga.c
0000000000000000 l    d  .text 0000000000000000 .text
0000000000000000 l    d  .data 0000000000000000 .data
0000000000000000 l    d  .bss 0000000000000000 .bss
0000000000000000 l    d  .rodata 0000000000000000 .rodata
0000000000000000 l    d  .note.GNU-stack 0000000000000000 .note.GNU-stack
0000000000000000 l    d  .eh_frame 0000000000000000 .eh_frame
0000000000000000 l    d  .comment 0000000000000000 .comment
0000000000000000 g    0 .rodata 0000000000000004 a
0000000000000000 g    0 .data 000000000000000c b
0000000000000000 g    0 .bss 0000000000000004 c
0000000000000000 g    F .text 000000000000001f f
000000000000001f g    F .text 0000000000000034 main

```

RELOCATION RECORDS FOR [.text]:

OFFSET	TYPE	VALUE
0000000000000042	R_X86_64_PLT32	f-0x0000000000000004
0000000000000048	R_X86_64_PC32	c-0x0000000000000004

RELOCATION RECORDS FOR [.eh_frame]:

OFFSET	TYPE	VALUE
0000000000000020	R_X86_64_PC32	.text
0000000000000040	R_X86_64_PC32	.text+0x000000000000001f

On retrouve dans les sections mémoire :

- .text contenant le programme binaire
- .data contenant les variables globales initialisées et non constantes
- .bss contenant les variables non initialisées
- .rodata contenant les variables globales initialisées mais constantes.

Ici, le schéma mémoire est un peu plus compliqué car une zone mémoire distincte est prévue pour les variables constantes initialisées pour des raisons de sécurité.

La pile et le tas sont automatiques et n'ont pas besoin de figurer dans le binaire, c'est pour cela qu'on ne les trouve pas dans la liste.

Dans cette description mémoire, on trouve la table des symboles qui décrit où vont se trouver en mémoire certaines variables.

Nom de variable	Sorte de déclaration	Section mémoire
a	constante globale initialisée	rodata
b	globale initialisée	data
c	globale non init.	bss

La section suivante permettra de compléter le tableau en étudiant comment les paramètres et variables locales sont gérés. On remarque cependant qu'il n'y a pas de symboles pour ceux-ci. En effet, le nom des variables locales est a priori perdu après la compilation contrairement aux variables globales.

II Portée d'un identificateur

En ce qui concerne une variable dans un programme, on peut définir deux notions d'apparence assez similaire.

D'une part la portée d'un identificateur qui correspond au texte du programme :

Définition II.1 La **portée** d'un identificateur est définie par la zone du texte d'un programme dans laquelle il est possible d'y faire référence sans erreurs.

■ **Remarque 5.2** Dans le langage C, un identificateur peut être utilisé dès sa déclaration mais tant que la variable n'est pas initialisée, le comportement n'est pas spécifié et il faut considérer cela comme une erreur. Le compilateur produit ainsi un avertissement quand on utilise le paramètre `-Wall`.

Dans le cas d'une définition, il est ainsi possible de faire référence à l'identificateur dans l'expression de son initialisation : `int x = x`. Ce cas est pathologique et le fait qu'on compte la ligne de déclaration dans la portée ne devrait pas inciter à écrire ce genre de code qui produira, de toutes façons, une erreur avec les options `-Wall -Werror`. ■

Dans le programme :

```

1  int a = 1;
2
3  int f (int x)
4  {
5      int y = x + a;
6      return y;
7  }
8
9  int g()
10 {
11     int z = 3;
12     return z + f(z);
13 }
```

La portée des identificateurs est :

Identificateur	Portée
a	1-13
x	3-7
y	5-7

Identificateur	Portée
f	4-13
g	10-13
z	11-13

Pour une fonction, afin de pouvoir écrire des fonctions récursives, l'identificateur est utilisable dans le corps de la fonction.

Comme la portée est une notion associée aux identificateurs, elle est indépendante de la notion de variables. Si on considère le programme suivant :

```

1  int f()
2  {
3      int i = 3;
4
5      return i;
6  }
7
8  int g()
9  {
10     int i = 5;
11
12     return i+1;
13 }
```

L'identificateur `i` a pour portée les lignes 3-6 et 10-13.

Un autre phénomène plus complexe peut se produire quand on redéfinit un identificateur dans sa portée.

Considérons le programme suivant

```

1  int f()
2  {
3      int i = 3;
4
5      for (int j = 0; j < 3; j++)
6      {
7          int i = 4;
8
9          i += j;
10     }
11
12     return i;
13 }
```

Ici, l'identificateur `i` a pour portée les lignes 3-13 mais dans les lignes 7-10 il y a un phénomène dit de masquage où la première définition est cachée par la seconde.

L'identificateur associé à une variable globale a pour portée l'ensemble des lignes suivant sa déclaration.

■ **Remarque 5.3** En C, la portée d'un identificateur est **statique** : elle dépend uniquement du texte du programme au moment de la compilation.

En Python, la portée d'un identificateur est **dynamique** : elle peut dépendre de l'exécution d'un programme. Par exemple si on considère le programme Python

```
~~~~~ {..python .numberLines} if condition : x = 3 ~~~~~
```

La portée de l'identificateur `x` dépend ici du fait que la condition soit réalisée ou non. ■

III Durée de vie d'une variable

Définition III.1 La **durée de vie** d'une variable correspond à la période de son exécution durant laquelle la variable est présente en mémoire.

Sauf indication contraire, la durée de vie d'une variable locale en C est définie par la portée de l'identificateur qui lui est associé : la place est réservée au début de sa portée et libérée à la fin.

La durée de vie d'une variable globale est l'intégralité du programme. En effet, comme on a pu le voir dans la section sec. I, il est possible de définir en C des variables locales dont la durée de vie dépasse sa portée. On parle alors de variables *statiques*. Ce point étant assez technique, il sera ignoré ici.

IV Piles d'exécution, variables locales et paramètres

On a vu qu'en raison de leur durée de vie, les variables globales étaient allouées dès le chargement du programme. Pour les variables locales ainsi que la mécanique des appels, on utilise une **pile**.

Cette pile d'exécution est représentée en mémoire par un tableau et un indicateur de fond de pile.

Le remplissage de ce tableau s'effectue souvent des adresses hautes vers les adresses faibles : on empile en faisant diminuer les adresses.

■ **Remarque 5.4** En fait, il existe des architectures où les adresses sont croissantes. Ce qui importe est que le tas et la pile aient des comportements opposés pour qu'ils puissent grandir dans la même zone mémoire. ■

Un compilateur peut faire le choix d'utiliser directement des registres processeurs pour les variables locales ou pour passer des paramètres à une fonction. Ici, pour simplifier, on va supposer que ce n'est pas le cas et que tout passe par la pile d'exécution.

■ **Remarque 5.5** Afin de pouvoir appeler une fonction dans une bibliothèque potentiellement compilée avec un autre compilateur, il est nécessaire d'avoir une convention d'appels de fonctions. Une telle convention est appelée une *interface applicative binaire* (Application Binary Interface).

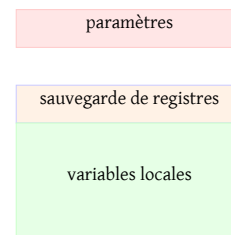
La convention `System V AMD64 ABI` qui est celle de Linux et macOS sur des architectures 64bits consiste à utiliser des registres entiers pour les six premiers arguments entiers ou pointeurs et des registres flottants pour les huit premiers arguments flottants. Les arguments suivants sont alors passés sur la pile (donc dès le septième entier/pointeur ou neuvième flottant).

La convention `cdecl` qui est assez répandue sur les architectures 32bits consiste à utiliser la pile. Par contre la valeur de retour est présente dans des registres comme pour la convention `System V AMD64 ABI`. ■

Lors d'un appel d'une fonction passant par la pile, on commence par empiler les paramètres (souvent de la droite vers la gauche) puis on empile l'adresse à laquelle doit revenir l'exécution une fois que la fonction aura terminé son exécution.

Au début de l'exécution de cette fonction, on place sur la pile l'adresse du fond de pile et on déplace celui-ci pour réserver de la place pour les variables locales.

L'empreinte sur la pile d'un appel de fonction est appelée une structure pile (**stack frame** en anglais). La pile est alors organisée, depuis l'appel au point d'entrée du programme, par empilement et dépilement de structures piles.

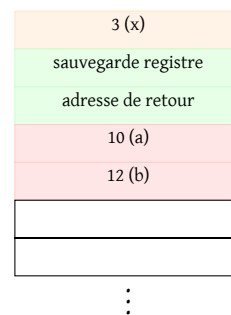


Structure pile associée à un appel de fonction

Voici un exemple possible de l'état de la pile d'exécution lors de l'exécution d'un programme compilé avec la norme `cdec1` (Il suffit d'ajouter l'argument `-m32` pour compiler en 32bits).

```

1  int f(int a, int b)
2  {
3      int c = 3;
4      /* pile ici après l'appel en l13 */
5      c = c + b;
6      c = c * a;
7      return c;
8  }
9
10
11 int main()
12 {
13     int x = f(10,12);
14 }
```



A chaque appel de fonction, on va donc empiler une structure de pile complète, puis la dépiler à la sortie. Ce mécanisme est essentiel pour permettre la récurrence car il permet d'effectuer plusieurs appels d'une même fonction sans risquer que la mémoire utilisée lors d'un des appels interfère avec un autre. On comprend également les limites de la récursivité ici car cet empilement successif de structures de piles peut dépasser la taille maximale de la pile d'exécution : on parle alors de *dépassement de pile* ou **stack overflow** en anglais.

■ **Remarque 5.6** Il est possible de définir des variables locales qui soient situées au même emplacement mémoire pour tous les appels d'une fonction, c'est ce qu'on appelle des variables *statiques* dans le paragraphe précédent.

Ce mécanisme est essentiellement géré comme les variables globales et il ne sera pas développé dans la suite.

■ **Note 5.2** Je me demande s'il faudrait parler plus précisément de la manière dont la pile est gérée avec les registres `ebp/esp`. Mais ça ne me semble pas apporter grand chose ici.

V Allocation dynamique

Comme cela a été vu dans la section sec. I, il est possible d'allouer dynamiquement de la mémoire. Pour gérer cette allocation dynamique, on passe par une zone mémoire appelé le *tas*

ainsi que par un mécanisme d'allocation et de libération de mémoire au niveau du système.

Pour l'utilisateur, cette gestion interne est transparente et on peut se contenter de considérer qu'il y a deux mécanismes :

- l'**allocation** mémoire où on demande à ce qu'une zone mémoire d'une certaine taille soit allouée
- la **libération** mémoire où on signale que la zone mémoire peut être récupérée par le système.

Naturellement, la mémoire d'un ordinateur étant finie, il est très important de libérer au plus tôt la mémoire non utilisée pour éviter d'épuiser la mémoire. Quand un programme ne libère pas toute la mémoire qu'il alloue, on parle de **fuite mémoire**. L'empreinte mémoire d'un tel programme peut alors croître jusqu'à rendre le programme ou le système inutilisable.

V.1 Allocation

Pour allouer une zone mémoire, on utilise la fonction `malloc` dans `stdlib.h` de signature :

```
void *malloc(size_t size)
```

Ici `size` indique le nombre d'**octets** à allouer et la fonction renvoie un pointeur vers le premier octet alloué. Comme la fonction ne connaît pas le type d'objets alloués, on utilise ainsi le type `void *`.

Ce type joue un rôle spécial et on peut changer directement le type de la valeur de retour sans rien avoir à écrire d'autre l'appel à `malloc` :

```
char *t = malloc(n);
```

■ **Remarque 5.7** Dans le langage C++ qui peut être vu comme un successeur de C, il est obligatoire de préciser ici le nouveau type à l'aide d'un **transtypage**. Pour convertir la valeur `x` vers le type `char *` on écrit alors `(char *)x`. Ainsi, pour allouer un tableau de `n` caractères, on utilisera :

```
char *t = (char *) malloc(n);
```

Bien que ce ne soit pas nécessaire en C, il est fréquent de rencontrer des programmes présentant de tels transtypes qui sont superflus mais corrects syntaxiquement en C. ■

Pour obtenir la taille à allouer, il peut être utile d'utiliser l'opérateur `sizeof` qui prend en entrée un type ou une valeur et renvoie sa taille. Ainsi si on peut allouer un tableau de `n` entiers non signés ainsi :

```
unsigned int *t = malloc( sizeof(unsigned int) * n );
```

et cet appel ne dépend de la taille prise par un `unsigned int` sur l'architecture.

Une autre raison de l'utilisation de `sizeof` est l'extensibilité. Par exemple, si on a un `struct point` représentant des points en 2D :

```
struct point {
    float x;
    float y;
};
```

on peut allouer un tableau de `n` points ainsi :

```
struct point *t = malloc( sizeof(struct point) * n );
```

Si jamais on change la structure pour représenter des points en 3D ainsi :

```
struct point {  
    float x;  
    float y;  
    float z;  
};
```

il sera inutile de changer le code d'allocation du tableau car `sizeof(point)` tiendra compte automatiquement du changement.

Si jamais une erreur empêche d'allouer la mémoire - ce qui peut être le cas s'il n'y a plus de mémoire disponible - le pointeur renvoyé par `malloc` a la valeur spéciale `NULL`.

■ **Remarque 5.8** La zone mémoire renvoyée par `malloc` n'est pas initialisée. On ne peut pas supposer qu'elle soit remplie de la valeur 0. Il faut donc manuellement initialiser la mémoire après le retour de `malloc`. ■

V.2 Libération

Pour libérer la mémoire, on utilise la fonction `free` également présente dans `stdlib.h` et dont la signature est :

```
void free(void *ptr);
```

■ **Remarque 5.9** Il est très important d'utiliser uniquement un pointeur obtenu précédemment par un appel à `malloc` et de ne pas l'utiliser plus d'une fois.

Le programme suivant provoque une erreur `free()` : `invalid pointer` à l'exécution mais est détecté par un avertissement du compilateur : `warning: attempt to free a non-heap object 'a'`.

```
#include <stdlib.h>
```

```
int main()  
{  
    int a;  
    free(&a);  
    return 0;  
}
```

Le programme suivant alloue un tableau de deux `char` et appelle `free` sur l'adresse de la seconde case. En faisant cela, il n'y a pas d'avertissement car on appelle `free` sur un objet qui est effectivement sur le tas. On obtient alors à nouveau une erreur à l'exécution `free()` : `invalid pointer`.

```
#include <stdlib.h>
```

```
int main()  
{  
    char *a = malloc(2);  
    free(&(a[1]));  
}
```

```

    return 0;
}

```

Le programme suivant libère deux fois la mémoire et provoque l'erreur `free()` : `double free detected in tcache 2` à l'exécution.

```

#include <stdlib.h>

int main()
{
    char *a = malloc(2);
    free(a);
    free(a);
    return 0;
}

```

V.3 Protection mémoire

Comme on l'a vu dans la première partie, quand un programme s'exécute il a un environnement mémoire constitué de plusieurs zones, parfois appelées **segments**, avec le droit d'écriture dans certaines d'entre elles.

Le système d'exploitation protège ainsi la mémoire et, au niveau matériel, l'unité de gestion de la mémoire connaît les adresses accessibles à un programme. En cas d'accès anormal, le matériel provoque une erreur qui remonte au système d'exploitation qui termine l'exécution du programme avec une erreur souvent intitulée `Segmentation fault`.

Voici quelques exemples commentés produisant des erreurs de type `segmentation fault` à l'exécution.

Lecture à l'adresse 0, ce qui provoque toujours une erreur.
Même problème avec une adresse inaccessible ou invalide.

```

int main()
{
    int *a = 0;

    return a[0];
}

```

Écriture dans une zone en lecture seule comme le segment du code.

```

int main()
{
    int *a = (int*) (&main);
    // a pointe sur le corps de la fonction main

    *a = 0;

    return 0;
}

```

V.4 Réalisation d'un système d'allocation de mémoire

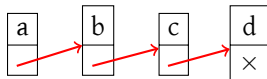
■ **Note 5.3** Prérequis : listes chaînées

Afin de comprendre comment fonctionne le tas, et en particulier `malloc` et `free`, on va simuler ici ce comportement en allouant une grande plage de mémoire avec `malloc` et en gérant le

découpage et l'allocation de celle-ci.

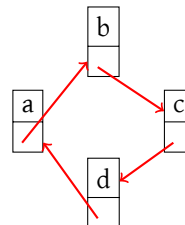
Pour gérer les blocs mémoires libres, on utilise une liste circulaire. Une liste circulaire est une liste chaînée avec un lien supplémentaire entre le premier et le dernier maillon, ce qui fait qu'on peut considérer n'importe quel maillon comme étant la *tête* de la liste.

Une liste chaînée :



Ici le dernier maillon comprend un pointeur qui ne pointe sur rien indiqué par \times , en pratique il a la valeur NULL

Une liste circulaire :



Le seul changement est donc de faire pointer le dernier maillon sur le premier. Le fait d'avoir préserver les valeurs dans les maillons permet ici de voir ce qu'est devenu le premier maillon, mais on peut accéder à cette liste par n'importe lequel de ces maillons.

Les noeuds de la liste circulaire de blocs libres auront pour valeur un triplet (adresse, taille, libre) qui indique qu'à l'adresse *adresse* il y a un bloc de *taille* octets et le booléen *libre* indique si ce bloc a été alloué ou non.

Pour cela on commence par définir une structure *bloc* et une fonction de création d'un bloc :

```

struct bloc {
    void *adresse;
    uint32_t taille;
    bool libre;
    struct bloc *suivant;
};

struct bloc *cree_bloc(void *adresse, uint32_t taille, bool libre)
{
    struct bloc *b = malloc(sizeof(struct bloc));
    b->adresse = adresse;
    b->taille = taille;
    b->libre = libre;
    return b;
}
  
```

On définit ensuite deux variables globales :

- *bloc_libres* qui va pointer sur un maillon de la liste circulaire des blocs
- *plage_memoire* qui pointe sur l'adresse de la plage mémoire que l'on va gérer et servira à la libérer en sortie de programme.

```

struct bloc *blocs_libres;
void *plage_memoire;
  
```

La fonction *creation_blocs_libres* permet de créer la liste circulaire avec un premier bloc qui pointe sur lui-même et qui correspond à l'adresse que l'on va placer dans *plage_memoire*.

```
void creation_blocs_libres(uint32_t taille_bloc_initial)
{
    plage_memoire = malloc(taille_bloc_initial);
    blocs_libres = cree_bloc(plage_memoire, taille_bloc_initial, true);
    blocs_libres->suivant = blocs_libres; // boucle initiale
}
```

Pour libérer la liste à la sortie du programme, on définit la fonction `destruction_blocs_libres` qui présente ainsi le parcours usuel d'une liste circulaire : on procède comme pour une liste chaînée classique mais, au lieu d'utiliser un test `bloc_courant->suivant == NULL` pour l'arrêt, il faut se souvenir du premier bloc et tester pour voir si on est revenu au point de départ. On n'oublie pas de libérer l'espace `plage_memoire` à la fin.

```
void destruction_blocs_libres()
{
    struct bloc *premier_bloc = blocs_libres;
    struct bloc *bloc_courant = premier_bloc;

    // on boucle pour libérer chaque maillon
    while (true) {
        struct bloc *bloc_suivant = bloc_courant->suivant;
        free(bloc_courant);
        if (bloc_suivant == premier_bloc) return;
        bloc_courant = bloc_suivant;
    }

    // on libère la plage mémoire initiale
    free(plage_memoire);
}
```

Pour allouer t octets, on parcourt la liste des blocs jusqu'à trouver un bloc b libre de taille $b.t$ telle que $b.t \geq t$. Si un tel bloc n'existe pas, on renvoie le pointeur NULL signe d'un échec d'allocation. Sinon, on indique que le bloc est occupé, on va renvoyer l'adresse du bloc obtenu mais, si $b.t > t$ on insère après b un nouveau bloc libre de taille $b.t - t$. Dans tous les cas, on fait pointer la liste des blocs libres vers le bloc qui suit b , qui est peut-être le bloc nouvellement créé et a de grandes chances d'être libre.

Ce mécanisme est implementé dans la fonction `allocation` :

```
void *allocation(uint32_t taille)
{
    struct bloc *premier_bloc = blocs_libres;
    struct bloc *bloc_courant = premier_bloc;

    while (!bloc_courant->libre || bloc_courant->taille < taille)
    {
        bloc_courant = bloc_courant->suivant;
        if (bloc_courant == premier_bloc)
        {
            // Retour au point de départ : échec d'allocation
            return NULL;
        }
    }

    // bloc_courant pointe sur un bloc libre de bonne taille
}
```

```

void *adresse = bloc_courant->adresse;
bloc_courant->libre = false;
if (bloc_courant->taille > taille) {
    // on le sépare en deux pour récupérer la place
    struct bloc *bloc_libre = cree_bloc(adresse+taille,
        bloc_courant->taille-taille, true);
    bloc_courant->taille = taille;
    bloc_libre->suivant = bloc_courant->suivant;
    bloc_courant->suivant = bloc_libre;
}

// On pointe sur le bloc suivant qui est sûrement libre
blocs_libres = bloc_courant->suivant;

return adresse;
}

```

Pour libérer un bloc, on parcourt la liste jusqu'à trouver le bloc correspondant à l'adresse à libérer et on indique que le bloc est libre. Ici, il y a deux `assert` permettant de s'assurer que l'adresse est bien celle d'un bloc et que le bloc n'a pas déjà été libéré.

```

void liberation(void *adresse)
{
    struct bloc *premier_bloc = blocs_libres;
    struct bloc *bloc_courant = premier_bloc;

    while (bloc_courant->adresse != adresse)
    {
        bloc_courant = bloc_courant->suivant;
        // adresse invalide
        assert(bloc_courant != premier_bloc);
    }

    // pas de double libération
    assert(!bloc_courant->libre);

    // on libère l'adresse
    bloc_courant->libre = true;
}

```

Voici un premier programme de test de ces fonctions qui alloue 10 octets puis effectue plusieurs allocations. L'allocation de c échoue car il n'y a plus de place libre.

```

1  int main()
2  {
3      creation_blocs_libres(10);
4
5      uint8_t *a = allocation(5);
6      uint8_t *b = allocation(3);
7      uint8_t *c = allocation(3);
8      liberation(b);
9      uint8_t *d = allocation(2);
10
11     printf("Allocation a:%p b:%p c:%p d:%p\n",
12           (void *)a, (void *)b, (void *)c, (void *)d);
13

```

```

14     destruction_blocs_libres();
15
16     return 0;
17 }

```

Ce programme affiche alors

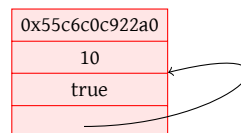
Allocation a:0x55c6c0c922a0 b:0x55c6c0c922a5 c:(nil) d:0x55c6c0c922a5

Voici l'évolution de la liste circulaire en présentant les maillons sous la forme :

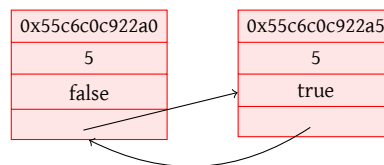
adresse
taille
libre
suivant

L'évolution de la liste des blocs entre les lignes 3 et 9 est alors :

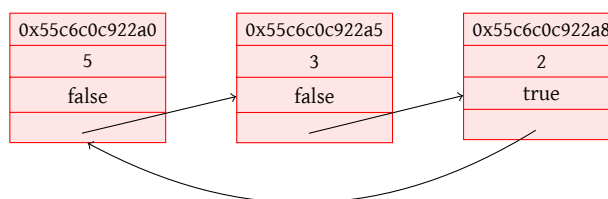
— Ligne 3



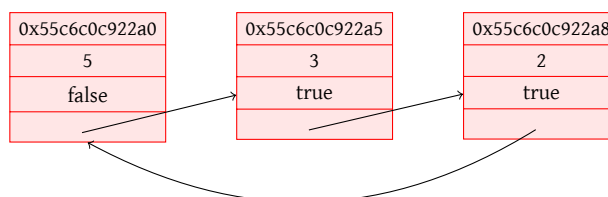
— Ligne 5



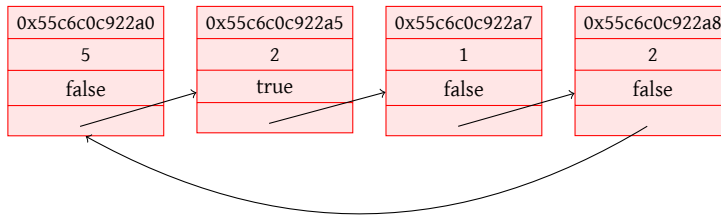
— Ligne 6



— Ligne 8



— Ligne 9



Cette méthode d'allocation a un défaut majeur : elle fragmente l'espace libre. Dans le programme suivant, il sera impossible d'allouer `b` car la liste circulaire contient deux blocs libres de 5 octets et non un bloc libre de 10 octets.

```
creation_blocs_libres(10);

uint8_t *a = allocation(5)
liberation(a);
uint8_t *b = allocation(10);
```

■ **Remarque 5.10** On peut observer ce phénomène sur le diagramme précédent à la ligne 8 où deux blocs contigus sont libres et pourraient être fusionnés en un unique bloc de 10 octets.

On peut éviter cela en effectuant une phase de coalescence des blocs libres à la libération. En vertu de la nature de la liste circulaire, il est nécessaire de fusionner un bloc libre avec les blocs suivants. En utilisant une liste circulaire doublement chaînée, on pourrait également fusionner avec les blocs précédents.

Pour cela on change la fonction `liberation` ainsi :

```
void liberation(void *adresse)
{
    struct bloc *premier_bloc = blocs_libres;
    struct bloc *bloc_courant = premier_bloc;

    while (bloc_courant->adresse != adresse)
    {
        bloc_courant = bloc_courant->suivant;
        // adresse invalide
        assert(bloc_courant != premier_bloc);
    }

    // pas de double libération
    assert(!bloc_courant->libre);

    // on libère l'adresse
    bloc_courant->libre = true;

    premier_bloc = bloc_courant;
    bloc_courant = bloc_courant->suivant;

    while (bloc_courant != premier_bloc && bloc_courant->libre)
    {
        struct bloc* actuel = bloc_courant;
        premier_bloc->taille += bloc_courant->taille;
        bloc_courant = bloc_courant->suivant;
```

```
        free(actuel); // on libere le bloc inutile
    }

    premier_bloc->suivant = bloc_courant;
}
```