

# Grundlagen: Algorithmen und Datenstrukturen

Helmut Seidl

Lehrstuhl für Sprachen und Beschreibungsstrukturen  
Institut für Informatik  
Technische Universität München

Sommersemester 2016



# Vorlesungsdaten

**Titel:** "Grundlagen: Algorithmen und Datenstrukturen" / GAD

**Modul:** IN0007, SWS (3+2), ECTS: 6 Credit Points

**Zeiten:** Dienstag 14:00 – 16:00 Uhr (Hörsaal MW 0001)  
Mittwoch 13:15 – 14:15 Uhr (Hörsaal MW 0001)

**Webseite:** <http://www2.in.tum.de/hp/Main?nid=304>

**Voraussetzung:** IN0001 – Einführung in die Informatik 1  
IN0015 – Diskrete Strukturen

**Klausur:**

Gesamtklausur: 06.08.2016

Wiederholungsklausur: 26.09.2016

# Zielgruppe

- Bachelor Informatik
- Bachelor Wirtschaftsinformatik
- Bachelor Bioinformatik
- Bachelor Informatik: Games Engineering
- Andere Studiengänge mit Neben-/Zweitfach Informatik
- Masterstudiengang Angewandte Informatik
- Aufbaustudium Informatik
- Schülerstudium

# Dozent / Kontaktdaten

- Helmut Seidl

Lehrstuhl für Sprachen und Beschreibungsstrukturen

- eMail: seidl@in.tum.de
- Web: <http://www2.in.tum.de/>
- Telefon: 089 / 289-18155
- Raum: 02.07.054 (2. Stock, Finger 7)
- Sprechstunde: Donnerstag 14-15 Uhr  
(oder nach Vereinbarung)

# Übung

- 2 SWS Tutorübungen
- 46 Gruppen (geplant)
- jeweils maximal 16-30 Teilnehmer
- Anmeldung zur Vorlesung über TUMonline:  
<https://campus.tum.de/>
- Anmeldung zu den Übungsgruppen bis **Donnerstag, 14.4.2016 um 23:00 Uhr** über Matchingsystem:  
<https://matching2.in.tum.de/m/wwo2sgp-gad-students>
- Übungsleitung:  
Julian Kranz, Andreas Reuss, Ralf Vogler
- Webseite:  
<https://www.moodle.tum.de/course/view.php?id=26768>

# Übung (Forts.)

- Die Bearbeitung der Übungen ist freiwillig, aber empfehlenswert.
- Es ist ein Programmierwettbewerb geplant, auf den es u.U. Bonuspunkte gibt.
- Es gibt sowohl theoretische Aufgaben, wie Programmieraufgaben.
- Für jedes Übungsblatt gibt es Punkte.
- Für 2/3 der Gesamtpunktzahl gibt es einen Notenbonus auf die erfolgreich bestandene Klausur (oder Wiederholungsklausur).
- Die Hausaufgaben sind **selbstständig** anzufertigen! Nach Plagiaten wird automatisiert und manuell gesucht.

# Inhalt

- Grundlagen der Analyse von Effizienz / Komplexität
- Sequenzrepräsentation (dynamische Felder, Listen)
- Hashing
- Sortierverfahren
- Prioritätswarteschlangen (Binary Heaps, Binomial Heaps)
- Suchbäume (AVL-Bäume,  $(a, b)$ -Bäume)
- Graph-Repräsentation und Graphalgorithmen
- Pattern Matching
- Datenkompression

# Grundlage

- Inhalt der Vorlesung basiert auf dem Buch

K. MEHLHORN, P. SANDERS:

**Algorithms and Data Structures – The Basic Toolbox**  
(Springer, 2008)

<http://www.mpi-inf.mpg.de/~mehlhorn/Toolbox.html>

- Vorlage für die Slides:

GAD SS'08: Prof. Dr. Christian Scheideler

GAD SS'09: Prof. Dr. Helmut Seidl

GAD SS'14: Dr. Hanjo Täubig

Skript Alg. Bioinf.: Prof. Dr. Volker Heun

# Weitere Literatur

- CORMEN, LEISERSON, RIVEST, STEIN:  
Introduction to Algorithms
- GOODRICH, TAMASSIA:  
Algorithm Design: Foundations, Analysis, and Internet Examples
- HEUN:  
Grundlegende Algorithmen  
Einführung in den Entwurf und die Analyse effizienter Algorithmen
- KLEINBERG, TARDOS:  
Algorithm Design
- SCHÖNING:  
Algorithmik
- SEDGEWICK:  
Algorithmen in Java. Teil 1-4

# Algorithmus - Definition

## Definition

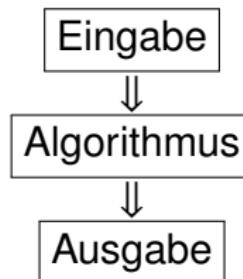
Ein **Algorithmus** ist eine formale Handlungsvorschrift zur Lösung von Instanzen einer bestimmten Problemklasse.

Die Bezeichnung ist abgeleitet aus dem Namen des persischen Gelehrten Muhammad ibn Musa al-Chwarizmi.

### Informelle Beispiele

- Kochrezept
- Bauanleitung
- Schriftliches Rechnen
- Weg aus dem Labyrinth
- Zeichnen eines Kreises

### Formalisierung (Informatik)



# Abstrakter Datentyp und Datenstruktur

## Abstrakter Datentyp

- legt fest, welche Operationen was tun (Semantik),
- aber nicht *wie* (konkrete Implementierung)

⇒ Kapselung durch Definition einer **Schnittstelle**

Beispiel: PriorityQueue mit Operationen insert und deleteMin

## Datenstruktur:

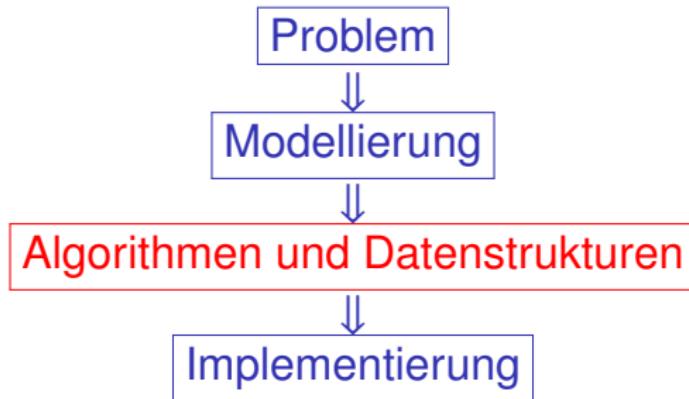
formalisiertes Objekt zur

- Speicherung,
- Verwaltung von bzw.
- Zugriff auf

Daten, die dabei geeignet angeordnet, kodiert und verknüpft werden.

Beispiel: BinaryHeap als konkrete Implementierung von PriorityQueue

# Softwareentwicklung



- Abstraktion vom genauen Problem (Vereinfachung)
- geeignete Auswahl von Algorithmen / Datenstrukturen
- Grundsätzliche Probleme: Korrektheit, Komplexität, Robustheit / Sicherheit, aber vor allem **Effizienz**

# Effizienz

im Sinn von

- Laufzeit
- Speicheraufwand
- Festplattenzugriffe
- Energieverbrauch

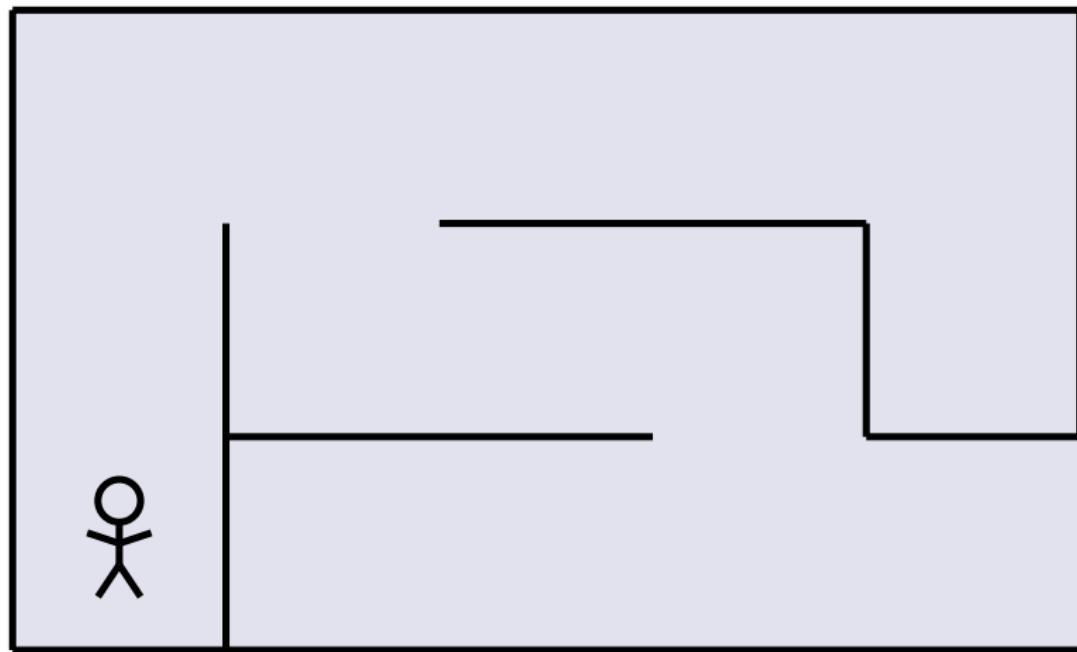
Kritische Beispiele:

- Riesige Datenmengen (Bioinformatik)
- Echtzeitanwendungen (Spiele, Flugzeugsteuerung)

Ziel der Vorlesung:

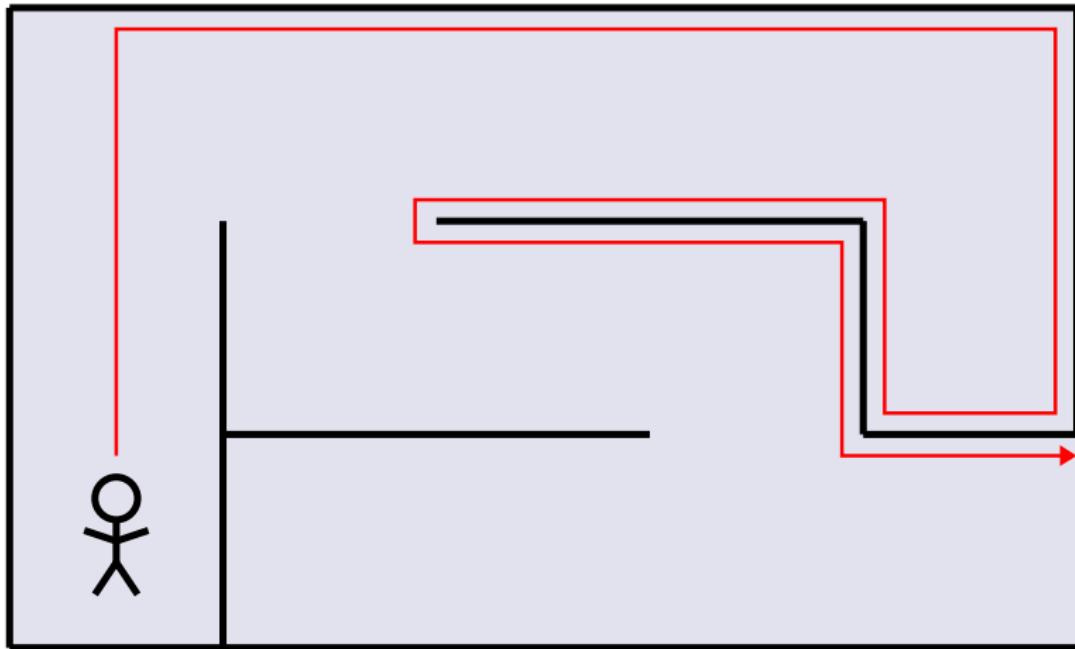
Grundstock an effizienten Algorithmen und Datenstrukturen für  
**Standardprobleme**

# Weg aus dem Labyrinth



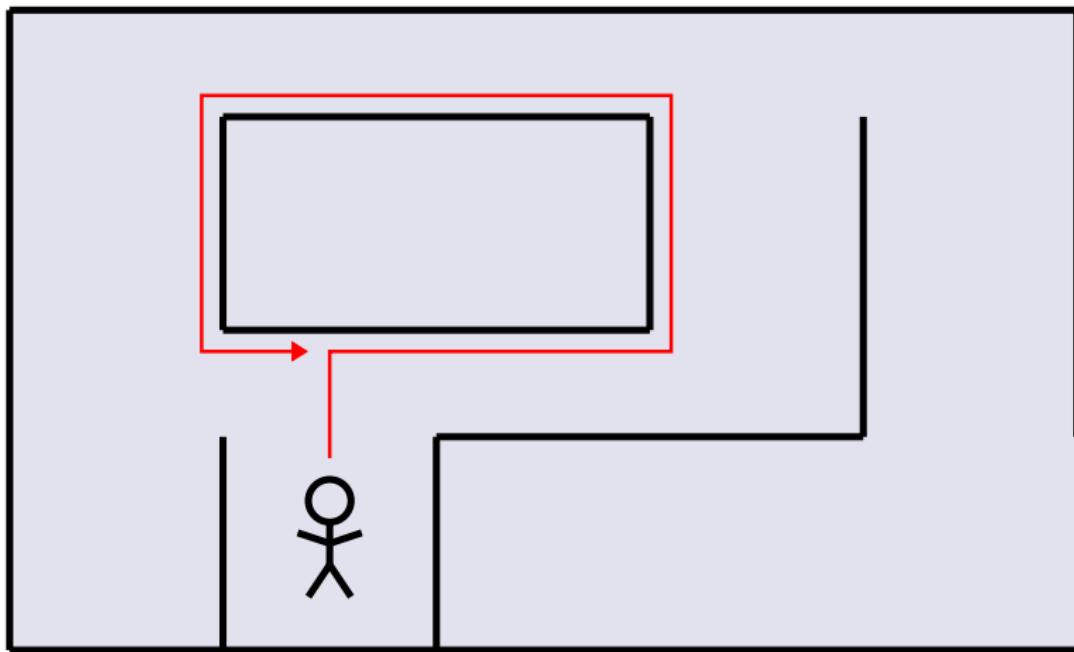
Problem: Es ist dunkel!

# Weg aus dem Labyrinth



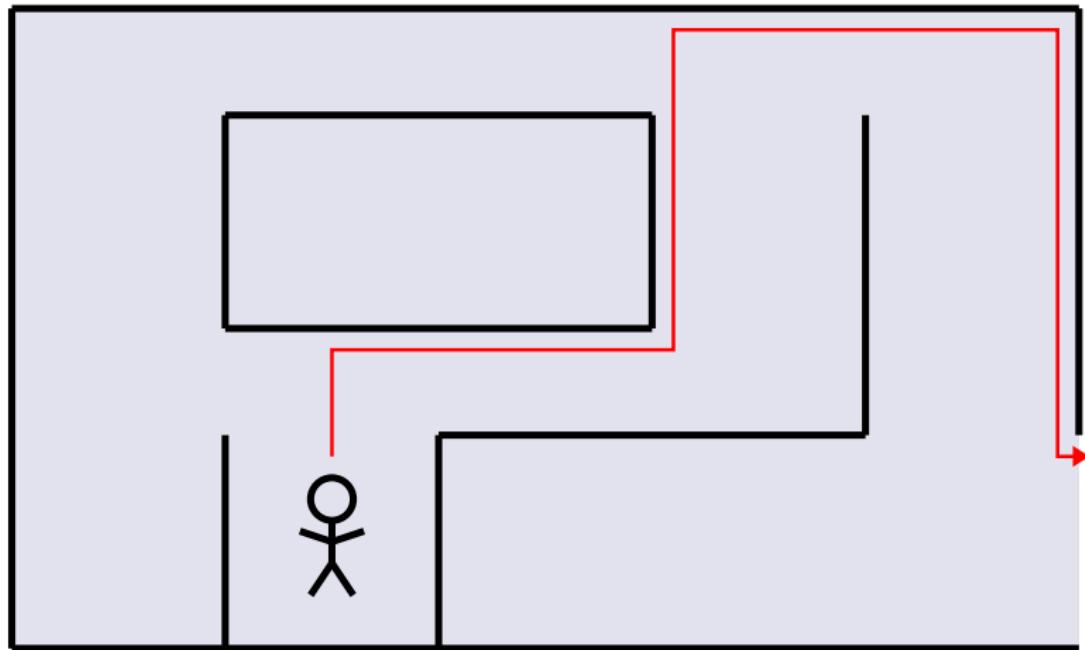
1. Versuch: mit einer Hand immer an der Wand lang

# Weg aus dem Labyrinth



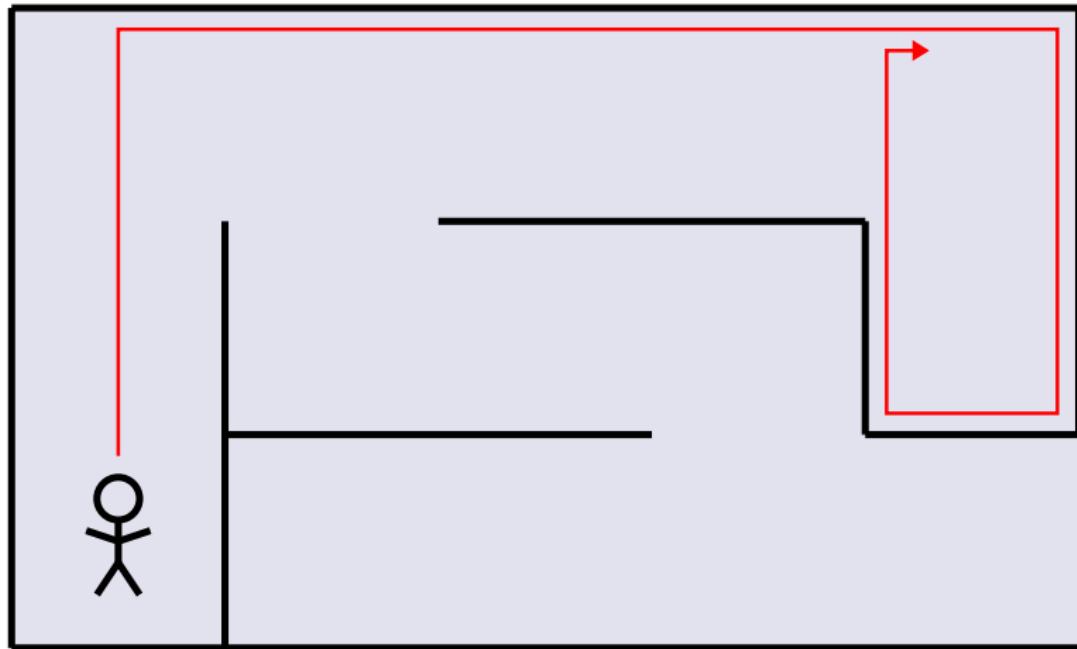
Problem: Inseln werden endlos umkreist

# Weg aus dem Labyrinth



2. Versuch: gerade bis zur Wand, der Wand folgen bis man wieder in dieselbe Richtung läuft, dann wieder gerade bis zur Wand usw.

# Weg aus dem Labyrinth



Problem: Jetzt laufen wir im ersten Beispiel im Kreis

# Pledge-Algorithmus

---

**Algorithmus Labyrinth:** findet einen Ausgang

---

Setze Umdrehungszähler auf 0;

**repeat**

**repeat**

    | Gehe geradeaus;

**until** Wand erreicht;

  Drehe nach rechts;

  Inkrementiere Umdrehungszähler;

**repeat**

    | Folge dem Hindernis mit einer Hand;

    | dabei: je nach Drehrichtung Umdrehungszähler

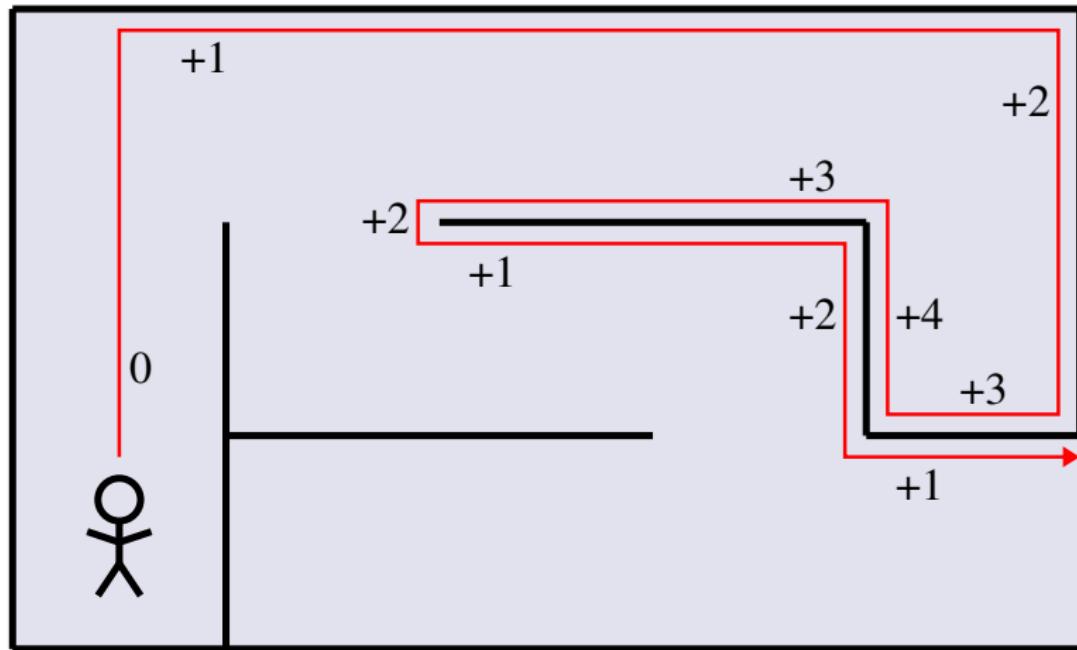
      inkrementieren / dekrementieren;

**until** Umdrehungszähler=0;

**until** Ausgang erreicht;

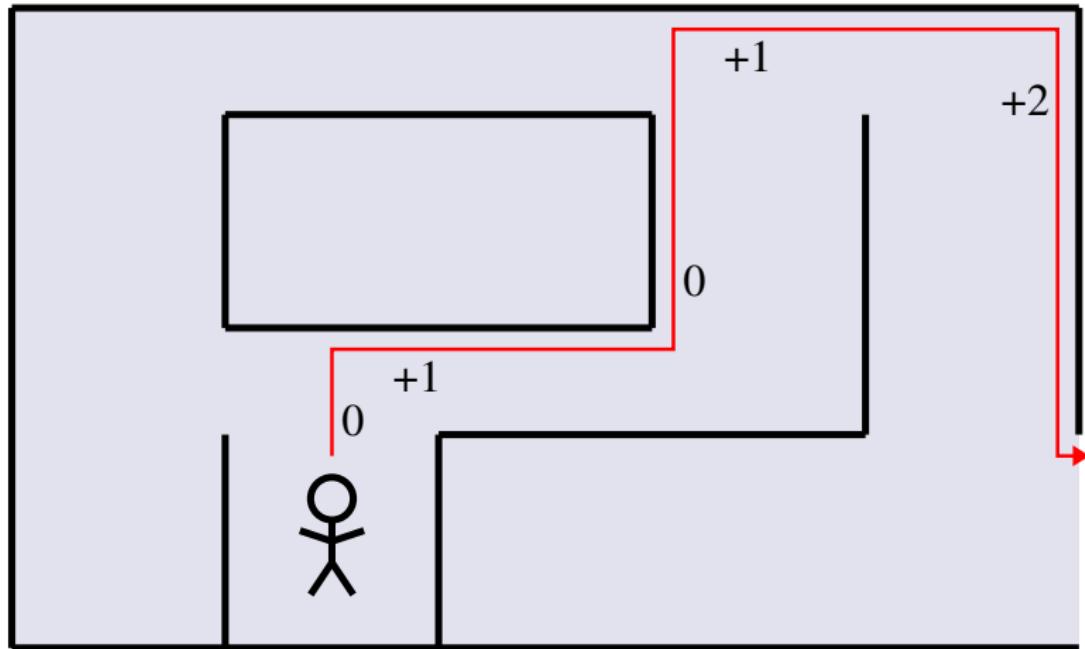
---

# Weg aus dem Labyrinth



1. Beispiel funktioniert

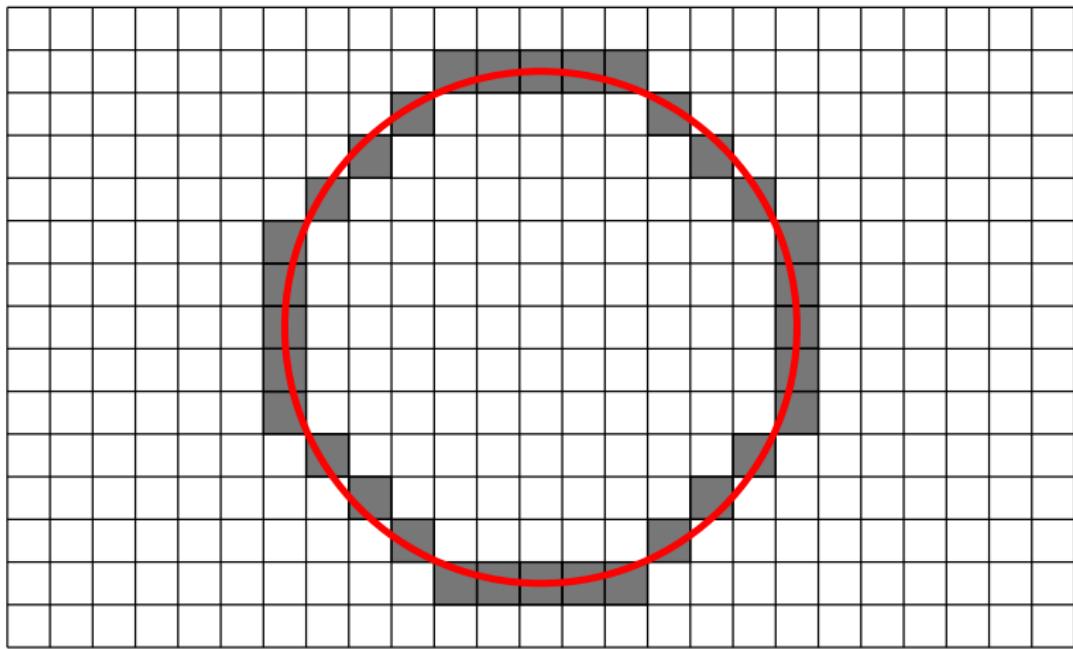
# Weg aus dem Labyrinth



2. Beispiel funktioniert auch

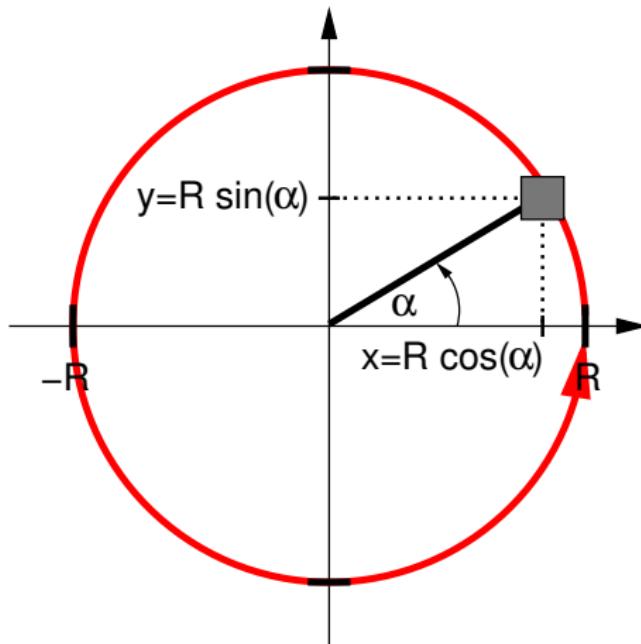
# Kreis zeichnen

Wie kann ein Computer einen Kreis zeichnen?



# Kreis zeichnen: mit Winkelfunktionen

Naiver Ansatz: eine Runde wie mit dem Zirkel



Verwendung von  $\sin()$  und  $\cos()$  für  $\alpha = 0 \dots 2\pi$

# Kreis zeichnen: mit Winkelfunktionen

---

**Algorithmus Kreis1:** zeichnet Kreis mit Radius  $R$  aus  $n$  Pixeln

---

**Eingabe :** Radius  $R$   
Pixelanzahl  $n$

**for**  $i = 0; i < n; i++$  **do**  
  └ plot( $R * \cos(2\pi * i/n)$ ,  $R * \sin(2\pi * i/n)$ );

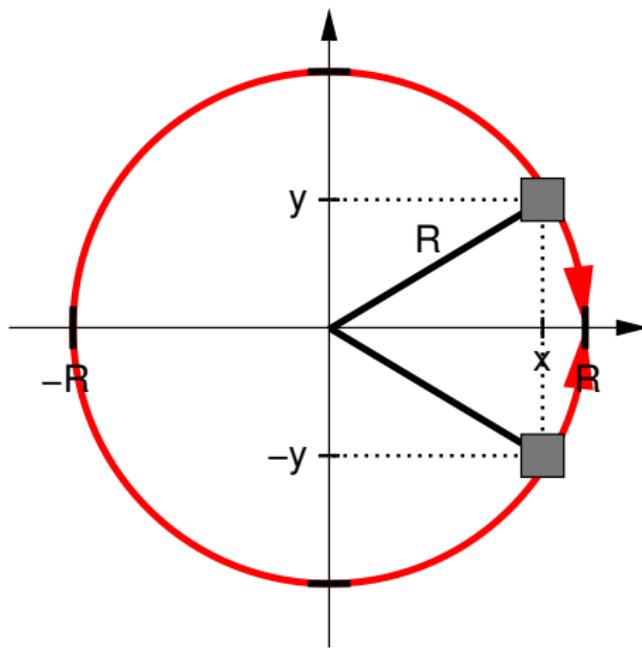
---

Kreisumfang:  $u = 2\pi \cdot R$   
⇒ Bei Pixelbreite von 1 Einheit reicht  $n = \lceil 2\pi R \rceil$ .

Problem:  $\sin()$  und  $\cos()$  sind teuer!

# Kreis zeichnen: mit Wurzelfunktion

Schnellerer Ansatz:  $x^2 + y^2 = R^2$  bzw.  $y = \pm \sqrt{R^2 - x^2}$



1 Pixel pro Spalte für oberen/unteren Halbkreis

# Kreis zeichnen: mit Wurzelfunktion

---

**Algorithmus Kreis2:** zeichnet Kreis mit Radius  $R$

---

**Eingabe :** Radius  $R$

**for**  $x = -R; x \leq R; x++$  **do**

$y = \text{sqrt}(R * R - x * x);$

plot(x, y);

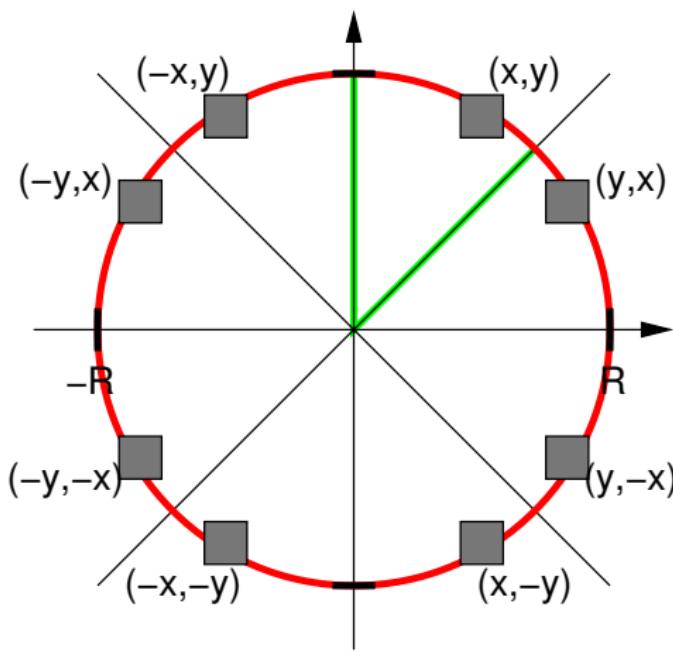
plot(x, -y);

---

Problem: `sqrt()` ist auch noch relativ teuer!

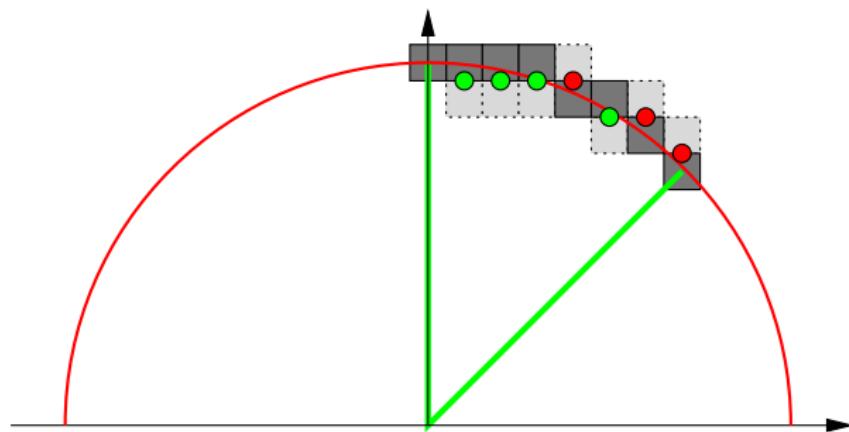
# Kreis zeichnen: mit Multiplikation

Besserer Ansatz: Ausnutzung von Spiegelachsen



# Kreis zeichnen: mit Multiplikation

- betrachtetes Kreissegment: Anstieg zwischen 0 und  $-1$
- 2 Fälle für nächstes Pixel: nur rechts oder rechts unten
- Entscheidungskriterium:  
Grundlinienmittelpunkt des rechten Nachbarpixels innerhalb vom Kreis?    ja:  $x++$     nein:  $x++; y--$



# Kreis zeichnen: mit Multiplikation

- Test, ob  $(x, y)$  innerhalb des Kreises:

$$F(x, y) := x^2 + y^2 - R^2 < 0$$

- Mittelpunkt des ersten Quadrats:  $(x, y) = (0, R)$
- Position seines Grundlinienmittelpunkts:  $(0, R - \frac{1}{2})$
- Grundlinienmittelpunkt für Pixel rechts daneben:

$$F(1, R - \frac{1}{2}) = 1^2 + (R - \frac{1}{2})^2 - R^2 = \frac{5}{4} - R < 0?$$

# Kreis zeichnen: mit Multiplikation

- Test, ob  $(x, y)$  innerhalb des Kreises:

$$F(x, y) := x^2 + y^2 - R^2 < 0$$

- Mittelpunkt des ersten Quadrats:  $(x, y) = (0, R)$
- Position seines Grundlinienmittelpunkts:  $(0, R - \frac{1}{2})$
- Grundlinienmittelpunkt für Pixel rechts daneben:  
 $F(1, R - \frac{1}{2}) = 1^2 + (R - \frac{1}{2})^2 - R^2 = \frac{5}{4} - R < 0?$
- Update:

$$F(x+1, y) = (x+1)^2 + y^2 - R^2 = (x^2 + 2x + 1) + y^2 - R^2$$

$$F(x+1, y) = F(x, y) + 2x + 1$$

$$\begin{aligned} F(x+1, y-1) &= (x+1)^2 + (y-1)^2 - R^2 \\ &= (x^2 + 2x + 1) + (y^2 - 2y + 1) - R^2 \end{aligned}$$

$$F(x+1, y-1) = F(x, y) + 2x - 2y + 2$$

# Kreis zeichnen: mit Multiplikation

---

**Algorithmus Bresenham1:** zeichnet Kreis mit Radius  $R$

---

$x = 0; \quad y = R;$

$\text{plot}(0, R); \quad \text{plot}(R, 0); \quad \text{plot}(0, -R); \quad \text{plot}(-R, 0);$

$F = \frac{5}{4} - R;$

**while**  $x < y$  **do**

**if**  $F < 0$  **then**

$F = F + 2 * x + 1;$

**else**

$F = F + 2 * x - 2 * y + 2;$

$y = y - 1;$

$x = x + 1;$

$\text{plot}(x, y); \quad \text{plot}(-x, y); \quad \text{plot}(-y, x); \quad \text{plot}(-y, -x);$

$\text{plot}(y, x); \quad \text{plot}(y, -x); \quad \text{plot}(x, -y); \quad \text{plot}(-x, -y);$

---

Es geht sogar noch etwas schneller!

# Kreis zeichnen: mit Addition / Subtraktion

- Ersetzung der Korrekturterme für  $F$ :

$$F = F + 2x + 1 \quad \rightarrow \quad F = F + d_E$$

$$F = F + 2x - 2y + 2 \quad \rightarrow \quad F = F + d_{SE}$$

mit  $d_E = 2x + 1$  und  $d_{SE} = 2x - 2y + 2$

- Anfangswerte:

$$d_E(0, R) = 2 \cdot 0 + 1 = 1$$

$$d_{SE}(0, R) = 2 \cdot 0 - 2 \cdot R + 2 = 2 - 2 \cdot R$$

- Updates nach rechts (E) und nach unten rechts (SE):

$$d_E(x+1, y) = 2 \cdot (x+1) + 1 = d_E(x, y) + 2$$

$$d_{SE}(x+1, y) = 2 \cdot (x+1) - 2 \cdot y + 2 = d_{SE}(x, y) + 2$$

$$d_E(x+1, y-1) = 2 \cdot (x+1) + 1 = d_E(x, y) + 2$$

$$d_{SE}(x+1, y-1) = 2 \cdot (x+1) - 2 \cdot (y-1) + 2 = d_{SE}(x, y) + 4$$

# Kreis zeichnen: mit Addition / Subtraktion

- Der Bruch  $\frac{5}{4}$  kann durch 1 ersetzt werden,  
weil sich  $F$  immer um eine ganze Zahl ändert.
- D.h.

$$F = \frac{5}{4} - R + k < 0$$

ist äquivalent zu

$$F = 1 - R + k < 0$$

- Vorteil:

nur noch **ganze** Zahlen!

# Kreis zeichnen: mit Addition / Subtraktion

## Algorithmus Bresenham2: zeichnet Kreis mit Radius $R$

```
x = 0;  y = R;  plot(0, R); plot(R, 0); plot(0, -R); plot(-R, 0);
```

```
F = 1 - R;  dE = 1;  dSE = 2 - R - R;
```

```
while x < y do
```

```
    if F < 0 then
```

```
        F = F + dE;
```

```
        dSE = dSE + 2;
```

```
    else
```

```
        F = F + dSE;
```

```
        y = y - 1;
```

```
        dSE = dSE + 4;
```

```
    x = x + 1;  dE = dE + 2;
```

```
    plot(x, y);  plot(-x, y);  plot(-y, x);  plot(-y, -x);
```

```
    plot(y, x);  plot(y, -x);  plot(x, -y);  plot(-x, -y);
```

# Bresenham-Algorithmus

- Ab Anfang der 1960er Jahre hat JACK BRESENHAM Algorithmen zur Linien- und Kreisdarstellung entwickelt.
- Diese verwenden nur einfache Additionen ganzer Zahlen.
- Sie sind damit deutlich schneller als die naiven Ansätze.

# Multiplikation langer Zahlen

Schulmethode:

- gegeben Zahlen  $a$  und  $b$
- multipliziere  $a$  mit jeder Ziffer von  $b$
- addiere die Teilprodukte

$$\begin{array}{r} 5 \ 6 \ 7 \ 8 \quad . \quad 4 \ 3 \ 2 \ 1 \\ \hline 2 \ 2 \ 7 \ 1 \ 2 \\ 1 \ 7 \ 0 \ 3 \ 4 \\ 1 \ 1 \ 3 \ 5 \ 6 \\ 5 \ 6 \ 7 \ 8 \\ \hline 2 \ 4 \ 5 \ 3 \ 4 \ 6 \ 3 \ 8 \end{array}$$

# Aufwand

- Wenn die Zahlen klein sind, ist der Aufwand ok.
  - Aber wenn die Zahlen sehr lang sind, kann man das Produkt dann schneller ausrechnen als mit der Schulmethode?
- ⇒ Wie wollen wir die Zeit oder den Aufwand überhaupt messen?
- Am besten nicht in Sekunden, die irgendein Rechner braucht, denn das könnte für einen anderen Rechner eine ganz andere Zahl sein.
  - Außerdem werden die Computer ja von Generation zu Generation immer schneller und leistungsfähiger.
- ⇒ Wir zählen **Grundoperationen**: Operationen, die man in einem einzigen Schritt bzw. in einer konstanten Zeiteinheit ausführen kann.

## Grundoperation

- Multiplikation von zwei Ziffern:  $x \cdot y = ?$

Das Ergebnis besteht aus (höchstens) zwei Ziffern  $u$  (Zehnerstelle) und  $v$  (Einerstelle), also

$$x \cdot y = 10 \cdot u + v$$

- Addition von drei Ziffern:  $x + y + z = ?$

Auch hier besteht das Ergebnis aus (höchstens) zwei Ziffern  $u$  (Zehnerstelle) und  $v$  (Einerstelle), also

$$x + y + z = 10 \cdot u + v$$

Wir benutzen hier drei Ziffern als Summanden, weil wir später Überträge berücksichtigen wollen.

# Analyse der Addition

- Zahl plus Zahl:

$$\begin{array}{r} 6 \ 9 \ 1 \ 7 \\ 4 \ 2 \ 6 \ 9 \\ \hline 1 \ 1 \ 1 \ 8 \ 6 \\ \hline \end{array}$$

Zur Addition zweier Zahlen mit jeweils  $n$  Ziffern brauchen wir  $n$  Additionen von 3 Ziffern, also  **$n$  Grundoperationen**.

Ergebnis: Zahl mit  $n + 1$  Ziffern

# Analyse des Teilprodukts

- Zahl mal Ziffer:

$$\begin{array}{r}
 5 \ 6 \ 7 \ 8 \ . \ 4 \\
 \hline
 & 3 \ 2 \\
 & 2 \ 8 \\
 & 2 \ 4 \\
 2 \ 0 \\
 \hline
 2 \ 2 \ 7 \ 1 \ 2
 \end{array}$$

Zur Multiplikation einer Zahl bestehend aus  $n$  Ziffern mit einer einzelnen Ziffer brauchen wir

- $n$  Multiplikationen von 2 Ziffern und
- $n + 1$  Additionen von 3 Ziffern, wobei in der letzten Spalte eigentlich nichts addiert werden muss,

also  **$2n[+1]$**  Grundoperationen.

Ergebnis: Zahl mit  $n + 1$  Ziffern

# Analyse des Produkts

- Zahl mal Zahl:

$$\begin{array}{r}
 5 \ 6 \ 7 \ 8 \cdot 4 \ 3 \ 2 \ 1 \\
 \hline
 2 \ 2 \ 7 \ 1 \ 2 \ 0 \ 0 \ 0 \\
 1 \ 7 \ 0 \ 3 \ 4 \ 0 \ 0 \\
 1 \ 1 \ 3 \ 5 \ 6 \ 0 \\
 5 \ 6 \ 7 \ 8 \\
 \hline
 2 \ 4 \ 5 \ 3 \ 4 \ 6 \ 3 \ 8
 \end{array}$$

Zur Multiplikation zweier Zahlen mit jeweils  $n$  Ziffern brauchen wir

- ▶  $n$  Multiplikationen einer  $n$ -Ziffern-Zahl mit einer Ziffer, also  
 $n \cdot (2n[+1]) = 2n^2[+n]$  Grundoperationen
- ▶ Zwischenergebnisse sind nicht länger als das Endergebnis ( $2n$  Ziffern), also  $n - 1$  Summen von Zahlen mit  $2n$  Ziffern, also  
 $(n - 1) \cdot 2n = 2n^2 - 2n$  Grundoperationen

Insgesamt:  $4n^2 - [2]n$  Grundoperationen

# Analyse des Produkts

- Zahl mal Zahl:

$$\begin{array}{r}
 5 \ 6 \ 7 \ 8 \quad \cdot \quad \color{red}{4} \quad \color{blue}{3} \quad \color{green}{2} \quad \color{brown}{1} \\
 \hline
 2 \ \color{red}{2} \ \color{red}{7} \ \color{red}{1} \ \color{red}{2} \\
 1 \ \color{blue}{7} \ \color{blue}{0} \ \color{blue}{3} \ \color{blue}{4} \\
 1 \ \color{green}{1} \ \color{green}{3} \ \color{green}{5} \ \color{green}{6} \\
 \hline
 5 \ \color{brown}{6} \ \color{brown}{7} \ \color{brown}{8} \\
 \hline
 2 \ 4 \ 5 \ 3 \ 4 \ 6 \ 3 \ 8
 \end{array}$$

Genauer:

- ▶ Beim Aufsummieren der Zwischenergebnisse muss man eigentlich jeweils nur Zahlen bestehend aus  $n + 1$  Ziffern addieren. Das ergibt  $(n - 1)(n + 1) = n^2 - 1$  Grundoperationen.

Insgesamt hätte man damit  $3n^2[+n] - 1$  Grundoperationen.

# Geht es besser?

Frage:

- Ist das überhaupt gut?
- Vielleicht geht es ja schneller?
- Was wäre denn überhaupt eine signifikante Verbesserung?
- Vielleicht irgendetwas mit  $2n^2$ ?
- Das würde die Zeit auf ca. 2/3 des ursprünglichen Werts senken.
- Aber bei einer Verdoppelung der Zahlenlänge hätte man immer noch eine Vervierfachung der Laufzeit.
- Wir werden diese Frage später beantworten ...

# Algorithmen-Beispiele

- Rolf Klein und Tom Kamphans:  
Der Pledge-Algorithmus: Wie man im Dunkeln aus einem Labyrinth entkommt
- Dominik Sibbing und Leif Kobbelt:  
Kreise zeichnen mit Turbo
- Arno Eigenwillig und Kurt Mehlhorn:  
Multiplikation langer Zahlen (schneller als in der Schule)
- Diese und weitere Beispiele:



**Taschenbuch der Algorithmen** (Springer, 2008)

# Effizienzmessung

Ziel:

- Beschreibung der Performance von Algorithmen
- möglichst genau, aber in kurzer und einfacher Form

Exakte Spezifikation der Laufzeit eines Algorithmus  
(bzw. einer DS-Operation):

- Menge  $\mathcal{I}$  der Instanzen
- Laufzeit des Algorithmus  $T : \mathcal{I} \mapsto \mathbb{N}$

Problem:  $T$  sehr schwer exakt bestimmbar bzw. beschreibbar

Lösung: **Gruppierung** der Instanzen (meist nach **Größe**)

# Eingabekodierung

Bei Betrachtung der **Länge** der Eingabe:

Vorsicht bei der **Kodierung!**

## Beispiel (Primfaktorisierung)

Gegeben: Zahl  $x \in \mathbb{N}$

Gesucht: Primfaktoren von  $x$  (Primzahlen  $p_1, \dots, p_k$  mit  $x = \prod_{i=1}^k p_i^{e_i}$ )

Bekannt als hartes Problem (wichtig für RSA-Verschlüsselung!)

# Eingabekodierung - Beispiel Primfaktorisierung

## Beispiel (Primfaktorisierung)

### Trivialer Algorithmus

Teste von  $y = 2$  bis  $\lfloor \sqrt{x} \rfloor$  alle Zahlen, ob diese  $x$  teilen und wenn ja, dann bestimme wiederholt das Ergebnis der Division bis die Teilung nicht mehr ohne Rest möglich ist

Laufzeit:  $\sqrt{x}$  Teilbarkeitstests und höchstens  $\log_2 x$  Divisionen

- **Unäre** Kodierung von  $x$  ( $x$  Einsen als Eingabe):  
Laufzeit **polynomiell** bezüglich der Länge der Eingabe
- **Binäre** Kodierung von  $x$  ( $\lceil \log_2 x \rceil$  Bits):  
Laufzeit **exponentiell** bezüglich der Länge der Eingabe

# Eingabekodierung

Betrachtete Eingabegröße:

- Größe von Zahlen: **Anzahl Bits** bei binärer Kodierung
- Größe von Mengen / Folgen: **Anzahl Elemente**

## Beispiel (Sortieren)

Gegeben: Folge von Zahlen  $a_1, \dots, a_n \in \mathbb{N}$

Gesucht: sortierte Folge der Zahlen

Größe der Eingabe: ***n***

Manchmal Betrachtung von mehr Parametern:

- Größe von Graphen: Anzahl Knoten und Anzahl Kanten

# Effizienzmessung

Sei  $\mathcal{I}_n$  die Menge der Instanzen der Größe  $n$  eines Problems.

Effizienzmaße:

- Worst case:

$$t(n) = \max \{T(i) : i \in \mathcal{I}_n\}$$

- Average case:

$$t(n) = \frac{1}{|\mathcal{I}_n|} \sum_{i \in \mathcal{I}_n} T(i)$$

- Best case:

$$t(n) = \min \{T(i) : i \in \mathcal{I}_n\}$$

(Wir stellen sicher, dass max und min existieren und dass  $\mathcal{I}_n$  endlich ist.)

# Vor- und Nachteile der Maße

- worst case:  
liefert **Garantie** für die Effizienz des Algorithmus,  
evt. aber sehr pessimistische Abschätzung
- average case:  
beschreibt durchschnittliche Laufzeit, aber nicht unbedingt  
übereinstimmend mit dem “typischen Fall” in der Praxis,  
ggf. Verallgemeinerung mit Wahrscheinlichkeitsverteilung
- best case:  
Vergleich mit worst case liefert Aussage über die Abweichung  
innerhalb der Instanzen gleicher Größe,  
evt. sehr optimistisch

Exakte Formeln für  $t(n)$  sind meist sehr aufwendig bzw. nicht möglich!  
⇒ betrachte **asymptotisches Wachstum** ( $n \rightarrow \infty$ )

# Wachstumsrate / -ordnung

- $f(n)$  und  $g(n)$  haben **gleiche** Wachstumsrate, falls für große  $n$  das Verhältnis durch Konstanten beschränkt ist:

$$\exists c, d \in \mathbb{R}_+ \quad \exists n_0 \in \mathbb{N} \quad \forall n \geq n_0 : \quad c \leq \frac{f(n)}{g(n)} \leq d$$

- $f(n)$  wächst **schneller** als  $g(n)$ , wenn es für alle positiven Konstanten  $c$  ein  $n_0$  gibt, ab dem  $f(n) \geq c \cdot g(n)$  für  $n \geq n_0$  gilt, d.h.,

$$\forall c \in \mathbb{R}_+ \quad \exists n_0 \in \mathbb{N} \quad \forall n \geq n_0 : \quad f(n) \geq c \cdot g(n)$$

anders ausgedrückt:  $\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{g(n)}{f(n)} = 0$

## Beispiel

$n^2$  und  $5n^2 - 7n$  haben gleiche Wachstumsrate, da für alle  $n \geq 2$   $1 \leq \frac{5n^2 - 7n}{n^2} \leq 5$  gilt. Beide wachsen schneller als  $n^{3/2}$ .

# Asymptotische Notation

Mengen zur Formalisierung des asymptotischen Verhaltens:

$$\mathcal{O}(f(n)) = \{g(n) : \exists c > 0 : \exists n_0 > 0 : \forall n \geq n_0 : g(n) \leq c \cdot f(n)\}$$

$$\Omega(f(n)) = \{g(n) : \exists c > 0 : \exists n_0 > 0 : \forall n \geq n_0 : g(n) \geq c \cdot f(n)\}$$

$$\Theta(f(n)) = \mathcal{O}(f(n)) \cap \Omega(f(n))$$

$$\mathcal{o}(f(n)) = \{g(n) : \forall c > 0 : \exists n_0 > 0 : \forall n \geq n_0 : g(n) \leq c \cdot f(n)\}$$

$$\omega(f(n)) = \{g(n) : \forall c > 0 : \exists n_0 > 0 : \forall n \geq n_0 : g(n) \geq c \cdot f(n)\}$$

Funktionen sollen Laufzeit bzw. Speicherplatz beschreiben

⇒ Forderung:  $\exists n_0 : \forall n \geq n_0 : f(n) > 0$

Manchmal auch:  $\forall n : f(n) \geq 0$

# Wachstumsrate / -ordnung

- Warum die Betrachtung der Wachstumsrate und die Forderung nur für **genügend große  $n$** ?

Ziel effizienter Algorithmen: Lösung großer Probleminstanzen gesucht: Verfahren, die für große Instanzen noch effizient sind  
Für große  $n$  sind Verfahren mit kleinerer Wachstumsrate besser.

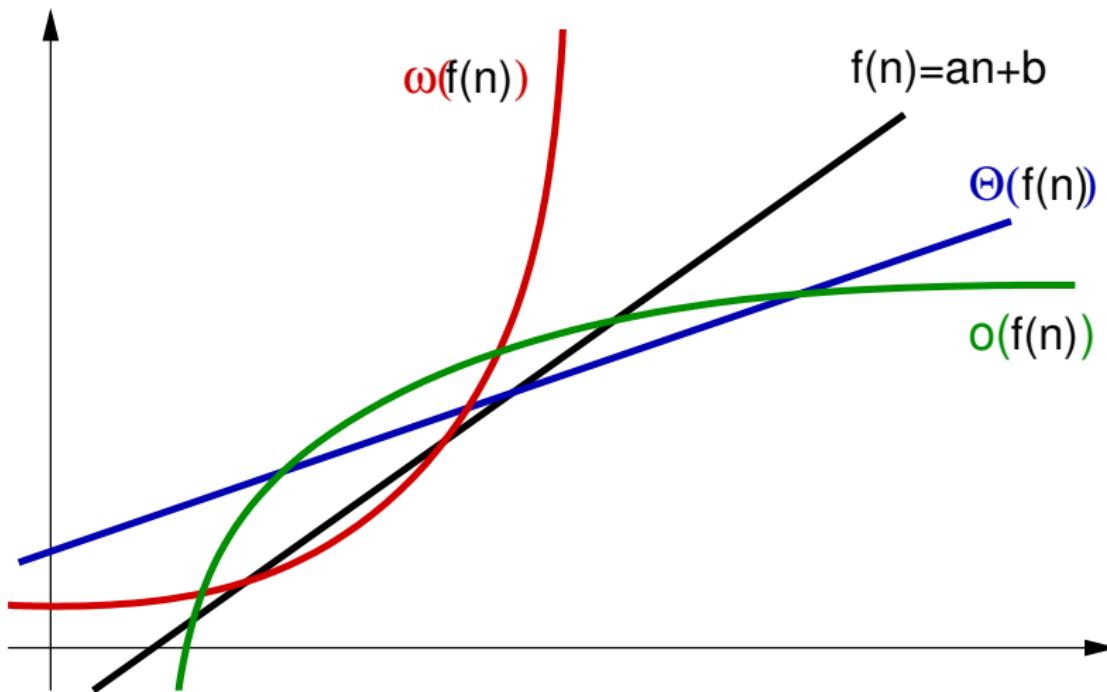
- Warum Verzicht auf **konstante Faktoren**?

Unser Maschinenmodell ist nur eine Abstraktion von echten Computern und kann die reale Laufzeit sowieso nur bis auf konstante Faktoren bestimmen.

Daher ist es meistens sinnvoll, Algorithmen mit gleicher Wachstumsrate erstmal als gleichwertig zu betrachten.

- außerdem: Laufzeitangabe durch **einfache** Funktionen

# Asymptotische Notation



# Asymptotische Notation

## Beispiel

- $5n^2 - 7n \in O(n^2)$ ,  $n^2/10 + 100n \in O(n^2)$ ,  $4n^2 \in O(n^3)$
- $5n^2 - 7n \in \Omega(n^2)$ ,  $n^3 \in \Omega(n^2)$ ,  $n \log n \in \Omega(n)$
- $5n^2 - 7n \in \Theta(n^2)$
- $\log n \in o(n)$ ,  $n^3 \in o(2^n)$
- $n^5 \in \omega(n^3)$ ,  $2^{2n} \in \omega(2^n)$

# Asymptotische Notation als Platzhalter

- statt  $g(n) \in O(f(n))$  schreibt man oft auch  $g(n) = O(f(n))$
- für  $f(n) + g(n)$  mit  $g(n) \in o(h(n))$  schreibt man auch  
 $f(n) + g(n) = f(n) + o(h(n))$
- statt  $O(f(n)) \subseteq O(g(n))$  schreibt man auch  $O(f(n)) = O(g(n))$

## Beispiel

$$n^3 + n = n^3 + o(n^3) = (1 + o(1))n^3 = O(n^3)$$

*O*-Notations"gleichungen" sollten nur von links nach rechts gelesen werden!

# Wachstumsrate von Polynomen

## Lemma

Sei  $p$  ein Polynom der Ordnung  $k$  bzgl. der Variable  $n$ , also

$$p(n) = \sum_{i=0}^k a_i \cdot n^i \quad \text{mit} \quad a_k > 0.$$

Dann ist

$$p(n) \in \Theta(n^k).$$

# Wachstumsrate von Polynomen

Beweis.

Zu zeigen:  $p(n) \in O(n^k)$  und  $p(n) \in \Omega(n^k)$

$p(n) \in O(n^k)$ :

Für  $n \geq 1$  gilt:

$$p(n) \leq \sum_{i=0}^k |a_i| \cdot n^i \leq n^k \sum_{i=0}^k |a_i|$$

Also ist die Definition

$$O(f(n)) = \{g(n) : \exists c > 0 : \exists n_0 > 0 : \forall n \geq n_0 : g(n) \leq c \cdot f(n)\}$$

mit  $c = \sum_{i=0}^k |a_i|$  und  $n_0 = 1$  erfüllt.

# Wachstumsrate von Polynomen

Beweis.

$p(n) \in \Omega(n^k)$ :

$$A = \sum_{i=0}^{k-1} |a_i|$$

Für positive  $n$  gilt dann:

$$p(n) \geq a_k n^k - A n^{k-1} = \frac{a_k}{2} n^k + n^{k-1} \left( \frac{a_k}{2} n - A \right)$$

Also ist die Definition

$$\Omega(f(n)) = \{g(n) : \exists c > 0 : \exists n_0 > 0 : \forall n \geq n_0 : g(n) \geq c \cdot f(n)\}$$

mit  $c = a_k/2$  und  $n_0 > 2A/a_k$  erfüllt.



# Rechenregeln für $O$ -Notation

Für Funktionen  $f(n)$  (bzw.  $g(n)$ ) mit  $\exists n_0 \forall n \geq n_0 : f(n) > 0$  gilt:

## Lemma

- $c \cdot f(n) \in \Theta(f(n))$  für jede Konstante  $c > 0$
- $O(f(n)) + O(g(n)) = O(f(n) + g(n))$
- $O(f(n)) \cdot O(g(n)) = O(f(n) \cdot g(n))$
- $O(f(n) + g(n)) = O(f(n))$  falls  $g(n) \in O(f(n))$

Die Ausdrücke sind auch korrekt für  $\Omega$  statt  $O$ .

Vorsicht, der letzte heißt dann

- $\Omega(f(n) + g(n)) = \Omega(f(n))$  falls  $g(n) \in O(f(n))$

Aber: Vorsicht bei induktiver Anwendung!

# Induktions”beweis”

Behauptung:

$$\sum_{i=1}^n i = O(n)$$

“Beweis”: Sei  $f(n) = n + f(n - 1)$  und  $f(1) = 1$ .

Ind.anfang:  $f(1) = O(1)$

Ind.vor.: Es gelte  $f(n - 1) = O(n - 1)$

Ind.schritt: Dann gilt

$$f(n) = n + f(n - 1) = n + O(n - 1) = O(n)$$

Also ist

$$f(n) = \sum_{i=1}^n i = O(n)$$

FALSCH!

# Ableitungen und $O$ -Notation

## Lemma

Seien  $f$  und  $g$  differenzierbar.

Dann gilt

- falls  $f'(n) \in O(g'(n))$ , dann auch  $f(n) \in O(g(n))$
- falls  $f'(n) \in \Omega(g'(n))$ , dann auch  $f(n) \in \Omega(g(n))$
- falls  $f'(n) \in o(g'(n))$ , dann auch  $f(n) \in o(g(n))$
- falls  $f'(n) \in \omega(g'(n))$ , dann auch  $f(n) \in \omega(g(n))$

Umgekehrt gilt das im Allgemeinen nicht!

# Rechenbeispiele für $O$ -Notation

## Beispiel

- 1. Lemma:

- ▶  $n^3 - 3n^2 + 2n \in O(n^3)$
- ▶  $O(\sum_{i=1}^n i) = O(n^2/2 + n/2) = O(n^2)$

- 2. Lemma:

Aus  $\log n \in O(n)$  folgt  $n \log n \in O(n^2)$ .

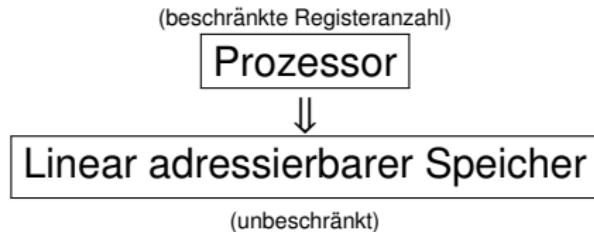
- 3. Lemma:

- ▶  $(\log n)' = 1/n$ ,  $(n)' = 1$  und  $1/n \in O(1)$ .  
 $\Rightarrow \log n \in O(n)$

# Abstraktion durch Maschinen-/Rechnermodelle

- 1936 Turing-Maschine: kann nicht auf beliebige Speicherzellen zugreifen, nur an der aktuellen Position des Lese-/Schreibkopfs
- 1945 J. von Neumann u.a.: Entwurf des Rechners EDVAC (Electronic Discrete Variable Automatic Computer)  
Programm und Daten teilen sich einen **gemeinsamen** Speicher
- 1963 John Shepherdson, Howard Sturgis (u.a.):

## **Random Access Machine (RAM)**



# RAM: Aufbau

Prozessor:

- beschränkte Anzahl an Registern  $R_1, \dots, R_k$
- Instruktionszeiger zum nächsten Befehl

Programm:

- nummerierte Liste von Befehlen  
(Adressen in Sprungbefehlen entsprechen dieser Nummerierung)

Eingabe:

- steht in Speicherzellen  $S[1], \dots, S[R_1]$

Modell / Reale Rechner:

- unendlicher / endlicher Speicher
- Abhängigkeit / Unabhängigkeit der Größe der Speicherzellen von der Eingabegröße

# RAM: Speicher

- unbeschränkt viele Speicherzellen (words)  $S[0], S[1], S[2], \dots$ , von denen zu jedem Zeitpunkt nur endlich viele benutzt werden
  - beliebig große Zellen führen zu unrealistischen Algorithmen
- ⇒ Jede Speicherzelle darf bei Eingabelänge  $n$  eine Zahl mit  $O(\log n)$  Bits speichern.  
(Für konstant große Zellen würde man einen Faktor  $O(\log n)$  bei der Rechenzeit erhalten.)
- ⇒ gespeicherte Werte stellen polynomiell in Eingabelänge  $n$  beschränkte Zahlen dar (sinnvoll für Array-Indizes; bildet auch geschichtliche Entwicklung  $4 \rightarrow 8 \rightarrow 16 \rightarrow 32 \rightarrow 64$  Bit ab)

Begrenzter Parallelismus:

- sequentielles Maschinenmodell, aber
- Verknüpfung logarithmisch vieler Bits in konstanter Zeit

# RAM: Befehle

Annahme:

- Jeder Befehl dauert genau eine Zeiteinheit.
- Laufzeit ist Anzahl ausgeführter Befehle

Befehlssatz:

- Registerzuweisung:

$R_i := c$  (Konst. an Register),  $R_i := R_j$  (Register an Register)

- Speicherzugriff:

$R_i := S[R_j]$  (lesend),  $S[R_j] := R_i$  (schreibend)

- Arithmetische / logische Operationen:

$R_i := R_j \text{ op } R_k$  (binär:  $\text{op} \in \{+, -, \cdot, \oplus, /, \%, \wedge, \vee, <, \leq, =, \geq, >\}$ ),

$R_i := \text{op } R_j$  (unär:  $\text{op} \in \{-, \neg\}$ )

- Sprünge:

$\text{jump } x$  (zu Adresse x),  $\text{jumpz } x R_i$  (bedingt, falls  $R_i = 0$ ),

$\text{jumpi } R_j$  (zu Adresse aus  $R_j$ )

Das entspricht **Assembler-Code** von realen Maschinen!

# Maschinenmodell

## RAM-Modell

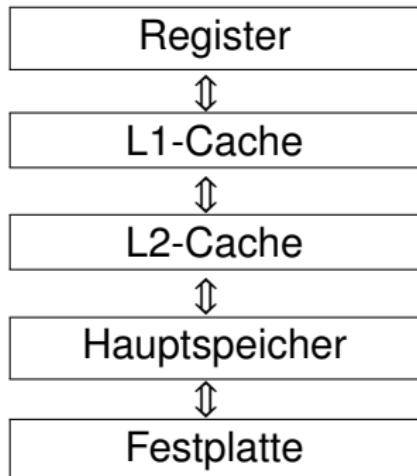
- Modell für die ersten Computer
- entspricht eigentlich der Harvard-Architektur (separater Programmspeicher)
- Random Access Stored Program (RASP) Modell entspricht der von Neumann-Architektur und hat große Ähnlichkeit mit üblichen Rechnern

**Aber:** Speicherhierarchie erfordert ggf. Anpassung des Modells

⇒ Algorithm Engineering, z.B. External-Memory Model

# Speicherhierarchie

schnell, klein

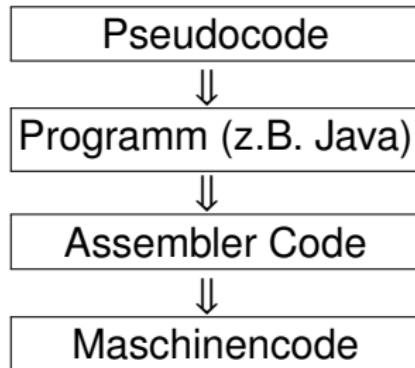


langsam, groß

## External-Memory Model

- begrenzter schneller Speicher mit  $M$  Zellen
- unbegrenzter (langsamer) externer Speicher
- I/O-Operationen transferieren  $B$  aufeinanderfolgende Worte

# Pseudocode / Maschinencode



- Assembler/Maschinencode schwer überschaubar
- besser: Programmiersprache wie Pascal, C++, Java, ...
- oder: informal als Pseudocode in verständlicher Form

$$a := a + bc \quad \Rightarrow \quad R_1 := R_b * R_c; \quad R_a := R_a + R_1$$

$R_a, R_b, R_c$ : Register, in denen  $a, b$  und  $c$  gespeichert sind

$$\text{if (C) I else J} \quad \Rightarrow \quad \text{eval(C); jumpz sElse } R_c; \quad \text{trans(I); jump sEnd; trans(J)}$$

eval(C): Befehle, die die Bedingung C auswerten und das Ergebnis in Register  $R_c$  hinterlassen

trans(I), trans(J): übersetzte Befehlsfolge für I und J

sElse, sEnd: Adresse des 1. Befehls in trans(J) bzw. des 1. Befehls nach trans(J)

# Laufzeitanalyse / worst case

Berechnung der worst-case-Laufzeit:

- $T(I)$  sei worst-case-Laufzeit für Konstrukt  $I$
- $T(\text{elementare Zuweisung}) = O(1)$
- $T(\text{elementarer Vergleich}) = O(1)$
- $T(\text{return } x) = O(1)$
- $T(\text{new Typ}(\dots)) = O(1) + O(T(\text{Konstruktor}))$
- $T(I_1; I_2) = T(I_1) + T(I_2)$
- $T(\text{if } (C) \ I_1 \ \text{else } I_2) = O(T(C) + \max\{T(I_1), T(I_2)\})$
- $T(\text{for}(i = a; i < b; i++) \ I) = O\left(\sum_{i=a}^{b-1} (1 + T(I))\right)$
- $T(e.m(\dots)) = O(1) + T(ss)$ , wobei  $ss$  Rumpf von  $m$

# Beispiel: Vorzeichenausgabe

---

**Funktion** signum( $x$ )

---

**Eingabe** : Zahl  $x \in \mathbb{R}$

**Ausgabe** :  $-1,0$  bzw.  $1$

entsprechend dem  
Vorzeichen von  $x$

**if**  $x < 0$  **then**  
  └ **return**  $-1$

**if**  $x > 0$  **then**  
  └ **return**  $1$

**return**  $0$

---

Wir wissen:

$$T(x < 0) = O(1)$$

$$T(\mathbf{return} -1) = O(1)$$

$$T(\mathbf{if } (C) I) = O(T(C) + T(I))$$

Also:  $T(\mathbf{if } (x < 0) \mathbf{return} -1) = O(1) + O(1) = O(1)$

# Beispiel: Vorzeichenausgabe

---

**Funktion** signum( $x$ )

---

**Eingabe** : Zahl  $x \in \mathbb{R}$

**Ausgabe** :  $-1,0$  bzw.  $1$

entsprechend dem  
Vorzeichen von  $x$

**if**  $x < 0$  **then**

  └ **return**  $-1$

$O(1)$

**if**  $x > 0$  **then**

  └ **return**  $1$

$O(1)$

**return**  $0$

---

$O(1)$

---

$$O(1 + 1 + 1) = O(1)$$

# Beispiel: Minimumssuche

---

**Funktion**  $\text{minimum}(A, n)$

**Eingabe** : Zahlenfolge in  $A[0], \dots, A[n - 1]$

$n$ : Anzahl der Zahlen

**Ausgabe** : Minimum der Zahlen

**min** =  $A[0]$ ;

$O(1)$

**for** ( $i = 1; i < n; i++$ ) **do**

$O(\sum_{i=1}^{n-1} (1 + T(i)))$

$\lfloor$  **if**  $A[i] < \text{min}$  **then**  $\text{min} = A[i]$ ;

$O(1)$  ↗

**return**  $\text{min}$

---

$O(1)$

---

$$O\left(1 + \left(\sum_{i=1}^{n-1} 1\right) + 1\right) = O(n)$$

# Beispiel: BubbleSort

Sortieren durch Aufsteigen

Vertausche in jeder Runde in der (verbleibenden) Eingabesequenz (hier vom Ende in Richtung Anfang) jeweils zwei benachbarte Elemente, die nicht in der richtigen Reihenfolge stehen

## Beispiel

|   |    |    |    |    |    |
|---|----|----|----|----|----|
| 5 | 10 | 19 | 1  | 14 | 3  |
| 5 | 10 | 19 | 1  | 3  | 14 |
| 5 | 10 | 1  | 19 | 3  | 14 |
| 5 | 1  | 10 | 19 | 3  | 14 |
| 1 | 5  | 10 | 19 | 3  | 14 |

|   |   |    |    |    |    |
|---|---|----|----|----|----|
| 1 | 5 | 10 | 3  | 19 | 14 |
| 1 | 5 | 3  | 10 | 19 | 14 |
| 1 | 3 | 5  | 10 | 19 | 14 |
| 1 | 3 | 5  | 10 | 14 | 19 |
| 1 | 3 | 5  | 10 | 14 | 19 |

# Beispiel: Sortieren

---

**Prozedur** BubbleSort( $A, n$ )

---

**Eingabe** :  $n$ : Anzahl der Zahlen

$A[0], \dots, A[n - 1]$ : Zahlenfolge

**Ausgabe** : Sortierte Zahlenfolge  $A$

|  |   |
|--|---|
| <b>for</b> ( $i = 0; i < n - 1; i++$ ) <b>do</b><br>  <b>for</b> ( $j = n - 2; j \geq i; j--$ ) <b>do</b><br>  <b>if</b> $A[j] > A[j + 1]$ <b>then</b><br>  $x = A[j];$<br>  $A[j] = A[j + 1];$<br>  $A[j + 1] = x;$ | $O(\sum_{i=0}^{n-2} T(l_1))$<br>$O(\sum_{j=i}^{n-2} T(l_2))$<br>$O(1 + T(l_3))$<br>$O(1)$<br>$O(1)$<br>$O(1)$ |
|--|---|

---

$$O\left(\sum_{i=0}^{n-2} \sum_{j=i}^{n-2} 1\right)$$

# Beispiel: Sortieren

$$\begin{aligned}\sum_{i=0}^{n-2} \sum_{j=i}^{n-2} 1 &= \sum_{i=0}^{n-2} (n - i - 1) \\&= \sum_{i=1}^{n-1} i \\&= \frac{n(n - 1)}{2} \\&= \frac{n^2}{2} - \frac{n}{2} \\&= O(n^2)\end{aligned}$$

# Beispiel: Binäre Suche

---

**Prozedur** BinarySearch( $A, n, x$ )

---

**Eingabe** :  $n$ : Anzahl der (sortierten) Zahlen

$A[0], \dots, A[n - 1]$ : Zahlenfolge  
 $x$ : gesuchte Zahl

**Ausgabe** : Index der gesuchten Zahl

$\ell = 0;$

$O(1)$

$r = n - 1;$

$O(1)$

**while** ( $\ell \leq r$ ) **do**

$O(\sum_{i=1}^k T(I))$

$m = \lfloor (r + \ell)/2 \rfloor;$

$O(1) \uparrow$

**if**  $A[m] == x$  **then return**  $m$ ;

$O(1)$

**if**  $A[m] < x$  **then**  $\ell = m + 1$ ;

$O(1)$

**else**  $r = m - 1$ ;

$O(1)$

---

**return**  $-1$

---

$O(1)$

$$O\left(\sum_{i=1}^k 1\right) = O(k)$$

# Beispiel: Binäre Suche

Aber: Wie groß ist die Anzahl der Schleifendurchläufe  $k$ ?

Größe des verbliebenen Suchintervalls  $(r - \ell + 1)$  nach Iteration  $i$ :

$$\begin{aligned}s_0 &= n \\ s_{i+1} &\leq \lfloor s_i / 2 \rfloor\end{aligned}$$

Bei  $s_i < 1$  endet der Algorithmus.

$$\Rightarrow k \leq \log_2 n$$

Gesamtkomplexität:  $O(\log n)$

# Beispiel: Bresenham-Algorithmus

**Algorithmus Bresenham1:** zeichnet einen Kreis

$x = 0; \quad y = R;$

$O(1)$

plot( $0, R$ ); plot( $R, 0$ ); plot( $0, -R$ ); plot( $-R, 0$ );

$O(1)$

$F = \frac{5}{4} - R;$

$O(1)$

**while**  $x < y$  **do**

$O(\sum_{i=1}^k T(i))$

**if**  $F < 0$  **then**

$F = F + 2 * x + 1;$

**else**

$F = F + 2 * x - 2 * y + 2;$

$y = y - 1;$

$x = x + 1;$

  plot( $x, y$ ); plot( $-x, y$ ); plot( $-y, x$ ); plot( $-y, -x$ );

  plot( $y, x$ ); plot( $y, -x$ ); plot( $x, -y$ ); plot( $-x, -y$ );

alles  $O(1)$

Wie groß ist Anzahl Schleifendurchläufe  $k$ ?

$O\left(\sum_{i=1}^k 1\right) = O(k)$

# Beispiel: Bresenham-Algorithmus

- Betrachte dazu die Entwicklung der Werte der Funktion

$$\varphi(x, y) = y - x$$

- Anfangswert:  $\varphi_0(x, y) = R$
  - Monotonie: verringert sich pro Durchlauf um mindestens 1
  - Beschränkung: durch die **while**-Bedingung  $x < y$   
bzw.  $0 < y - x$
- ⇒ maximal  $R$  Runden

# Beispiel: Fakultätsfunktion

---

**Funktion** fakultaet( $n$ )

---

**Eingabe** :  $n \in \mathbb{N}_+$

**Ausgabe** :  $n!$

**if** ( $n == 1$ ) **then**  
  └ **return** 1

$O(1)$   
 $O(1)$

**else**  
  └ **return**  $n * \text{fakultaet}(n - 1)$

---

$O(1 + \dots?)$

- $T(n)$ : Laufzeit von fakultaet( $n$ )
  - $T(1) = O(1)$
  - $T(n) = T(n - 1) + O(1)$
- $\Rightarrow T(n) = O(n)$

# Average Case Complexity

Uniforme Verteilung:  
(alle Instanzen gleichwahrscheinlich)

$$t(n) = \frac{1}{|\mathcal{I}_n|} \sum_{i \in \mathcal{I}_n} T(i)$$

Tatsächliche Eingabeverteilung kann in der Praxis aber stark von uniformer Verteilung abweichen.

Dann

$$t(n) = \sum_{i \in \mathcal{I}_n} p_i \cdot T(i)$$

Aber: meist schwierig zu berechnen!

# Beispiel: Binärzahl-Inkrementierung

---

**Prozedur** increment( $A$ )

---

**Eingabe** : Array  $A$  mit Binärzahl in  $A[0] \dots A[n - 1]$ ,  
in  $A[n]$  steht eine 0

**Ausgabe** : inkrementierte Binärzahl in  $A[0] \dots A[n]$

$i = 0;$

**while** ( $A[i] == 1$ ) **do**

$A[i] = 0;$   
 $i = i + 1;$

$A[i] = 1;$

---

Durchschnittliche Laufzeit für Zahl mit  $n$  Bits?

# Binärzahl-Inkrementierung: Analyse

- $\mathcal{I}_n$ : Menge der  $n$ -Bit-Instanzen
- Für die Hälfte (also  $\frac{1}{2}|\mathcal{I}_n|$ ) der Zahlen  $x_{n-1} \dots x_0 \in \mathcal{I}_n$  ist  $x_0 = 0$   
 $\Rightarrow$  1 Schleifendurchlauf
- Für die andere Hälfte gilt  $x_0 = 1$ .  
 Bei diesen gilt wieder für die Hälfte (also  $\frac{1}{4}|\mathcal{I}_n|$ )  $x_1 x_0 = 01$   
 $\Rightarrow$  2 Schleifendurchläufe
- Für den Anteil  $(\frac{1}{2})^k$  der Zahlen gilt  $x_{k-1} x_{k-2} \dots x_0 = 01 \dots 1$   
 $\Rightarrow$   $k$  Schleifendurchläufe

Durchschnittliche Anzahl Schleifendurchläufe:

$$t(n) = \frac{1}{|\mathcal{I}_n|} \sum_{i \in \mathcal{I}_n} T(i) = \frac{1}{|\mathcal{I}_n|} \sum_{k=1}^n \frac{|\mathcal{I}_n|}{2^k} \cdot k = \sum_{k=1}^n \frac{k}{2^k} \stackrel{?}{=} O(1)$$

# Binärzahl-Inkrementierung: Abschätzung

## Lemma

$$\sum_{k=1}^n \frac{k}{2^k} \leq 2 - \frac{n+2}{2^n}$$

# Binärzahl-Inkrementierung: Abschätzung

## Lemma

$$\sum_{k=1}^n \frac{k}{2^k} \leq 2 - \frac{n+2}{2^n}$$

## Beweis

Induktionsanfang:

Für  $n = 1$  gilt:  $\sum_{k=1}^1 \frac{k}{2^k} = \frac{1}{2} \leq 2 - \frac{1+2}{2^1}$  ✓

# Binärzahl-Inkrementierung: Abschätzung

## Lemma

$$\sum_{k=1}^n \frac{k}{2^k} \leq 2 - \frac{n+2}{2^n}$$

## Beweis

Induktionsanfang:

Für  $n = 1$  gilt:  $\sum_{k=1}^1 \frac{k}{2^k} = \frac{1}{2} \leq 2 - \frac{1+2}{2^1}$  ✓

Induktionsvoraussetzung:

Für  $n$  gilt:  $\sum_{k=1}^n \frac{k}{2^k} \leq 2 - \frac{n+2}{2^n}$

# Binärzahl-Inkrementierung: Abschätzung

Beweis.

Induktionsschritt:  $n \rightarrow n + 1$

$$\sum_{k=1}^{n+1} \frac{k}{2^k} = \left( \sum_{k=1}^n \frac{k}{2^k} \right) + \frac{n+1}{2^{n+1}}$$

# Binärzahl-Inkrementierung: Abschätzung

Beweis.

Induktionsschritt:  $n \rightarrow n + 1$

$$\begin{aligned}\sum_{k=1}^{n+1} \frac{k}{2^k} &= \left( \sum_{k=1}^n \frac{k}{2^k} \right) + \frac{n+1}{2^{n+1}} \\ &\leq 2 - \frac{n+2}{2^n} + \frac{n+1}{2^{n+1}} \quad (\text{laut Ind.vor.})\end{aligned}$$

# Binärzahl-Inkrementierung: Abschätzung

## Beweis.

Induktionsschritt:  $n \rightarrow n + 1$

$$\begin{aligned}\sum_{k=1}^{n+1} \frac{k}{2^k} &= \left( \sum_{k=1}^n \frac{k}{2^k} \right) + \frac{n+1}{2^{n+1}} \\ &\leq 2 - \frac{n+2}{2^n} + \frac{n+1}{2^{n+1}} \quad (\text{laut Ind.vor.}) \\ &= 2 - \frac{2(n+2)}{2^{n+1}} + \frac{n+1}{2^{n+1}} = 2 - \frac{2n+4-n-1}{2^{n+1}} \\ &= 2 - \frac{n+3}{2^{n+1}} \\ &= 2 - \frac{(n+1)+2}{2^{n+1}}\end{aligned}$$



# Zufallsvariable

## Definition

Für einen Wahrscheinlichkeitsraum mit Ergebnismenge  $\Omega$  nennt man eine Abbildung  $X : \Omega \mapsto \mathbb{R}$  (numerische) **Zufallsvariable**.

# Zufallsvariable

## Definition

Für einen Wahrscheinlichkeitsraum mit Ergebnismenge  $\Omega$  nennt man eine Abbildung  $X : \Omega \mapsto \mathbb{R}$  (numerische) **Zufallsvariable**.

Eine Zufallsvariable über einer endlichen oder abzählbar unendlichen Ergebnismenge heißt **diskret**.

# Zufallsvariable

## Definition

Für einen Wahrscheinlichkeitsraum mit Ergebnismenge  $\Omega$  nennt man eine Abbildung  $X : \Omega \mapsto \mathbb{R}$  (numerische) **Zufallsvariable**.

Eine Zufallsvariable über einer endlichen oder abzählbar unendlichen Ergebnismenge heißt **diskret**.

Der Wertebereich diskreter Zufallsvariablen

$$W_X := X(\Omega) = \{x \in \mathbb{R} \mid \exists \omega \in \Omega \text{ mit } X(\omega) = x\}$$

ist ebenfalls endlich bzw. abzählbar unendlich.

# Zufallsvariable

## Definition

Für einen Wahrscheinlichkeitsraum mit Ergebnismenge  $\Omega$  nennt man eine Abbildung  $X : \Omega \mapsto \mathbb{R}$  (numerische) **Zufallsvariable**.

Eine Zufallsvariable über einer endlichen oder abzählbar unendlichen Ergebnismenge heißt **diskret**.

Der Wertebereich diskreter Zufallsvariablen

$$W_X := X(\Omega) = \{x \in \mathbb{R} \mid \exists \omega \in \Omega \text{ mit } X(\omega) = x\}$$

ist ebenfalls endlich bzw. abzählbar unendlich.

Schreibweise:  $\Pr[X = x] := \Pr[X^{-1}(x)] = \sum_{\omega \in \Omega \mid X(\omega) = x} \Pr[\omega]$

# Zufallsvariable

## Beispiel

Wir ziehen aus einem Poker-Kartenspiel mit 52 Karten (13 von jeder Farbe) eine Karte.

Wir bekommen bzw. bezahlen einen bestimmten Betrag, je nachdem welche Farbe die Karte hat, z.B. 4 Euro für Herz, 7 Euro für Karo, -5 Euro für Kreuz und -3 Euro für Pik.

Wenn wir ein As ziehen, bekommen wir zusätzlich 1 Euro.

# Zufallsvariable

## Beispiel

Wir ziehen aus einem Poker-Kartenspiel mit 52 Karten (13 von jeder Farbe) eine Karte.

Wir bekommen bzw. bezahlen einen bestimmten Betrag, je nachdem welche Farbe die Karte hat, z.B. 4 Euro für Herz, 7 Euro für Karo, -5 Euro für Kreuz und -3 Euro für Pik.

Wenn wir ein As ziehen, bekommen wir zusätzlich 1 Euro.

$$\Omega = \{\heartsuit A, \heartsuit K, \dots, \heartsuit 2, \diamondsuit A, \diamondsuit K, \dots, \diamondsuit 2, \clubsuit A, \clubsuit K, \dots, \clubsuit 2, \spadesuit A, \spadesuit K, \dots, \spadesuit 2\}.$$

$X$  sei der Geldbetrag den wir bekommen bzw. bezahlen.

# Zufallsvariable

## Beispiel

Wir ziehen aus einem Poker-Kartenspiel mit 52 Karten (13 von jeder Farbe) eine Karte.

Wir bekommen bzw. bezahlen einen bestimmten Betrag, je nachdem welche Farbe die Karte hat, z.B. 4 Euro für Herz, 7 Euro für Karo, -5 Euro für Kreuz und -3 Euro für Pik.

Wenn wir ein As ziehen, bekommen wir zusätzlich 1 Euro.

$$\Omega = \{\heartsuit A, \heartsuit K, \dots, \heartsuit 2, \diamondsuit A, \diamondsuit K, \dots, \diamondsuit 2, \clubsuit A, \clubsuit K, \dots, \clubsuit 2, \spadesuit A, \spadesuit K, \dots, \spadesuit 2\}.$$

$X$  sei der Geldbetrag den wir bekommen bzw. bezahlen.

$$W_X = \{-5, -4, -3, -2, 4, 5, 7, 8\}$$

$$\Pr[X = -3] = \Pr[\spadesuit K] + \dots + \Pr[\spadesuit 2] = 12/52 = 3/13$$

# Erwartungswert

## Definition

Für eine diskrete Zufallsvariable  $X$  ist der **Erwartungswert** definiert als

$$\mathbb{E}[X] := \sum_{x \in W_X} x \cdot \Pr[X = x] = \sum_{\omega \in \Omega} X(\omega) \cdot \Pr[\omega]$$

sofern  $\sum_{x \in W_X} |x| \cdot \Pr[X = x]$  konvergiert (absolute Konvergenz).

# Erwartungswert

## Definition

Für eine diskrete Zufallsvariable  $X$  ist der **Erwartungswert** definiert als

$$\mathbb{E}[X] := \sum_{x \in W_X} x \cdot \Pr[X = x] = \sum_{\omega \in \Omega} X(\omega) \cdot \Pr[\omega]$$

sofern  $\sum_{x \in W_X} |x| \cdot \Pr[X = x]$  konvergiert (absolute Konvergenz).

Bei endlicher Ereignismenge und gleichwahrscheinlichen Ereignissen entspricht der Erwartungswert dem **Durchschnitt**:

$$\mathbb{E}[X] = \sum_{x \in W_X} x \cdot \Pr[X = x] = \sum_{\omega \in \Omega} X(\omega) \cdot \frac{1}{|\Omega|} = \frac{1}{|\Omega|} \sum_{\omega \in \Omega} X(\omega)$$

# Erwartungswert

## Beispiel

(Beispiel wie zuvor)

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[X] &= 4 \cdot \frac{12}{52} + 5 \cdot \frac{1}{52} + 7 \cdot \frac{12}{52} + 8 \cdot \frac{1}{52} \\ &\quad + (-5) \cdot \frac{12}{52} + (-4) \cdot \frac{1}{52} + (-3) \cdot \frac{12}{52} + (-2) \cdot \frac{1}{52} = \frac{43}{52} \end{aligned}$$

Wir bekommen also im Erwartungswert  $\frac{43}{52}$  Euro pro gezogener Karte.



Grundlagen zu diskreter Wahrscheinlichkeitstheorie findet man z.B. in folgendem Buch:

Th. Schickinger, A. Steger  
**Diskrete Strukturen – Band 2**  
(Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik)  
Springer-Verlag, 2001.

# Erwartungswert

## Beispiel

Münze werfen, bis sie zum ersten Mal Kopf zeigt

Zufallsvariable  $k$ : Anzahl der Versuche

$k$  ungerade: Spieler bezahlt etwas an die Bank

$k$  gerade: Spieler bekommt etwas von der Bank

Zufallsvariable  $X$ : Gewinnbetrag der Bank

# Erwartungswert

## Beispiel

Münze werfen, bis sie zum ersten Mal Kopf zeigt

Zufallsvariable  $k$ : Anzahl der Versuche

$k$  ungerade: Spieler bezahlt etwas an die Bank

$k$  gerade: Spieler bekommt etwas von der Bank

Zufallsvariable  $X$ : Gewinnbetrag der Bank

Variante 1: Spieler bezahlt/bekommt  $k$  Euro

$\mathbb{E}[X]$  existiert (absolute Konvergenz)

Variante 2: Spieler bezahlt/bekommt  $2^k$  Euro

$\mathbb{E}[X]$  existiert nicht (keine Konvergenz)

Variante 3: Spieler bezahlt/bekommt  $\frac{2^k}{k}$  Euro

$\mathbb{E}[X]$  existiert nicht (Konvergenz, aber keine absolute)

# Erwartungswert zusammengesetzter Zufallsvariablen

Satz (Linearität des Erwartungswerts)

Für Zufallsvariablen  $X_1, \dots, X_n$  und

$$X := a_1 X_1 + \dots + a_n X_n$$

mit  $a_1, \dots, a_n \in \mathbb{R}$  gilt

$$\mathbb{E}[X] = a_1 \mathbb{E}[X_1] + \dots + a_n \mathbb{E}[X_n].$$

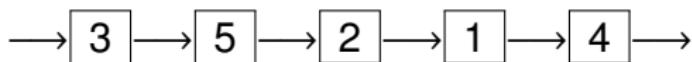
Interessant ist für uns vor allem der einfache Fall:

$$X := X_1 + \dots + X_n$$

mit

$$\mathbb{E}[X] = \mathbb{E}[X_1] + \dots + \mathbb{E}[X_n].$$

# Beispiel: Suche in statischer Liste

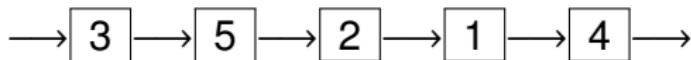


- gegeben: Liste mit Elementen  $1, \dots, m$
- $\text{search}(i)$ : lineare Suche nach Element  $i$  ab Listenanfang

$s_i$  Position von Element  $i$  in der Liste ( $1 \hat{=} \text{Anfang}$ )

$p_i$  Wahrscheinlichkeit für Zugriff auf Element  $i$

## Beispiel: Suche in statischer Liste



- gegeben: Liste mit Elementen  $1, \dots, m$
- $\text{search}(i)$ : lineare Suche nach Element  $i$  ab Listenanfang

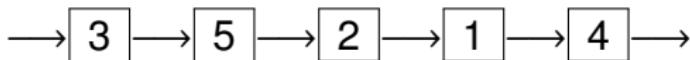
$s_i$  Position von Element  $i$  in der Liste ( $1 \hat{=} \text{Anfang}$ )

$p_i$  Wahrscheinlichkeit für Zugriff auf Element  $i$

Erwartete Laufzeit der Operation  $\text{search}(i)$  mit zufälligem  $i$ :

$$\mathbb{E}[T(\text{search}(i))] = O\left(\sum_i p_i s_i\right)$$

## Beispiel: Suche in statischer Liste



- gegeben: Liste mit Elementen  $1, \dots, m$
- $\text{search}(i)$ : lineare Suche nach Element  $i$  ab Listenanfang

$s_i$  Position von Element  $i$  in der Liste ( $1 \hat{=} \text{Anfang}$ )

$p_i$  Wahrscheinlichkeit für Zugriff auf Element  $i$

Erwartete Laufzeit der Operation  $\text{search}(i)$  mit zufälligem  $i$ :

$$\mathbb{E}[T(\text{search}(i))] = O\left(\sum_i p_i s_i\right)$$

Erwartete Laufzeit  $t(n)$  für  $n$  Zugriffe bei **statischer** Liste:

$$t(n) = \mathbb{E}[T(n \times \text{search}(i))] = n \cdot \mathbb{E}[T(\text{search}(i))] = O\left(n \sum_i p_i s_i\right)$$

# Beispiel: Suche in statischer Liste

## Optimale Anordnung?

⇒ wenn für alle Elemente  $i, j$  mit  $p_i > p_j$  gilt, dass  $s_i < s_j$ , d.h.  
die Elemente nach Zugriffswahrscheinlichkeit sortiert sind

o.B.d.A. seien die Indizes so, dass  $p_1 \geq p_2 \geq \dots \geq p_m$

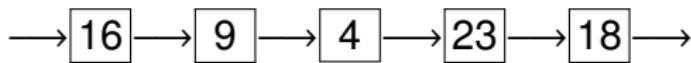
- Optimale Anordnung:  $s_i = i$
- Optimale erwartete Laufzeit:  $\text{opt} = \sum_i p_i \cdot i$

Einfach: wenn die Zugriffswahrscheinlichkeiten bekannt sind

⇒ optimale erwartete Laufzeit durch absteigende Sortierung nach  $p_i$

Problem: was wenn die Wahrscheinlichkeiten  $p_i$  unbekannt sind?

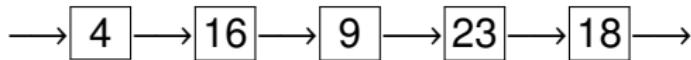
# Beispiel: Suche in selbstorganisierender Liste



Move-to-Front Rule:

Verschiebe nach jeder erfolgreichen Suche das gefundene Element an den Listenanfang

Bsp.: Ausführung von search(4) ergibt



# Beispiel: Suche in selbstorganisierender Liste

Erwartete Laufzeit  $t(n)$  bei **dynamischer** Liste:

$$\mathbb{E}[T(\text{search}(i))] = O\left(\sum_i p_i \cdot \mathbb{E}[s_i]\right)$$

## Satz

Ab dem Zeitpunkt, wo auf jedes Element mindestens einmal zugegriffen wurde, ist die erwartete Laufzeit der search-Operation unter Verwendung der **Move-to-Front** Rule höchstens  $2 \cdot \text{opt}$ .

# Beispiel: Suche in selbstorganisierender Liste

## Beweis.

Betrachte zwei feste Elemente  $i$  und  $j$

$t_0$  Zeitpunkt der letzten Suchoperation auf  $i$  oder  $j$

- bedingte Wahrscheinlichkeit:  $\Pr[A | B] = \frac{\Pr[A \wedge B]}{\Pr[B]}$
- $\Pr[C | (C \vee D)] = \frac{\Pr[C \wedge (C \vee D)]}{\Pr[C \vee D]} = \frac{\Pr[C]}{\Pr[C \vee D]}$
- $\Pr[\text{search}(j) \text{ bei } t_0 | \text{search}(i \vee j) \text{ bei } t_0] = \frac{p_j}{p_i + p_j}$
- mit Wsk.  $\frac{p_i}{p_i + p_j}$  steht  $i$  vor  $j$  und mit Wsk.  $\frac{p_j}{p_i + p_j}$  steht  $j$  vor  $i$

# Beispiel: Suche in selbstorganisierender Liste

## Beweis.

Betrachte nun nur ein festes Element  $i$

- Definiere Zufallsvariablen  $X_j \in \{0, 1\}$  für  $j \neq i$ :

$$X_j = 1 \Leftrightarrow j \text{ vor } i \text{ in der Liste}$$

- Erwartungswert:

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[X_j] &= 0 \cdot \Pr[X_j = 0] + 1 \cdot \Pr[X_j = 1] \\ &= \Pr[\text{letzte Suche nach } i / j \text{ war nach } j] \\ &= \frac{p_j}{p_i + p_j}\end{aligned}$$

# Beispiel: Suche in selbstorganisierender Liste

Beweis.

- Listenposition von Element  $i$ :  $1 + \sum_{j \neq i} X_j$
- Erwartungswert der Listenposition von Element  $i$ :

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[s_i] &= \mathbb{E}\left[1 + \sum_{j \neq i} X_j\right] \\ &= 1 + \mathbb{E}\left[\sum_{j \neq i} X_j\right] = 1 + \sum_{j \neq i} \mathbb{E}[X_j]\end{aligned}$$

$$\mathbb{E}[s_{i, \text{MTF}}] = 1 + \sum_{j \neq i} \frac{p_j}{p_i + p_j}$$

# Beispiel: Suche in selbstorganisierender Liste

Beweis.

Erwartete Laufzeit der search-Operation:

$$\begin{aligned}
 \mathbb{E}[T_{\text{MTF}}] &= \sum_i p_i \left( 1 + \sum_{j \neq i} \frac{p_j}{p_i + p_j} \right) \\
 &= \sum_i \left( p_i + \sum_{j \neq i} \frac{p_i p_j}{p_i + p_j} \right) = \sum_i \left( p_i + 2 \sum_{j < i} \frac{p_i p_j}{p_i + p_j} \right) \\
 &= \sum_i p_i \left( 1 + 2 \sum_{j < i} \frac{p_j}{p_i + p_j} \right) \leq \sum_i p_i \left( 1 + 2 \sum_{j < i} 1 \right) \\
 &\leq \sum_i p_i \cdot (2i - 1) < \sum_i p_i \cdot 2i = 2 \cdot \text{opt}
 \end{aligned}$$

□

# Sequenzen

Sequenz: lineare Struktur

$$s = \langle e_0, \dots, e_{n-1} \rangle$$

(Gegensatz: verzweigte Struktur in Graphen, fehlende Struktur in Hashtab.)

Klassische Repräsentation:

- (Statisches) Feld / Array:  
**direkter** Zugriff über  $s[i]$ 
  - Vorteil: Zugriff über Index, homogen im Speicher
  - Nachteil: dynamische Größenänderung schwierig
- Liste:  
**indirekter** Zugriff über Nachfolger / Vorgänger
  - Vorteil: Einfügen / Löschen von Teilsequenzen
  - Nachteil: kein Zugriff per Index, Elemente über Speicher verteilt

# Sequenzen

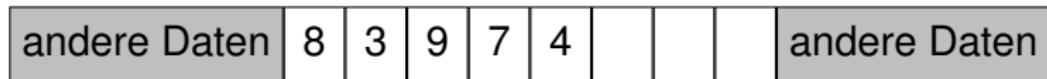
## Operationen:

- $\langle e_0, \dots, e_{n-1} \rangle[i]$  liefert Referenz auf  $e_i$
- $\langle e_0, \dots, e_{n-1} \rangle.\text{get}(i) = e_i$
- $\langle e_0, \dots, e_{i-1}, e_i, \dots, e_{n-1} \rangle.\text{set}(i, e) = \langle e_0, \dots, e_{i-1}, e, \dots, e_{n-1} \rangle$
- $\langle e_0, \dots, e_{n-1} \rangle.\text{pushBack}(e) = \langle e_0, \dots, e_{n-1}, e \rangle$
- $\langle e_0, \dots, e_{n-1} \rangle.\text{popBack}() = \langle e_0, \dots, e_{n-2} \rangle$
- $\langle e_0, \dots, e_{n-1} \rangle.\text{size}() = n$

# Sequenz als Feld

Problem: beschränkter Speicher

- Feld:



- pushBack(1), pushBack(5), pushBack(2):



- pushBack(6): **voll!**

# Sequenz als Feld

Problem:

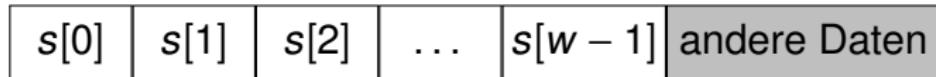
- Beim Anlegen des Felds ist nicht bekannt, wieviele Elemente es enthalten wird
- Nur Anlegen von **statischen** Feldern möglich  
( $s = \text{new ElementTyp}[w]$ )

Lösung: Datenstruktur für **dynamisches** Feld

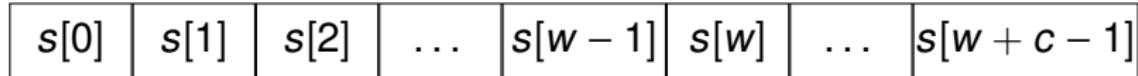
# Dynamisches Feld

Erste Idee:

- Immer dann, wenn Feld  $s$  nicht mehr ausreicht:  
generiere neues Feld der Größe  $w + c$  für ein festes  $c$



↓ Kopieren in neues größeres Feld



# Dynamisches Feld

Zeitaufwand für Erweiterung:  $\Theta(w)$

|        |        |        |         |            |              |
|--------|--------|--------|---------|------------|--------------|
| $s[0]$ | $s[1]$ | $s[2]$ | $\dots$ | $s[w - 1]$ | andere Daten |
|--------|--------|--------|---------|------------|--------------|

⇓ Kopieren in neues größeres Feld

|        |        |        |         |            |        |         |                |
|--------|--------|--------|---------|------------|--------|---------|----------------|
| $s[0]$ | $s[1]$ | $s[2]$ | $\dots$ | $s[w - 1]$ | $s[w]$ | $\dots$ | $s[w + c - 1]$ |
|--------|--------|--------|---------|------------|--------|---------|----------------|

Zeitaufwand für  $n$  pushBack Operationen:

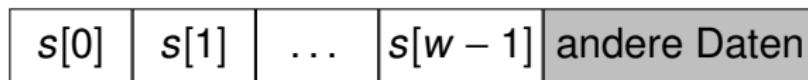
- Aufwand von  $\Theta(w)$  nach jeweils  $c$  Operationen (wobei  $w$  immer größer wird)
- Gesamtaufwand:

$$\Theta\left(\sum_{i=1}^{n/c} c \cdot i\right) = \Theta(n^2)$$

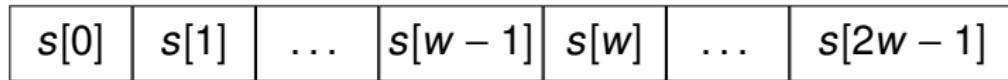
# Dynamisches Feld

Bessere Idee:

- Immer dann, wenn Feld  $s$  nicht mehr ausreicht:  
generiere neues Feld der **doppelten Größe  $2w$**



↓ **Kopieren** in neues größeres Feld



- Immer dann, wenn Feld  $s$  zu groß ist ( $n \leq w/4$ ):  
generiere neues Feld der **halben Größe  $w/2$**

# Dynamisches Feld

## Implementierung

Klasse **UArray** mit den Methoden:

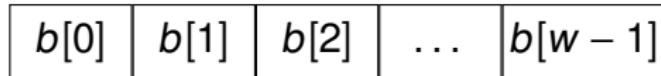
- ElementTyp **get**(int i)
  - **set**(int i, ElementTyp e)
  - int **size()**
  - void **pushBack**(ElementTyp e)
  - void **popBack()**
  - void **reallocate**(int new\_w)
- 
- ElementTyp& [int i]  
auch möglich, aber Referenz nur bis zur nächsten  
Größenänderung des Felds gültig

# Dynamisches Feld

## Implementierung

Klasse **UArray** mit den Elementen:

- $\beta = 2$  // Wachstumsfaktor
- $\alpha = 4$  // max. Speicheroverhead
- $w = 1$  // momentane Feldgröße
- $n = 0$  // momentane Elementanzahl
- $b = \text{new ElementTyp}[w]$  // statisches Feld



# Dynamisches Feld

## Implementierung

```
ElementTyp get(int i) {  
    assert(0≤i<n);  
    return b[i];  
}  
  
set(int i, ElementTyp e) {  
    assert(0≤i<n);  
    b[i] = e;  
}  
  
int size() {  
    return n;  
}
```

# Dynamisches Feld

## Implementierung

```
void pushBack(ElementTyp e) {  
    if (n==w)  
        reallocate( $\beta^*n$ );  
    b[n]=e;  
    n++;  
}
```

$n=4, w=4$

|   |   |   |   |
|---|---|---|---|
| 0 | 1 | 2 | 3 |
|---|---|---|---|

|   |   |   |   |  |  |  |  |
|---|---|---|---|--|--|--|--|
| 0 | 1 | 2 | 3 |  |  |  |  |
|---|---|---|---|--|--|--|--|

|   |   |   |   |   |  |  |  |
|---|---|---|---|---|--|--|--|
| 0 | 1 | 2 | 3 | e |  |  |  |
|---|---|---|---|---|--|--|--|

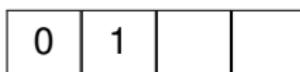
$n=5, w=8$

# Dynamisches Feld

## Implementierung

```
void popBack() {  
    assert(n>0);  
    n--;  
    if ( $\alpha^*n \leq w \wedge n > 0$ )  
        reallocate( $\beta^*n$ );  
}
```

$n=3, w=8$



$n=2, w=4$

# Dynamisches Feld

## Implementierung

```
void reallocate(int new_w) {  
    w = new_w;  
    ElementTyp[ ] new_b = new ElementTyp[new_w];  
    for (i=0; i<n; i++)  
        new_b[i] = b[i];  
    b = new_b;  
}
```

# Dynamisches Feld

Wieviel Zeit kostet eine Folge von  $n$  pushBack-/popBack-Operationen?

Erste Idee:

- einzelne Operation kostet  $O(n)$
  - Schranke kann nicht weiter gesenkt werden, denn  
realloc-Aufrufe kosten jeweils  $\Theta(n)$
- ⇒ also Gesamtkosten für  $n$  Operationen beschränkt durch  
 $n \cdot O(n) = O(n^2)$

# Dynamisches Feld

Wieviel Zeit kostet eine Folge von  $n$  pushBack-/popBack-Operationen?

Zweite Idee:

- betrachtete Operationen sollen direkt aufeinander folgen
  - zwischen Operationen mit reallocat-Aufruf gibt es immer auch welche ohne
- ⇒ vielleicht ergibt sich damit gar nicht die  $n$ -fache Laufzeit einer Einzeloperation

# Dynamisches Feld

Wieviel Zeit kostet eine Folge von  $n$  pushBack-/popBack-Operationen?

Zweite Idee:

- betrachtete Operationen sollen direkt aufeinander folgen
  - zwischen Operationen mit reallocat-Aufruf gibt es immer auch welche ohne
- ⇒ vielleicht ergibt sich damit gar nicht die  $n$ -fache Laufzeit einer Einzeloperation

## Lemma

Betrachte ein anfangs leeres dynamisches Feld  $s$ .

Jede Folge  $\sigma = \langle \sigma_1, \dots, \sigma_n \rangle$  von pushBack- und popBack-Operationen auf  $s$  kann in Zeit  $O(n)$  bearbeitet werden.

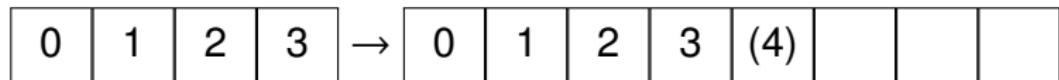
# Dynamisches Feld

⇒ nur **durchschnittlich konstante Laufzeit pro Operation**

- Kosten teurer Operationen werden mit Kosten billiger Operationen verrechnet.
- Man nennt das dann **amortisierte Kosten** bzw. amortisierte Analyse.
- In diesem Beispiel hätten wir also eine amortisierte Laufzeit von  $O(1)$  für die pushBack- und die popBack-Operation.

# Dynamisches Feld: Analyse

- Feldverdopplung:



- Feldhalbierung:



- nächste Verdopplung: nach  $\geq n$  pushBack-Operationen
- nächste Halbierung: nach  $\geq n/2$  popBack-Operationen

# Dynamisches Feld: Analyse

## Formale Verrechnung: Zeugenzuordnung

- `realloc` kann eine Vergrößerung oder Verkleinerung sein
  - `realloc` als Vergrößerung auf  $n$  Speicherelemente:  
es werden die  $n/2$  vorangegangenen `pushBack`-Operationen zugeordnet
  - `realloc` als Verkleinerung auf  $n$  Speicherelemente:  
es werden die  $n$  vorangegangenen `popBack`-Operationen zugeordnet
- ⇒ kein `pushBack`/`popBack` wird mehr als einmal zugeordnet

# Dynamisches Feld: Analyse

- Idee: verrechne `realloc`-Kosten mit `pushBack`/`popBack`-Kosten (ohne `realloc`)
  - ▶ Kosten für `pushBack` / `popBack`:  $O(1)$
  - ▶ Kosten für `realloc(k*n)`:  $O(n)$
- Konkret:
  - ▶  $\Theta(n)$  Zeugen pro `realloc(k*n)`
  - ▶ verteile  $O(n)$ -Aufwand gleichmäßig auf die Zeugen
- Gesamtaufwand:  $O(m)$  bei  $m$  Operationen

# Dynamisches Feld: Analyse

## Kontenmethode

- günstige Operationen zahlen Tokens ein
- teure Operationen entnehmen Tokens
- Tokenkonto darf **nie negativ** werden!

# Dynamisches Feld: Analyse

## Kontenmethode

- günstige Operationen zählen Tokens ein
  - ▶ pro pushBack **2** Tokens
  - ▶ pro popBack **1** Token
- teure Operationen entnehmen Tokens
  - ▶ pro realloc(k\*n) **-n** Tokens
- Tokenkonto darf nie negativ werden!
  - ▶ Nachweis über Zeugenargument

# Dynamisches Feld: Analyse

Tokenlaufzeit (Reale Kosten + Ein-/Auszahlungen)

- Ausführung von pushBack / popBack kostet 1 Token
  - ▶ Tokenkosten für pushBack:  $1+2=3$  Tokens
  - ▶ Tokenkosten für popBack:  $1+1=2$  Tokens
- Ausführung von `realloc(k*n)` kostet  $n$  Tokens
  - ▶ Tokenkosten für `realloc(k*n)`:  $n-n=0$  Tokens

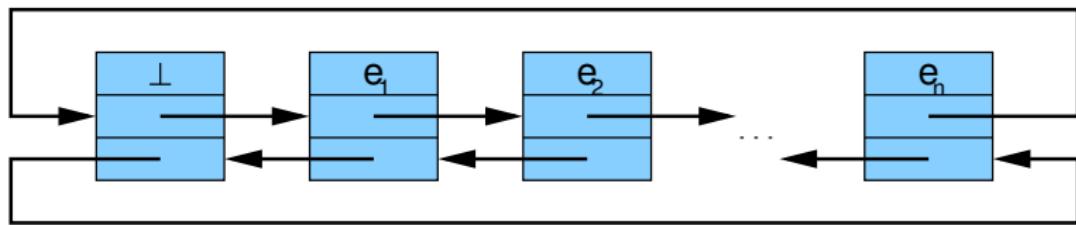


- Gesamlaufzeit =  $O(\text{Summe der Tokenlaufzeiten})$

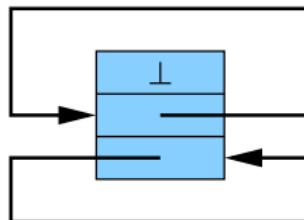
# Doppelt verkettete Liste

Einfache Verwaltung:

durch **Dummy**-Element  $h$  ohne Inhalt ( $\perp$ ):



Anfangs:



# Doppelt verkettete Liste

```
type Handle: Item<Elem>;
```

```
type Item<Elem> {
```

```
    Elem e;
```

```
    Handle next;
```

```
    Handle prev;
```

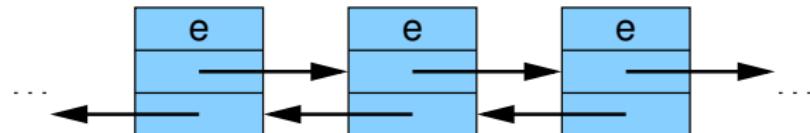
```
}
```

```
class List<Elem> {
```

```
    Item<Elem> h; // initialisiert mit ⊥ und Zeigern auf sich selbst
```

```
    ... weitere Variablen und Methoden ...
```

```
}
```



## Invariante:

`next.prev == prev.next == this`

# Doppelt verkettete Liste

Zentrale statische Methode: **splice**(Handle **a**, Handle **b**, Handle **t**)

- Bedingung:
  - $\langle a, \dots, b \rangle$  muss Teilsequenz sein ( $a=b$  erlaubt)
  - $b$  nicht vor  $a$  (also Dummy  $h$  nicht zwischen  $a$  und  $b$ )
  - $t$  nicht in Teilliste  $\langle a, \dots, b \rangle$ , aber evtl. in anderer Liste
- **splice** entfernt  $\langle a, \dots, b \rangle$  aus der Sequenz und fügt sie hinter Item  $t$  an

Für

$$\langle e_1, \dots, a', \textcolor{red}{a}, \dots, b, b', \dots, t, t', \dots, e_n \rangle$$

liefert **splice(a,b,t)**

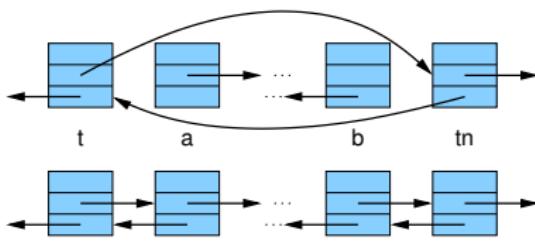
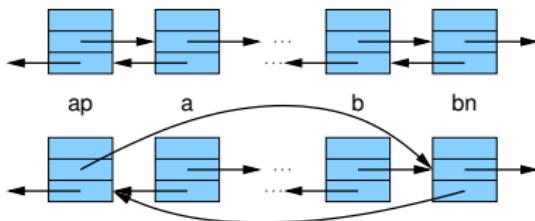
$$\langle e_1, \dots, a', b', \dots, t, \textcolor{red}{a}, \dots, b, t', \dots, e_n \rangle$$

# Doppelt verkettete Liste

## Methoden

```
(static) splice(Handle a, b, t) {
    // schneide <a, ..., b> heraus
    Handle ap = a.prev;
    Handle bn = b.next;
    ap.next = bn;
    bn.prev = ap;

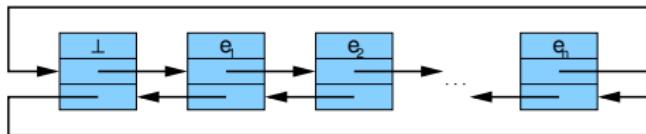
    // füge <a, ..., b> hinter t ein
    Handle tn = t.next;
    b.next = tn;
    a.prev = t;
    t.next = a;
    tn.prev = b;
}
```



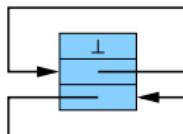
# Doppelt verkettete Liste

## Methoden

```
Handle head() {
    return h;
}
```



```
boolean isEmpty() {
    return (h.next == head());
}
```

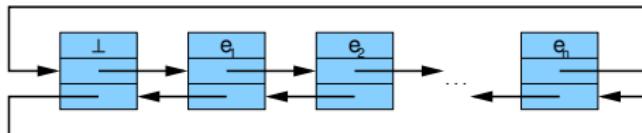


```
Handle first() {
    return h.next;           // evt. h
}
```

```
Handle last() {
    return h.prev;          // evt. h
}
```

# Doppelt verkettete Liste

## Methoden



```
(static) moveAfter (Handle b, Handle a) {  
    splice(b, b, a);      // schiebe b hinter a  
}
```

```
moveToFront (Handle b) {  
    moveAfter(b, head());    // schiebe b ganz nach vorn  
}
```

```
moveToBack (Handle b) {  
    moveAfter(b, last());    // schiebe b ganz nach hinten  
}
```

# Doppelt verkettete Liste

## Methoden

Löschen und Einfügen von Elementen:

mittels separater Liste **freeList**

⇒ bessere Laufzeit (Speicherallokation teuer)

```
(static) remove(Handle b) {  
    moveAfter(b, freeList.head());  
}
```

```
popFront() {  
    remove(first());  
}
```

```
popBack() {  
    remove(last());  
}
```

# Doppelt verkettete Liste

## Methoden

```
(static) Handle insertAfter(Elem x, Handle a) {  
    checkFreeList();      // u.U. Speicher allokieren  
    Handle b = freeList.first();  
    moveAfter(b, a);  
    b.e = x;  
    return b;  
}
```

```
(static) Handle insertBefore(Elem x, Handle b) {  
    return insertAfter(x, b.prev);  
}
```

**pushFront**(Elem x) { insertAfter(x, head()); }

**pushBack**(Elem x) { insertAfter(x, last()); }

# Doppelt verkettete Liste

Manipulation ganzer Listen:

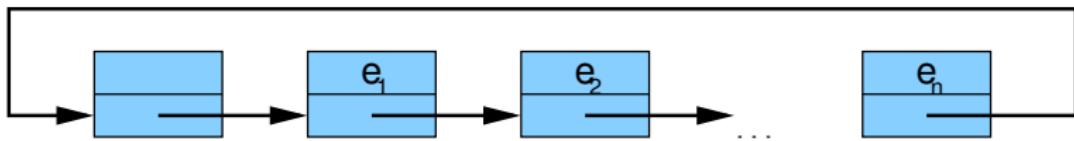
Trick: verwende Dummy-Element

```
Handle findNext(Elem x, Handle from) {  
    h.e = x;  
    while (from.e != x)  
        from = from.next;  
    [h.e = ⊥;]  
    return from;  
}
```

# Einfach verkettete Liste

```
type SHandle: SItem<Elem>;
```

```
type SItem<Elem> {
    Elem e;
    SHandle next;
}
```

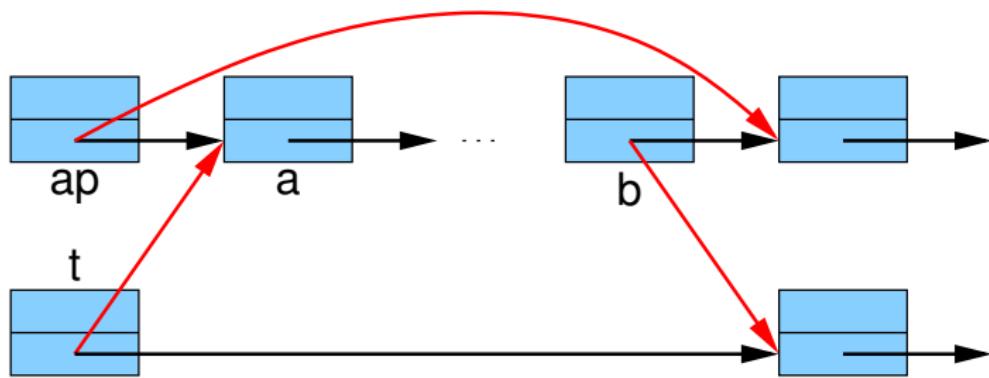


```
class SList<Elem> {
    SItem<Elem> h;
    ... weitere Variablen und Methoden ...
}
```

# Einfach verkettete Liste

```
(static) splice(SHandle ap, SHandle b, SHandle t) {  
    SHandle a = ap.next;  
    ap.next = b.next;  
    b.next = t.next;  
    t.next = a;  
}
```

Wir brauchen hier den Vorgänger ap von a!



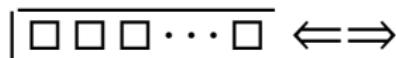
# Einfach verkettete Liste

- `findNext` sollte evt. auch nicht den nächsten Treffer, sondern dessen **Vorgänger** liefern  
(damit man das gefundene SItem auch löschen kann, Suche könnte dementsprechend erst beim Nachfolger des gegebenen SItems starten)
- auch einige andere Methoden brauchen ein modifiziertes Interface
- sinnvoll: Pointer zum letzten Item  
⇒ `pushBack` in  $O(1)$

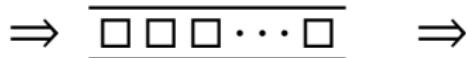
# Stacks und Queues

Grundlegende sequenzbasierte Datenstrukturen:

- Stack (Stapel)



- (FIFO-)Queue (Schlange)



- Deque (double-ended queue)



# Stacks und Queues

Stack-Methoden:

- pushBack (bzw. push)
- popBack (bzw. pop)
- last (bzw. top)

Queue-Methoden:

- pushBack
- popFront
- first

# Stacks und Queues

Warum spezielle Sequenz-Typen betrachten, wenn wir mit der bekannten Datenstruktur für Listen schon alle benötigten Operationen in  $O(1)$  haben?

- Programme werden **lesbarer** und **einfacher zu debuggen**, wenn spezialisierte Zugriffsmuster explizit gemacht werden.
- Einfachere Interfaces erlauben eine größere Breite von konkreten Implementationen (hier z.B. **platzsparendere** als Listen).
- Listen sind ungünstig, wenn die Operationen auf dem Sekundärspeicher (Festplatte) ausgeführt werden.

Sequentielle Zugriffsmuster können bei entsprechender Implementation (hier z.B. als Arrays) stark vom **Cache** profitieren.

# Stacks und Queues

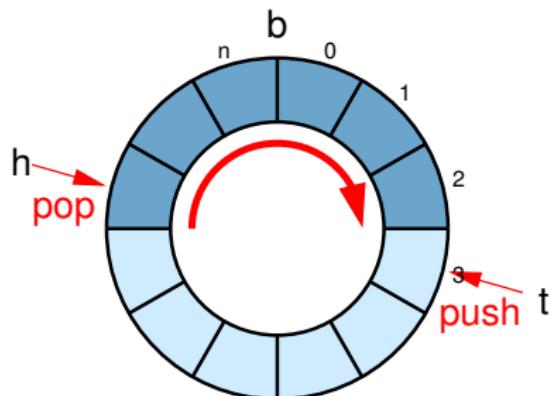
Spezielle Umsetzungen:

- Stacks mit beschränkter Größe  $\Rightarrow$  Bounded Arrays
- Stacks mit unbeschränkter Größe  $\Rightarrow$  Unbounded Arrays
- oder: Stacks als einfach verkettete Listen  
(top of stack = front of list)
- (FIFO-)Queues: einfach verkettete Listen mit Zeiger auf letztes Element (eingefügt wird am Listenende, entnommen am Listenanfang, denn beim Entnehmen muss der Nachfolger bestimmt werden)
- Deques  $\Rightarrow$  doppelt verkettete Listen  
(einfach verkettete reichen nicht)

# Beschränkte Queues

```
class BoundedFIFO<Elem> {
    const int n; // Maximale Anzahl
    Elem[n+1] b;
    int h=0;      // erstes Element
    int t=0;      // erster freier Eintrag
}
```

- Queue besteht aus den Feldelementen  $h \dots t-1$
- Es bleibt immer mindestens ein Feldelement frei (zur Unterscheidung zwischen voller und leerer Queue)



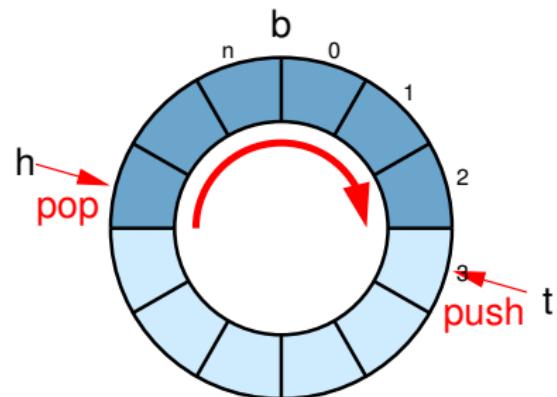
# Beschränkte Queues

## Methoden

```
boolean isEmpty() {  
    return (h==t);  
}
```

```
Elem first() {  
    assert(!isEmpty());  
    return b[h];  
}
```

```
int size() {  
    return (t-h+n+1)%(n+1);  
}
```



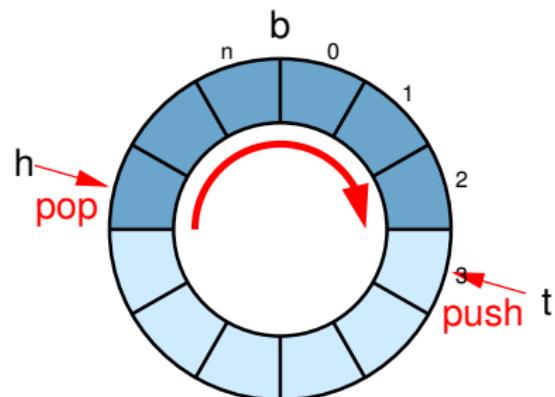
# Beschränkte Queues

## Methoden

```
pushBack(Elem x) {
    assert(size()<n);
    b[t]=x;
    t=(t+1)% (n+1);
}
```

```
popFront() {
    assert(!isEmpty());
    h=(h+1)% (n+1);
}
```

```
int size() {
    return (t-h+n+1)% (n+1);
}
```



# Beschränkte Queues

- Struktur kann auch als **Deque** verwendet werden
- Zirkuläre Arrays erlauben auch den indexierten Zugriff:

```
Elem Operator [int i] {
    return b[(h+i)%(n+1)];
}
```
- Bounded Queues / Deques können genauso zu **Unbounded Queues / Deques** erweitert werden wie Bounded Arrays zu Unbounded Arrays

# Sortierte Sequenz

S: sortierte Sequenz

Jedes Element e identifiziert über **key(e)**

Operationen:

- $\langle e_1, \dots, e_n \rangle.\text{insert}(e) = \langle e_1, \dots, e_i, e, e_{i+1}, \dots, e_n \rangle$   
für das  $i$  mit  $\text{key}(e_i) < \text{key}(e) < \text{key}(e_{i+1})$
- $\langle e_1, \dots, e_n \rangle.\text{remove}(k) = \langle e_1, \dots, e_{i-1}, e_{i+1}, \dots, e_n \rangle$   
für das  $i$  mit  $\text{key}(e_i) = k$
- $\langle e_1, \dots, e_n \rangle.\text{find}(k) = e_i$   
für das  $i$  mit  $\text{key}(e_i) = k$

# Sortierte Sequenz

Problem:

Aufrechterhaltung der Sortierung nach jeder Einfügung / Löschung



insert(5)



remove(14)



# Sortierte Sequenz

## Realisierung als Liste

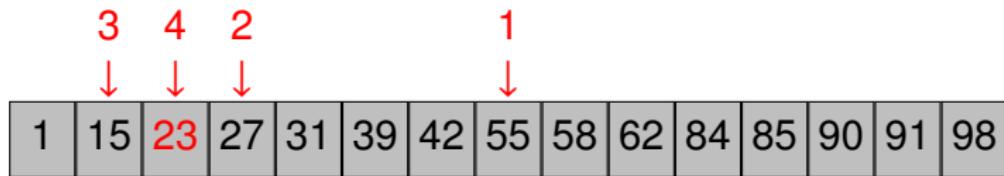
- insert und remove kosten zwar eigentlich nur konstante Zeit, müssen aber wie find zunächst die richtige Position finden
- find auf Sequenz der Länge  $n$  kostet  $O(n)$  Zeit, damit ebenso insert und remove

## Realisierung als Feld

- find kann mit binärer Suche in Zeit  $O(\log n)$  realisiert werden
- insert und remove kosten  $O(n)$  Zeit für das Verschieben der nachfolgenden Elemente

# Binäre Suche

find(23):



In einer sortierten Sequenz mit  $n$  Elementen kann ein beliebiges Element mit  $O(\log n)$  verglichen werden.

# Assoziative Arrays / Wörterbücher

- Assoziatives Array / Wörterbuch (dictionary)  $S$ : speichert eine Menge von Elementen
- Element  $e$  wird identifiziert über eindeutigen Schlüssel  $\text{key}(e)$

Operationen:

- $S.\text{insert}(\text{Elem } e)$ :  $S := S \cup \{e\}$
- $S.\text{remove}(\text{Key } k)$ :  $S := S \setminus \{e\}$ , wobei  $e$  das Element mit  $\text{key}(e) = k$  ist
- $S.\text{find}(\text{Key } k)$ : gibt das Element  $e \in S$  mit  $\text{key}(e) = k$  zurück, falls es existiert, sonst  $\perp$  (entspricht Array-Indexoperator [ ], daher der Name)

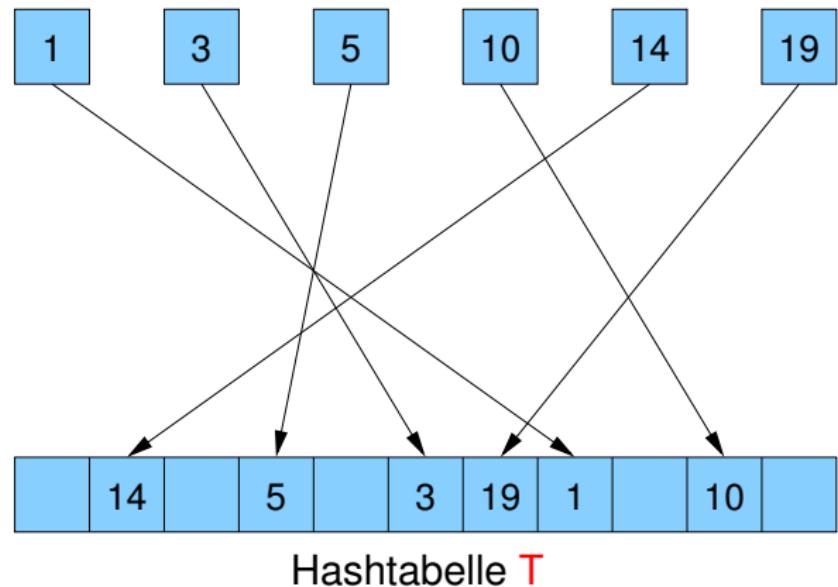
# Hashfunktion und Hashtabelle

Hashfunktion  $h$  :

Key  $\mapsto \{0, \dots, m - 1\}$

$|Key| = N$

gespeicherte  
Elemente:  $n$



# Hashfunktion

Anforderungen:

- schneller Zugriff (Zeiteffizienz)
  - platzsparend (Speichereffizienz)  
(z.B. surjektive Abbildung möglicher Schlüssel auf die Adressen)
  - **gute Streuung** bzw. Verteilung der Elemente  
über die ganze Tabelle
  - Idealfall: Element e direkt in Tabelleneintrag  $t[h(\text{key}(e))]$
- ⇒ find, insert und remove in **konstanter Zeit**  
(genauer: plus Zeit für Berechnung der Hashfunktion)

# Hashing

Annahme: perfekte Streuung

```
insert(Elem e) {  
    T[h(key(e))] = e;  
}
```

```
remove(Key k) {  
    T[h(k)] = null;  
}
```

```
Elem find(Key k) {  
    return T[h(k)];  
}
```

statisches Wörterbuch: nur find

dynamisches Wörterbuch: insert, remove und find

# Kollisionen

In der Praxis:

- perfekte Zuordnung zwischen den gespeicherten Schlüsseln und den Adressen der Tabelle nur bei statischem Array möglich
- leere Tabelleneinträge
- Schlüssel mit gleicher Adresse (Kollisionen)

Wie wahrscheinlich ist eine Kollision?

- Geburtstagsparadoxon: In einer Menge von 23 zufällig ausgewählten Personen gibt es mit Wahrscheinlichkeit  $> 50\%$  zwei Leute, die am gleichen Tag Geburtstag feiern.
- Bei zufälliger Abbildung von 23 Schlüsseln auf die Adressen einer Hashtabelle der Größe 365 gibt es mit Wahrscheinlichkeit  $> 50\%$  eine Kollision.

# Wahrscheinlichkeit von Kollisionen

- Hilfsmittel:  $\forall x \in \mathbb{R} : 1 + x \leq \sum_{i=0}^{\infty} \frac{x^i}{i!} = e^x$   
 $\Rightarrow \forall x \in \mathbb{R} : \ln(1 + x) \leq x \quad (\text{da } \ln(x) \text{ monoton wachsend ist})$
- $\Pr[\text{keine Kollision beim } i\text{-ten Schlüssel}] = \frac{m-(i-1)}{m}$  für  $i \in [1 \dots n]$

$$\begin{aligned}\Pr[\text{keine Kollision}] &= \prod_{i=1}^n \frac{m - (i - 1)}{m} = \prod_{i=0}^{n-1} \left(1 - \frac{i}{m}\right) \\ &= e^{\left[\sum_{i=0}^{n-1} \ln\left(1 - \frac{i}{m}\right)\right]} \leq e^{\left[\sum_{i=0}^{n-1} \left(-\frac{i}{m}\right)\right]} = e^{-\frac{n(n-1)}{2m}}\end{aligned}$$

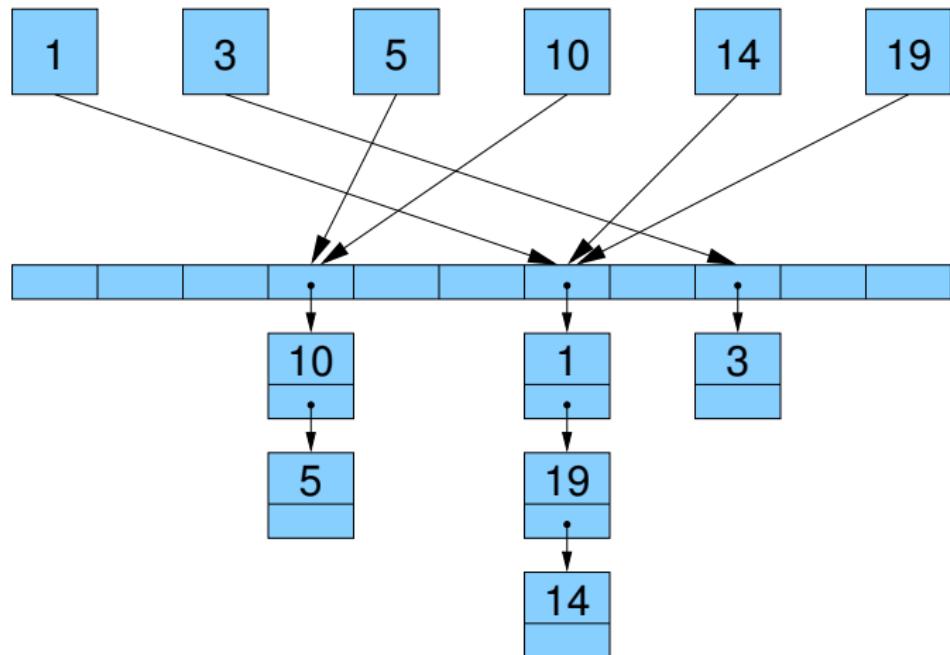
(da  $e^x$  monoton wachsend ist)

- ⇒ Bei gleichverteilt zufälliger Hashposition für jeden Schlüssel tritt für  $n \in \omega(\sqrt{m})$  mit Wahrscheinlichkeit  $1 - o(1)$  mindestens eine Kollision auf.

# Dynamisches Wörterbuch

Hashing with Chaining:

Feld von  
Listen  
oder  
Zeigern



unsortierte verkettete Listen  
(Ziel: Listen möglichst kurz)

# Dynamisches Wörterbuch

Hashing with **Chaining**:

```
List<Elem>[m] T;
```

```
insert(Elem e) {
    T[h(key(e))].insert(e);
}
```

```
remove(Key k) {
    T[h(k)].remove(k);
}
```

```
find(Key k) {
    T[h(k)].find(k);
}
```

# Hashing with Chaining

- Platzverbrauch:  $O(n + m)$
  - insert benötigt konstante Zeit
  - remove und find müssen u.U. eine ganze Liste scannen
  - im worst case sind alle Elemente in dieser Liste
- ⇒ im **worst case** ist Hashing with chaining nicht besser als eine normale Liste

# Hashing with Chaining

Gibt es Hashfunktionen, die garantieren, dass alle Listen kurz sind?

- nein, für jede Hashfunktion gibt es eine Adresse, der mindestens  $N/m$  mögliche Schlüssel zugeordnet sind  
(erweitertes Schubfachprinzip / pigeonhole principle)
- Meistens ist  $n < N/m$  (weil  $N$  riesig ist).
- In diesem Fall kann die Suche zum Scan aller Elemente entarten.

⇒ Auswege

- Average-case-Analyse
- Randomisierung
- Änderung des Algorithmus  
(z.B. Hashfunktion abhängig von aktuellen Schlüsseln)

# Hashing with Chaining

Betrachte als Hashfunktionsmenge die Menge aller Funktionen, die die Schlüsselmenge (mit Kardinalität  $N$ ) auf die Zahlen  $0, \dots, m - 1$  abbilden.

## Satz

Falls  $n$  Elemente in einer Hashtabelle der Größe  $m$  mittels einer zufälligen Hashfunktion gespeichert werden, dann ist die erwartete Laufzeit von *remove* bzw. *find* in  $O(1 + n/m)$ .

Unrealistisch: es gibt  $m^N$  solche Funktionen und man braucht  $\log_2(m^N) = N \log_2 m$  Bits, um eine Funktion zu spezifizieren.

⇒ widerspricht dem Ziel, den Speicherverbrauch von  $N$  auf  $n$  zu senken!

# Hashing with Chaining

## Beweis.

- Betrachte feste Position  $i = h(k)$  bei  $\text{remove}(k)$  oder  $\text{find}(k)$
- Laufzeit ist Konstante plus Zeit für Scan der Liste  
also  $O(1 + \mathbb{E}[X])$ , wobei  $X$  Zufallsvariable für Länge von  $T[i]$

# Hashing with Chaining

## Beweis.

- Betrachte feste Position  $i = h(k)$  bei  $\text{remove}(k)$  oder  $\text{find}(k)$
- Laufzeit ist Konstante plus Zeit für Scan der Liste  
also  $O(1 + \mathbb{E}[X])$ , wobei  $X$  Zufallsvariable für Länge von  $T[i]$
- Zufallsvariable  $X_e \in \{0, 1\}$  für jedes  $e \in S$
- $X_e = 1 \Leftrightarrow h(\text{key}(e)) = i$
- Listenlänge  $X = \sum_{e \in S} X_e$

# Hashing with Chaining

Beweis.

- Betrachte feste Position  $i = h(k)$  bei  $\text{remove}(k)$  oder  $\text{find}(k)$
- Laufzeit ist Konstante plus Zeit für Scan der Liste  
also  $O(1 + \mathbb{E}[X])$ , wobei  $X$  Zufallsvariable für Länge von  $T[i]$
- Zufallsvariable  $X_e \in \{0, 1\}$  für jedes  $e \in S$
- $X_e = 1 \Leftrightarrow h(\text{key}(e)) = i$
- Listenlänge  $X = \sum_{e \in S} X_e$
- Erwartete Listenlänge  $\mathbb{E}[X]$

$$\begin{aligned}
 &= \mathbb{E}\left[\sum_{e \in S} X_e\right] = \sum_{e \in S} \mathbb{E}[X_e] = \sum_{e \in S} 0 \cdot \Pr[X_e = 0] + 1 \cdot \Pr[X_e = 1] \\
 &= \sum_{e \in S} \Pr[X_e = 1] = \sum_{e \in S} 1/m = n/m
 \end{aligned}$$

□

# c-universelle Familien von Hashfunktionen

Wie konstruiert man zufällige Hashfunktionen?

## Definition

Sei  $c$  eine positive Konstante.

Eine Familie  $H$  von Hashfunktionen auf  $\{0, \dots, m - 1\}$  heißt **c-universell**, falls für jedes Paar  $x \neq y$  von Schlüsseln gilt, dass

$$\left| \{h \in H : h(x) = h(y)\} \right| \leq \frac{c}{m} |H|.$$

# c-universelle Familien von Hashfunktionen

Wie konstruiert man zufällige Hashfunktionen?

## Definition

Sei  $c$  eine positive Konstante.

Eine Familie  $H$  von Hashfunktionen auf  $\{0, \dots, m-1\}$  heißt **c-universell**, falls für jedes Paar  $x \neq y$  von Schlüsseln gilt, dass

$$\left| \{h \in H : h(x) = h(y)\} \right| \leq \frac{c}{m} |H|.$$

D.h. bei zufälliger Auswahl der Hashfunktion  $h \in H$  gilt

$$\forall \{x, y\}_{(x \neq y)} : \Pr[h(x) = h(y)] \leq \frac{c}{m}$$

1-universelle Familien nennt man **universell**.

# c-Universal Hashing with Chaining

## Satz

Falls  $n$  Elemente in einer Hashtabelle der Größe  $m$  mittels einer zufälligen Hashfunktion  $h$  aus einer  **$c$ -universellen** Familie gespeichert werden, dann ist die erwartete Laufzeit von *remove* bzw. *find* in  $O(1 + c \cdot n/m)$ .

# c-Universal Hashing with Chaining

## Satz

Falls  $n$  Elemente in einer Hashtabelle der Größe  $m$  mittels einer zufälligen Hashfunktion  $h$  aus einer  **$c$ -universellen** Familie gespeichert werden, dann ist die erwartete Laufzeit von *remove* bzw. *find* in  $O(1 + c \cdot n/m)$ .

## Beweis.

- Betrachte festen Schlüssel  $k$
- Zugriffszeit  $X$  ist  $O(1 + \text{Länge der Liste } T[h(k)])$
- Zufallsvariable  $X_e \in \{0, 1\}$  für jedes  $e \in S$  zeigt an, ob  $e$  auf die gleiche Position wie  $k$  gehasht wird

# c-Universal Hashing with Chaining

## Beweis.

- $X_e = 1 \Leftrightarrow h(\text{key}(e)) = h(k)$
- Listenlänge  $X = \sum_{e \in S} X_e$
- Erwartete Listenlänge

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[X] &= \mathbb{E}\left[\sum_{e \in S} X_e\right] \\ &= \sum_{e \in S} \mathbb{E}[X_e] = \sum_{e \in S} 0 \cdot \Pr[X_e = 0] + 1 \cdot \Pr[X_e = 1] \\ &= \sum_{e \in S} \Pr[X_e = 1] \leq \sum_{e \in S} c/m = n \cdot c/m\end{aligned}$$



# Beispiele für c-universelles Hashing

Einfache  $c$ -universelle Hashfunktionen?

Annahme: Schlüssel sind Bitstrings einer bestimmten Länge

Wähle als Tabellengröße  $m$  eine **Primzahl**

⇒ dann ist der Restklassenring modulo  $m$  (also  $\mathbb{Z}_m$ ) ein Körper,  
d.h. es gibt zu jedem Element außer für die Null **genau ein**  
Inverses bzgl. Multiplikation

- Sei  $w = \lfloor \log_2 m \rfloor$ .
- unterteile die Bitstrings der Schlüssel in Teile zu je  $w$  Bits
- Anzahl der Teile sei  $k$
- interpretiere jeden Teil als Zahl aus dem Intervall  $[0, \dots, 2^w - 1]$
- interpretiere Schlüssel  $x$  als  $k$ -Tupel solcher Zahlen:

$$\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_k)$$

# Familie für universelles Hashing

Definiere für jeden Vektor

$$\mathbf{a} = (a_1, \dots, a_k) \in \{0, \dots, m-1\}^k$$

mittels Skalarprodukt

$$\mathbf{a} \cdot \mathbf{x} = \sum_{i=1}^k a_i x_i$$

eine Hashfunktion von der Schlüsselmenge  
in die Menge der Zahlen  $\{0, \dots, m-1\}$

$$h_{\mathbf{a}}(\mathbf{x}) = \mathbf{a} \cdot \mathbf{x} \mod m$$

# Familie für universelles Hashing

## Satz

Wenn  $m$  eine Primzahl ist, dann ist

$$H = \{h_{\mathbf{a}} : \mathbf{a} \in \{0, \dots, m-1\}^k\}$$

eine [1-Juniverselle] Familie von Hashfunktionen.

Oder anders:

das Skalarprodukt zwischen einer Tupeldarstellung des Schlüssels und einem Zufallsvektor modulo  $m$  definiert eine gute Hashfunktion.

# Familie für universelles Hashing

## Beispiel

- 32-Bit-Schlüssel, Hashtabellengröße  $m = 269$

# Familie für universelles Hashing

## Beispiel

- 32-Bit-Schlüssel, Hashtabellengröße  $m = 269$
- ⇒ Schlüssel unterteilt in  $k = 4$  Teile mit  $w = \lfloor \log_2 m \rfloor = 8$  Bits

# Familie für universelles Hashing

## Beispiel

- 32-Bit-Schlüssel, Hashtabellengröße  $m = 269$
- ⇒ Schlüssel unterteilt in  $k = 4$  Teile mit  $w = \lfloor \log_2 m \rfloor = 8$  Bits
- Schlüssel sind also 4-Tupel von Integers aus dem Intervall  $[0, 2^8 - 1] = \{0, \dots, 255\}$ , z.B.  $\mathbf{x} = (11, 7, 4, 3)$

# Familie für universelles Hashing

## Beispiel

- 32-Bit-Schlüssel, Hashtabellengröße  $m = 269$
- ⇒ Schlüssel unterteilt in  $k = 4$  Teile mit  $w = \lfloor \log_2 m \rfloor = 8$  Bits
- Schlüssel sind also 4-Tupel von Integers aus dem Intervall  $[0, 2^8 - 1] = \{0, \dots, 255\}$ , z.B.  $\mathbf{x} = (11, 7, 4, 3)$
- Die Hashfunktion wird auch durch ein 4-Tupel von Integers, aber aus dem Intervall  $[0, 269 - 1] = \{0, \dots, 268\}$ , spezifiziert  
z.B.  $\mathbf{a} = (2, 4, 261, 16)$

# Familie für universelles Hashing

## Beispiel

- 32-Bit-Schlüssel, Hashtabellengröße  $m = 269$
- ⇒ Schlüssel unterteilt in  $k = 4$  Teile mit  $w = \lfloor \log_2 m \rfloor = 8$  Bits
- Schlüssel sind also 4-Tupel von Integers aus dem Intervall  $[0, 2^8 - 1] = \{0, \dots, 255\}$ , z.B.  $\mathbf{x} = (11, 7, 4, 3)$
- Die Hashfunktion wird auch durch ein 4-Tupel von Integers, aber aus dem Intervall  $[0, 269 - 1] = \{0, \dots, 268\}$ , spezifiziert  
z.B.  $\mathbf{a} = (2, 4, 261, 16)$
- ⇒ Hashfunktion:

$$h_{\mathbf{a}}(\mathbf{x}) = (2x_1 + 4x_2 + 261x_3 + 16x_4) \bmod 269$$

$$h_{\mathbf{a}}(\mathbf{x}) = (2 \cdot 11 + 4 \cdot 7 + 261 \cdot 4 + 16 \cdot 3) \bmod 269 = 66$$

# Eindeutiges $a_j$

## Beweis

- Betrachte zwei beliebige verschiedene Schlüssel  $\mathbf{x} = \{x_1, \dots, x_k\}$  und  $\mathbf{y} = \{y_1, \dots, y_k\}$
- Wie groß ist  $\Pr[h_{\mathbf{a}}(\mathbf{x}) = h_{\mathbf{a}}(\mathbf{y})]$ ?
- Sei  $j$  ein Index (von evt. mehreren möglichen) mit  $x_j \neq y_j$  (muss es geben, sonst wäre  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$ )  
 $\Rightarrow (x_j - y_j) \not\equiv 0 \pmod{m}$   
d.h., es gibt genau ein multiplikatives Inverses  $(x_j - y_j)^{-1}$
- $\Rightarrow$  gegeben Primzahl  $m$  und Zahlen  $x_j, y_j, b \in \{0, \dots, m-1\}$   
hat jede Gleichung der Form

$$a_j(x_j - y_j) \equiv b \pmod{m}$$

eine eindeutige Lösung:  $a_j \equiv (x_j - y_j)^{-1} b \pmod{m}$

# Wann wird $h(\mathbf{x}) = h(\mathbf{y})$ ?

## Beweis.

Wenn man alle Variablen  $a_i$  außer  $a_j$  festlegt, gibt es **exakt eine Wahl für  $a_j$** , so dass  $h_{\mathbf{a}}(\mathbf{x}) = h_{\mathbf{a}}(\mathbf{y})$ , denn

$$\begin{aligned}
 h_{\mathbf{a}}(\mathbf{x}) = h_{\mathbf{a}}(\mathbf{y}) &\Leftrightarrow \sum_{i=1}^k a_i x_i \equiv \sum_{i=1}^k a_i y_i \pmod{m} \\
 &\Leftrightarrow a_j(x_j - y_j) \equiv \sum_{i \neq j} a_i(y_i - x_i) \pmod{m} \\
 &\Leftrightarrow a_j \equiv (x_j - y_j)^{-1} \sum_{i \neq j} a_i(y_i - x_i) \pmod{m}
 \end{aligned}$$

# Wie oft wird $h(\mathbf{x}) = h(\mathbf{y})$ ?

## Beweis.

- Es gibt  $m^{k-1}$  Möglichkeiten, Werte für die Variablen  $a_i$  mit  $i \neq j$  zu wählen.
- Für jede solche Wahl gibt es genau eine Wahl für  $a_j$ , so dass  $h_{\mathbf{a}}(\mathbf{x}) = h_{\mathbf{a}}(\mathbf{y})$ .
- Für  $\mathbf{a}$  gibt es insgesamt  $m^k$  Auswahlmöglichkeiten.
- Also

$$\Pr[h_{\mathbf{a}}(\mathbf{x}) = h_{\mathbf{a}}(\mathbf{y})] = \frac{m^{k-1}}{m^k} = \frac{1}{m}$$



# Familie für $k$ -universelles Hashing

Definiere für  $a \in \{1, \dots, m - 1\}$  die Hashfunktion

$$h'_a(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^k a^{i-1} x_i \bmod m$$

(mit  $x_i \in \{0, \dots, m - 1\}$ )

## Satz

Für jede Primzahl  $m$  ist

$$H' = \{h'_a : a \in \{1, \dots, m - 1\}\}$$

eine  **$k$ -universelle** Familie von Hashfunktionen.

# Familie für $k$ -universelles Hashing

Beweisidee:

Für Schlüssel  $\mathbf{x} \neq \mathbf{y}$  ergibt sich folgende Gleichung:

$$h'_a(\mathbf{x}) = h'_a(\mathbf{y})$$

$$h'_a(\mathbf{x}) - h'_a(\mathbf{y}) \equiv 0 \pmod{m}$$

$$\sum_{i=1}^k a^{i-1}(x_i - y_i) \equiv 0 \pmod{m}$$

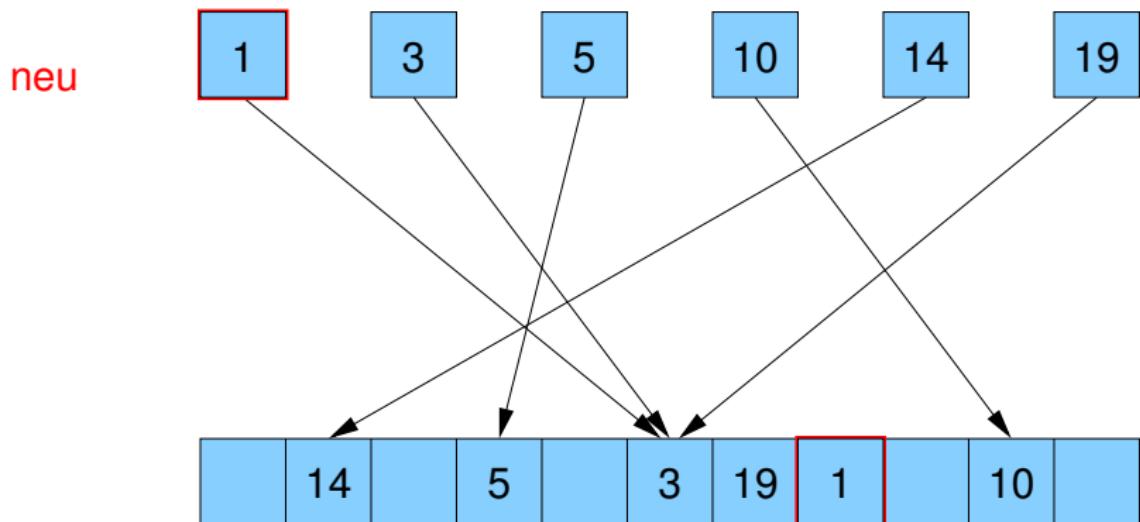
Anzahl der Nullstellen des Polynoms in  $a$  ist durch den Grad des Polynoms beschränkt (Fundamentalsatz der Algebra), also durch  $k - 1$ .

Falls  $k \leq m$  können also höchstens  $k - 1$  von  $m - 1$  möglichen Werten für  $a$  zum gleichen Hashwert für  $\mathbf{x}$  und  $\mathbf{y}$  führen.

Aus  $\Pr[h(\mathbf{x}) = h(\mathbf{y})] \leq \frac{\min\{k-1, m-1\}}{m-1} \leq \frac{k}{m}$  folgt, dass  $H'$   $k$ -universell ist.

# Dynamisches Wörterbuch

Hashing with Linear Probing:



Speichere Element  $e$  im ersten freien  
Ort  $T[i], T[i + 1], T[i + 2], \dots$  mit  $i == h(\text{key}(e))$   
(Ziel: Folgen besetzter Positionen möglichst kurz)

# Hashing with Linear Probing

```
Elem[m] T;           // Feld sollte genügend groß sein
```

```
insert(Elem e) {  
    i = h(key(e));  
    while (T[i] ≠ null ∧ T[i] ≠ e)  
        i = (i+1) % m;  
    T[i] = e;  
}
```

```
find(Key k) {  
    i = h(k);  
    while (T[i] ≠ null ∧ key(T[i]) ≠ k)  
        i = (i+1) % m;  
    return T[i];  
}
```

# Hashing with Linear Probing

Vorteil:

Es werden im Gegensatz zu Hashing with Chaining  
(oder auch im Gegensatz zu anderen Probing-Varianten)  
nur **zusammenhängende** Speicherzellen betrachtet.

⇒ Cache-Effizienz!

# Hashing with Linear Probing

Problem: **Löschen** von Elementen

① Löschen verbieten

② Markiere Positionen als gelöscht  
(mit speziellem Zeichen  $\neq \perp$ )

Suche endet bei  $\perp$ , aber nicht bei markierten Zellen

Problem: Anzahl echt freier Zellen sinkt monoton

$\Rightarrow$  Suche wird evtl. langsam oder periodische Reorganisation

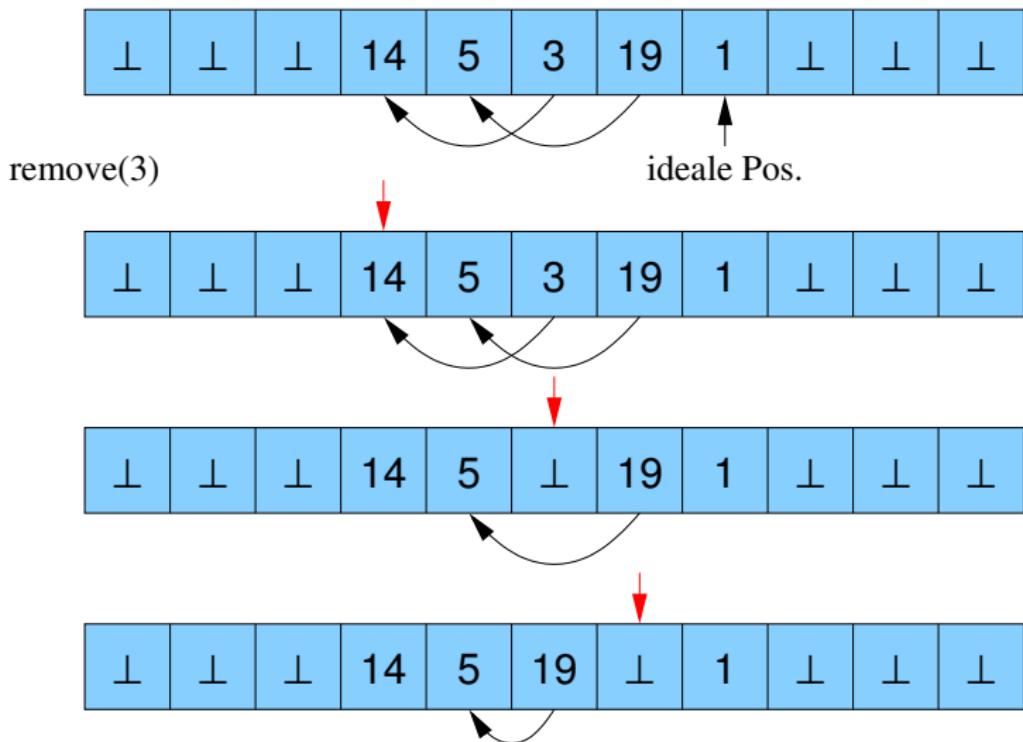
③ Invariante sicherstellen:

Für jedes  $e \in S$  mit idealer Position  $i = h(\text{key}(e))$  und aktueller Position  $j$  gilt:

$T[i], T[i+1], \dots, T[j]$  sind besetzt

# Hashing with Linear Probing

Löschen / Aufrechterhaltung der Invariante



# Dynamisches Wörterbuch

Problem: Hashtabelle ist **zu groß** oder **zu klein**

(sollte nur um konstanten Faktor von Anzahl der Elemente abweichen)

Lösung: Reallokation

- Wähle geeignete Tabellengröße
- Wähle neue Hashfunktion
- Übertrage Elemente auf die neue Tabelle

## Dynamisches Wörterbuch

Problem: Tabellengröße  $m$  sollte **prim** sein  
(für eine gute Verteilung der Schlüssel)

Lösung:

- Für jedes  $k$  gibt es eine Primzahl in  $[k^3, (k + 1)^3]$
- Jede Zahl  $z \leq (k + 1)^3$ , die nicht prim ist, muss einen Teiler  $t \leq \sqrt{(k + 1)^3} = (k + 1)^{3/2}$  haben.
- Für eine gewünschte ungefähre Tabellengröße  $m'$  (evt. nicht prim) bestimme  $k$  so, dass  $k^3 \leq m' \leq (k + 1)^3$

## Dynamisches Wörterbuch

Problem: Tabellengröße  $m$  sollte **prim** sein  
(für eine gute Verteilung der Schlüssel)

Lösung:

- Für jedes  $k$  gibt es eine Primzahl in  $[k^3, (k + 1)^3]$
- Jede Zahl  $z \leq (k + 1)^3$ , die nicht prim ist, muss einen Teiler  $t \leq \sqrt{(k + 1)^3} = (k + 1)^{3/2}$  haben.
- Für eine gewünschte ungefähre Tabellengröße  $m'$  (evt. nicht prim) bestimme  $k$  so, dass  $k^3 \leq m' \leq (k + 1)^3$
- Größe des Intervalls:  
$$(k + 1)^3 - k^3 + 1 = (k^3 + 3k^2 + 3k + 1) - k^3 + 1 = 3k^2 + 3k + 2$$
- Für jede Zahl  $j = 2, \dots, (k + 1)^{3/2}$ :  
streiche die Vielfachen von  $j$  in  $[k^3, (k + 1)^3]$
- Für jedes  $j$  kostet das Zeit  $((k + 1)^3 - k^3 + 1) / j \in O(k^2/j)$

# Dynamisches Wörterbuch

- Hilfsmittel: Wachstum der harmonischen Reihe

$$\ln n \leq H_n = \sum_{i=1}^n \frac{1}{i} \leq 1 + \ln n$$

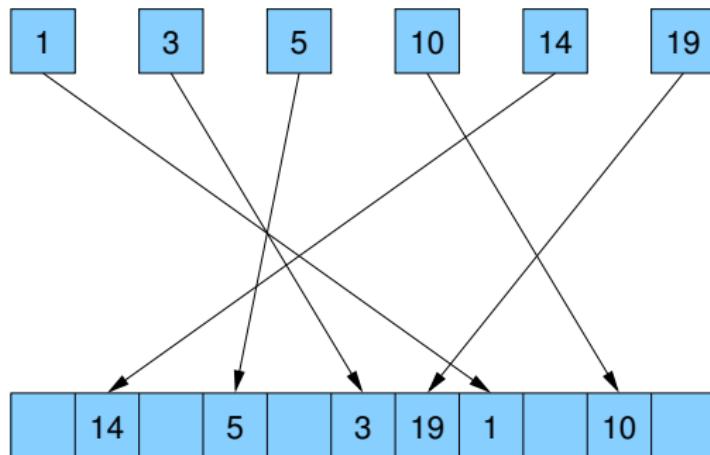
- insgesamt:

$$\begin{aligned}
 \sum_{2 \leq j \leq (k+1)^{3/2}} O\left(\frac{k^2}{j}\right) &\leq k^2 \sum_{2 \leq j \leq (k+1)^{3/2}} O\left(\frac{1}{j}\right) \\
 &\in k^2 \cdot O\left(\ln((k+1)^{3/2})\right) \\
 &\in O(k^2 \ln k) \\
 &\in o(m)
 \end{aligned}$$

⇒ Kosten zu vernachlässigen im Vergleich zur Initialisierung der Tabelle der Größe  $m$  (denn  $m$  ist kubisch in  $k$ )

# Perfektes Hashing für statisches Wörterbuch

- bisher: konstante *erwartete* Laufzeit  
falls  $m$  im Vergleich zu  $n$  genügend groß gewählt wird  
(nicht ausreichend für Real Time Scenario)
- Ziel: konstante Laufzeit im **worst case** für find()  
durch perfekte Hashtabelle ohne Kollisionen
- Annahme: statische Menge  $S$  von  $n$  Elementen



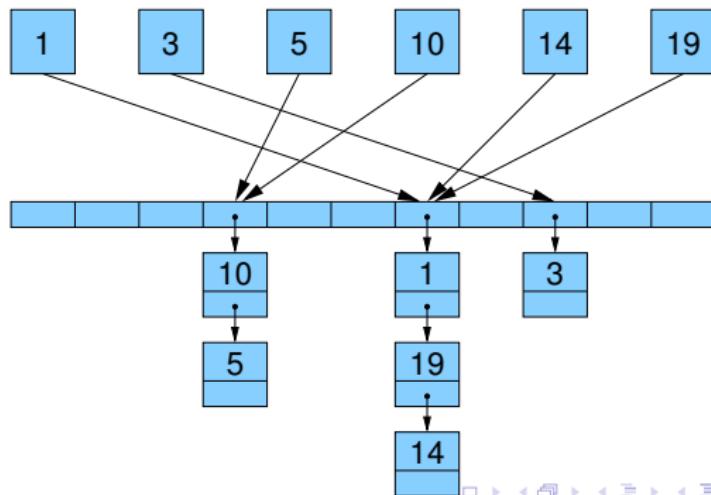
# Statisches Wörterbuch

- $S$ : feste Menge von  $n$  Elementen mit Schlüsseln  $k_1$  bis  $k_n$
- $H_m$ :  $c$ -universelle Familie von Hashfunktionen auf  $\{0, \dots, m - 1\}$   
(Hinweis: 2-universelle Familien existieren für alle  $m$ )
- $C(h)$  für  $h \in H_m$ : Anzahl Kollisionen in  $S$  für  $h$ , d.h.

$$C(h) = |\{(x, y) : x, y \in S, x \neq y, h(x) = h(y)\}|$$

Beispiel:

$$C(h) = 2 + 6 = 8$$



# Erwartete Anzahl von Kollisionen

## Lemma

Für die Anzahl der Kollisionen gilt:  $\mathbb{E}[C(h)] \leq cn(n - 1)/m$ .

# Erwartete Anzahl von Kollisionen

## Lemma

Für die Anzahl der Kollisionen gilt:  $\mathbb{E}[C(h)] \leq cn(n - 1)/m$ .

## Beweis.

- Definiere  $n(n - 1)$  Indikator-Zufallsvariablen  $X_{ij}(h)$ :  
Für  $i \neq j$  sei  $X_{ij}(h) = 1 \Leftrightarrow h(k_i) = h(k_j)$ .
- Dann ist  $C(h) = \sum_{i \neq j} X_{ij}(h)$

$$\mathbb{E}[C] = \mathbb{E}\left[\sum_{i \neq j} X_{ij}\right] = \sum_{i \neq j} \mathbb{E}[X_{ij}] = \sum_{i \neq j} \Pr[X_{ij} = 1] \leq n(n - 1) \cdot c/m$$

⇒ Für **quadratische Tabellengröße** ist die erwartete Anzahl von Kollisionen (und damit die erwartete worst-case-Laufzeit für find) eine **Konstante**. □

# Markov-Ungleichung

## Satz (Markov-Ungleichung)

Für jede nichtnegative Zufallsvariable  $X$  und Konstante  $k > 0$  gilt:

$$\Pr[X \geq k] \leq \frac{\mathbb{E}[X]}{k} \quad \text{und für } \mathbb{E}[X] > 0: \quad \Pr[X \geq k \cdot \mathbb{E}[X]] \leq \frac{1}{k}$$

# Markov-Ungleichung

## Satz (Markov-Ungleichung)

Für jede nichtnegative Zufallsvariable  $X$  und Konstante  $k > 0$  gilt:

$$\Pr[X \geq k] \leq \frac{\mathbb{E}[X]}{k} \quad \text{und für } \mathbb{E}[X] > 0: \quad \Pr[X \geq k \cdot \mathbb{E}[X]] \leq \frac{1}{k}$$

## Beweis.

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[X] &= \sum_{z \in \mathbb{R}} z \cdot \Pr[X = z] \\ &\geq \sum_{z \geq k \cdot \mathbb{E}[X]} z \cdot \Pr[X = z] \geq \sum_{z \geq k \cdot \mathbb{E}[X]} k \cdot \mathbb{E}[X] \cdot \Pr[X = z] \\ &\geq k \cdot \mathbb{E}[X] \cdot \Pr[X \geq k \cdot \mathbb{E}[X]]\end{aligned}$$



# Hashfunktionen mit wenig Kollisionen

## Lemma

Für mindestens **die Hälfte** der Funktionen  $h \in H_m$  gilt:

$$C(h) \leq 2cn(n - 1)/m$$

# Hashfunktionen mit wenig Kollisionen

## Lemma

Für mindestens die Hälfte der Funktionen  $h \in H_m$  gilt:

$$C(h) \leq 2cn(n-1)/m$$

## Beweis.

- Aus Lemma  $\mathbb{E}[C(h)] \leq cn(n-1)/m$  und Markov-Ungleichung  $\Pr[X \geq k \cdot \mathbb{E}[X]] \leq \frac{1}{k}$  folgt für  $n \geq 2$ :
 
$$\Pr[C(h) \geq 2cn(n-1)/m] \leq \Pr[C(h) \geq 2\mathbb{E}[C(h)]] \leq \frac{1}{2}$$

$$\Rightarrow \text{Für höchstens die Hälfte der Funktionen ist } C(h) \geq \frac{2cn(n-1)}{m}$$

$$\Rightarrow \text{Für mindestens die Hälfte der Funktionen ist } C(h) \leq \frac{2cn(n-1)}{m} \quad (n \geq 1)$$



# Hashfunktionen ohne Kollisionen

## Lemma

Wenn  $m \geq cn(n - 1) + 1$ , dann bildet mindestens die Hälfte der Funktionen  $h \in H_m$  die Schlüssel **injektiv** in die Indexmenge der Hashtabelle ab.

## Beweis.

- Für mindestens die Hälfte der Funktionen  $h \in H_m$  gilt  $C(h) < 2$ .
- Da  $C(h)$  immer eine gerade Zahl sein muss, folgt aus  $C(h) < 2$  direkt  $C(h) = 0$ .  
⇒ keine Kollisionen (bzw. injektive Abbildung)



- Wähle zufällig  $h \in H_m$  mit  $m \geq cn(n - 1) + 1$
- Prüfe auf Kollision ⇒ behalten oder erneut wählen  
⇒ Nach durchschnittlich 2 Versuchen erfolgreich

# Statisches Wörterbuch

Ziel: lineare Tabellengröße

Idee: **zweistufige** Abbildung der Schlüssel

- Wähle Hashfunktion  $h$  mit wenig Kollisionen ( $\approx 2$  Versuche)  
⇒ 1. Stufe bildet Schlüssel auf Buckets von konstanter durchschnittlicher Größe ab
  
- Wähle Hashfunktionen  $h_\ell$  ohne Kollisionen ( $\approx 2$  Versuche pro  $h_\ell$ )  
⇒ 2. Stufe benutzt quadratisch viel Platz für jedes Bucket, um alle Kollisionen aus der 1. Stufe aufzulösen

# Statisches Wörterbuch

- $B_\ell^h$ : Menge der Elemente in  $S$ , die  $h$  auf  $\ell$  abbildet,  
 $\ell \in \{0, \dots, m-1\}$  und  $h \in H_m$
- $b_\ell^h$ : Kardinalität von  $B_\ell^h$ , also  $b_\ell^h := |B_\ell^h|$
- Für jedes  $\ell$  führen die Schlüssel in  $B_\ell^h$  zu  $b_\ell^h(b_\ell^h - 1)$  Kollisionen
- Also ist die Gesamtzahl der Kollisionen

$$C(h) = \sum_{\ell=0}^{m-1} b_\ell^h(b_\ell^h - 1)$$

# Perfektes statisches Hashing: 1. Stufe

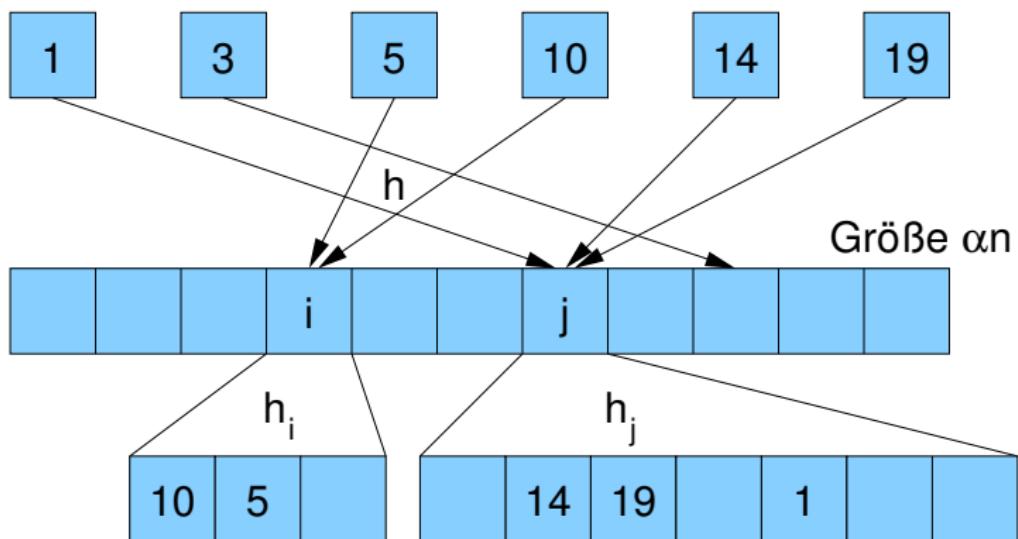
- 1. Stufe der Hashtabelle soll **linear** viel Speicher verwenden, also  $\lceil \alpha n \rceil$  Adressen, wobei wir Konstante  $\alpha$  später festlegen.
- Wähle Funktion  $h \in H_{\lceil \alpha n \rceil}$ , um  $S$  in Teilmengen  $B_\ell$  aufzuspalten.  
Wähle  $h$  dabei so lange zufällig aus  $H_{\lceil \alpha n \rceil}$  aus, bis gilt:

$$C(h) \leq \frac{2cn(n-1)}{\lceil \alpha n \rceil} \leq \frac{2cn(n-1)}{\alpha n} \leq \frac{2cn}{\alpha}$$

Da das für mindestens die Hälfte der Hashfunktionen in  $H_{\lceil \alpha n \rceil}$  gilt (vorletztes Lemma), erwarten wir dafür  $\leq 2$  Versuche.

- Für jedes  $\ell \in \{0, \dots, \lceil \alpha n \rceil - 1\}$  seien  $B_\ell$  die Elemente, die durch  $h$  auf Adresse  $\ell$  abgebildet werden und  $b_\ell = |B_\ell|$  deren Anzahl.

# Perfektes statisches Hashing



## Perfektes statisches Hashing: 2. Stufe

- Für jedes  $B_\ell$ :

Berechne  $m_\ell = cb_\ell(b_\ell - 1) + 1$ .

Wähle zufällig Funktion  $h_\ell \in H_{m_\ell}$ , bis  $h_\ell$  die Menge  $B_\ell$  injektiv in  $\{0, \dots, m_\ell - 1\}$  abbildet (also ohne Kollisionen).

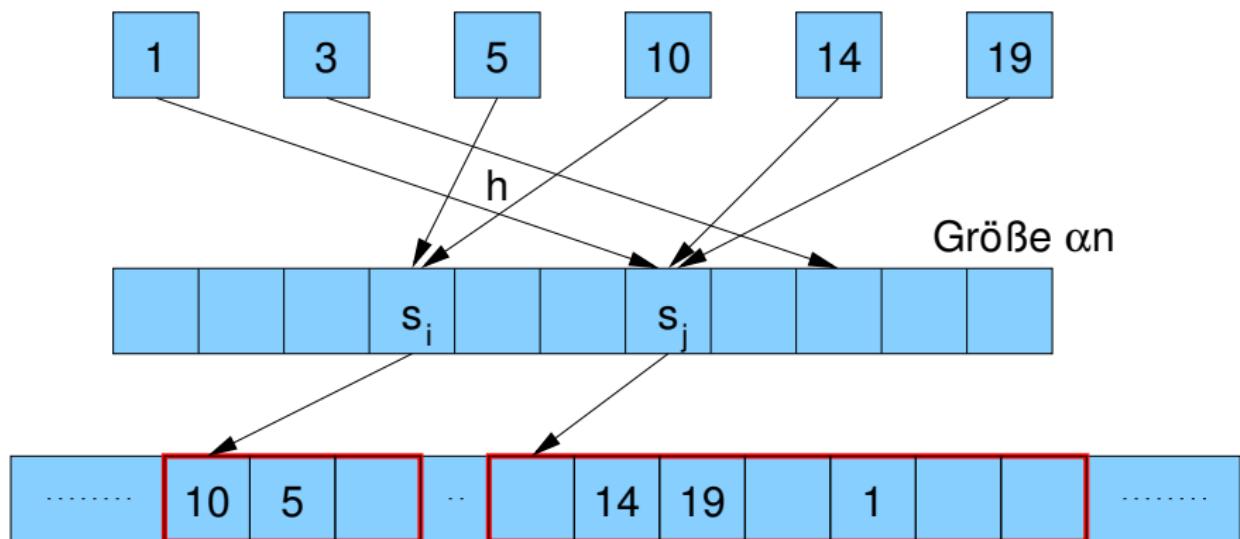
Mindestens die Hälfte der Funktionen in  $H_{m_\ell}$  tut das.

- Hintereinanderreihung der einzelnen Tabellen ergibt eine Gesamtgröße der Tabelle von  $\sum_\ell m_\ell$
- Teiltabelle für  $B_\ell$  beginnt an Position  $s_\ell = m_0 + m_1 + \dots + m_{\ell-1}$  und endet an Position  $s_\ell + m_\ell - 1$
- Für gegebenen Schlüssel  $x$ , berechnen die Anweisungen

$$\ell = h(x); \quad \text{return } s_\ell + h_\ell(x);$$

dann eine injektive Funktion auf der Menge  $S$ .

# Perfektes statisches Hashing



# Perfektes statisches Hashing

- Die Funktion ist beschränkt durch:

$$\begin{aligned}
 \sum_{\ell=0}^{\lceil \alpha n \rceil - 1} m_\ell &= \sum_{\ell=0}^{\lceil \alpha n \rceil - 1} (c \cdot b_\ell(b_\ell - 1) + 1) \quad (\text{siehe Def. der } m_\ell \text{'s}) \\
 &\leq c \cdot C(h) + \lceil \alpha n \rceil \\
 &\leq c \cdot 2cn/\alpha + \alpha n + 1 \\
 &\leq (2c^2/\alpha + \alpha)n + 1
 \end{aligned}$$

- Zur Minimierung der Schranke betrachte die Ableitung

$$\begin{aligned}
 f(\alpha) &= (2c^2/\alpha + \alpha)n + 1 \\
 f'(\alpha) &= (-2c^2/\alpha^2 + 1)n
 \end{aligned}$$

$$\Rightarrow f'(\alpha) = 0 \text{ liefert } \alpha = \sqrt{2}c$$

$$\Rightarrow \text{Adressbereich: } 0 \dots 2\sqrt{2}cn$$

# Perfektes statisches Hashing

## Satz

Für eine beliebige Menge von  $n$  Schlüsseln kann eine perfekte Hashfunktion mit Zielmenge  $\{0, \dots, 2\sqrt{2}cn\}$  in linearer erwarteter Laufzeit konstruiert werden.

- Da wir wissen, dass wir für beliebige  $m$  eine 2-universelle Familie von Hashfunktionen finden können, kann man also z.B. eine Hashfunktion mit Adressmenge  $\{0, \dots, 4\sqrt{2}n\}$  in linearer erwarteter Laufzeit konstruieren. (Las Vegas-Algorithmus)
- Unsere Minimierung hat nicht den Platz berücksichtigt, der benötigt wird, um die Werte  $s_\ell$ , sowie die ausgewählten Hashfunktionen  $h_\ell$  zu speichern.  
⇒ Berechnung von  $\alpha$  sollte eigentlich angepasst werden (entsprechend Speicherplatz pro Element, pro  $m_\ell$  und pro  $h_\ell$ )

# Perfektes dynamisches Hashing

Kann man perfekte Hashfunktionen auch **dynamisch** konstruieren?

ja, z.B. mit **Cuckoo** Hashing

- 2 Hashfunktionen  $h_1$  und  $h_2$
- 2 Hashtabellen  $T_1$  und  $T_2$
- bei find und remove jeweils in beiden Tabellen nachschauen
- bei insert abwechselnd beide Tabellen betrachten, das zu speichernde Element an die Zielposition der aktuellen Tabelle schreiben und wenn dort schon ein anderes Element stand, dieses genauso in die andere Tabelle verschieben usw.
- evtl. Anzahl Verschiebungen durch  $2 \log n$  beschränken, um Endlosschleife zu verhindern  
(ggf. kompletter Rehash mit neuen Funktionen  $h_1$ ,  $h_2$ )

# Probleme beim linearen Sondieren

- Offene Hashverfahren allgemein:

Erweiterte Hashfunktion  $h(k, i)$  gibt an, auf welche Adresse ein Schlüssel  $k$  abgebildet werden soll, wenn bereits  $i$  Versuche zu einer Kollision geführt haben

- Lineares Sondieren (Linear Probing):

$$h(k, i) = (h(k) + i) \bmod m$$

# Probleme beim linearen Sondieren

- Offene Hashverfahren allgemein:

Erweiterte Hashfunktion  $h(k, i)$  gibt an, auf welche Adresse ein Schlüssel  $k$  abgebildet werden soll, wenn bereits  $i$  Versuche zu einer Kollision geführt haben

- Lineares Sondieren (Linear Probing):

$$h(k, i) = (h(k) + i) \bmod m$$

- Primäre Häufung (primary clustering):

tritt auf, wenn für Schlüssel  $k_1, k_2$  mit unterschiedlichen Hashwerten  $h(k_1) \neq h(k_2)$  ab einem bestimmten Punkt  $i_1$  bzw.  $i_2$  die gleiche Sondierfolge auftritt:

$$\exists i_1, i_2 \quad \forall j : \quad h(k_1, i_1 + j) = h(k_2, i_2 + j)$$

# Probleme beim quadratischen Sondieren

- Quadratisches Sondieren (Quadratic Probing):

$$h(k, i) = (h(k) + c_1 i + c_2 i^2) \bmod m \quad (c_2 \neq 0)$$

oder:  $h(k, i) = (h(k) - (-1)^i \lceil i/2 \rceil^2) \bmod m$

# Probleme beim quadratischen Sondieren

- Quadratisches Sondieren (Quadratic Probing):

$$h(k, i) = (h(k) + c_1 i + c_2 i^2) \bmod m \quad (c_2 \neq 0)$$

oder:  $h(k, i) = (h(k) - (-1)^i \lceil i/2 \rceil^2) \bmod m$

- $h(k, i)$  soll möglichst **surjektiv** auf die Adressmenge  $\{0, \dots, m - 1\}$  abbilden, um freie Positionen auch **immer** zu finden. Bei

$$h(k, i) = (h(k) - (-1)^i \lceil i/2 \rceil^2) \bmod m$$

z.B. durch Wahl von  $m$  prim  $\wedge$   $m \equiv 3 \pmod 4$

# Probleme beim quadratischen Sondieren

- Quadratisches Sondieren (Quadratic Probing):

$$h(k, i) = (h(k) + c_1 i + c_2 i^2) \bmod m \quad (c_2 \neq 0)$$

oder:  $h(k, i) = (h(k) - (-1)^i \lceil i/2 \rceil^2) \bmod m$

- $h(k, i)$  soll möglichst **surjektiv** auf die Adressmenge  $\{0, \dots, m - 1\}$  abbilden, um freie Positionen auch **immer** zu finden. Bei

$$h(k, i) = (h(k) - (-1)^i \lceil i/2 \rceil^2) \bmod m$$

z.B. durch Wahl von  $m$  prim  $\wedge m \equiv 3 \pmod{4}$

- Sekundäre Häufung** (secondary clustering):

tritt auf, wenn für Schlüssel  $k_1, k_2$  mit gleichem Hashwert

$h(k_1) = h(k_2)$  auch die nachfolgende Sondierfolge gleich ist:

$$\forall i : h(k_1, i) = h(k_2, i)$$

# Double Hashing

- Auflösung der Kollisionen der Hashfunktion  $h$  durch eine zweite Hashfunktion  $h'$ :

$$h(k, i) = [h(k) + i \cdot h'(k)] \bmod m$$

wobei für alle  $k$  gelten soll, dass  $h'(k)$  teilerfremd zu  $m$  ist,

$$\text{z.B. } h'(k) = 1 + k \bmod m - 1$$

$$\text{oder } h'(k) = 1 + k \bmod m - 2$$

für Primzahl  $m$

- primäre und sekundäre Häufung werden weitgehend vermieden, aber nicht komplett ausgeschlossen

# Statisches Wörterbuch

Lösungsmöglichkeiten:

- Perfektes Hashing
  - ▶ Vorteil: Suche in konstanter Zeit
  - ▶ Nachteil: keine Ordnung auf Elementen, d.h. Bereichsanfragen (z.B. alle Namen, die mit 'A' anfangen) teuer
  
- Speicherung der Daten in sortiertem Feld
  - ▶ Vorteil: **Bereichsanfragen** möglich
  - ▶ Nachteil: Suche teurer (logarithmische Zeit)

# Sortierproblem

- gegeben: Ordnung  $\leq$  auf der Menge möglicher Schlüssel
- Eingabe: Sequenz  $s = \langle e_1, \dots, e_n \rangle$

Beispiel:



- Ausgabe: Permutation  $s' = \langle e'_1, \dots, e'_n \rangle$  von  $s$ ,  
so dass  $\text{key}(e'_i) \leq \text{key}(e'_{i+1})$  für alle  $i \in \{1, \dots, n\}$

Beispiel:



# SelectionSort

Sortieren durch Auswählen

Wähle das kleinste Element aus der (verbleibenden) Eingabesequenz und verschiebe es an das Ende der Ausgabesequenz

## Beispiel

|   |    |    |    |    |   |
|---|----|----|----|----|---|
| 5 | 10 | 19 | 1  | 14 | 3 |
| 1 | 10 | 19 | 5  | 14 | 3 |
| 1 | 5  | 19 | 10 | 14 | 3 |
| 1 | 3  | 19 | 10 | 14 | 5 |
| 1 | 3  | 10 | 19 | 14 | 5 |

|   |   |   |    |    |    |
|---|---|---|----|----|----|
| 1 | 3 | 5 | 19 | 14 | 10 |
| 1 | 3 | 5 | 14 | 19 | 10 |
| 1 | 3 | 5 | 10 | 19 | 14 |
| 1 | 3 | 5 | 10 | 14 | 19 |
| 1 | 3 | 5 | 10 | 14 | 19 |

# SelectionSort

Sortieren durch Auswählen

```
selectionSort(Element[] a, int n) {  
    for (int i = 0; i < n; i++)  
        // verschiebe min{a[i], ..., a[n - 1]} nach a[i]  
        for (int j = i + 1; j < n; j++)  
            if (a[i] > a[j])  
                swap(a, i, j);  
}
```

Zeitaufwand:

- Minimumsuche in Feld der Größe  $i$ :  $\Theta(i)$
- Gesamtzeit:  $\sum_{i=1}^n \Theta(i) = \Theta(n^2)$
- Vorteil: einfach zu implementieren
- Nachteil: quadratische Laufzeit

# InsertionSort

Sortieren durch Einfügen

Nimm ein Element aus der Eingabesequenz und füge es an der richtigen Stelle in die Ausgabesequenz ein

## Beispiel

|   |    |    |   |    |   |
|---|----|----|---|----|---|
| 5 | 10 | 19 | 1 | 14 | 3 |
|---|----|----|---|----|---|

|   |    |    |   |    |   |
|---|----|----|---|----|---|
| 5 | 10 | 19 | 1 | 14 | 3 |
|---|----|----|---|----|---|

|   |    |    |   |    |   |
|---|----|----|---|----|---|
| 5 | 10 | 19 | 1 | 14 | 3 |
|---|----|----|---|----|---|

|   |    |    |   |    |   |
|---|----|----|---|----|---|
| 5 | 10 | 19 | 1 | 14 | 3 |
|---|----|----|---|----|---|

|   |    |   |    |    |   |
|---|----|---|----|----|---|
| 5 | 10 | 1 | 19 | 14 | 3 |
|---|----|---|----|----|---|

|   |   |    |    |    |   |
|---|---|----|----|----|---|
| 5 | 1 | 10 | 19 | 14 | 3 |
|---|---|----|----|----|---|

|   |   |    |    |    |   |
|---|---|----|----|----|---|
| 1 | 5 | 10 | 19 | 14 | 3 |
|---|---|----|----|----|---|

|   |   |    |    |    |   |
|---|---|----|----|----|---|
| 1 | 5 | 10 | 14 | 19 | 3 |
|---|---|----|----|----|---|

|   |     |   |     |   |    |
|---|-----|---|-----|---|----|
| 1 | ... | ← | ... | 3 | 19 |
|---|-----|---|-----|---|----|

|   |   |   |    |    |    |
|---|---|---|----|----|----|
| 1 | 3 | 5 | 10 | 14 | 19 |
|---|---|---|----|----|----|

# InsertionSort

Sortieren durch Einfügen

```
insertionSort(Element[] a, int n) {  
    for (int i = 1; i < n; i++)  
        // verschiebe  $a_i$  an die richtige Stelle  
        for (int j = i - 1; j ≥ 0; j--)  
            if ( $a[j] > a[j + 1]$ )  
                swap( $a, j, j + 1$ );  
}
```

Zeitaufwand:

- Einfügung des  $i$ -ten Elements an richtiger Stelle:  $O(i)$
- Gesamtzeit:  $\sum_{i=1}^n O(i) = O(n^2)$
- Vorteil: einfach zu implementieren
- Nachteil: quadratische Laufzeit

# Einfache Verfahren

## SelectionSort

- mit besserer Minimumstrategie worst case Laufzeit  $O(n \log n)$  erreichbar  
(mehr dazu in einer späteren Vorlesung)

## InsertionSort

- mit besserer Einfügestrategie worst case Laufzeit  $O(n \log^2 n)$  erreichbar  
(→ ShellSort)

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

|    |   |   |    |    |   |   |
|----|---|---|----|----|---|---|
| 10 | 5 | 7 | 19 | 14 | 1 | 3 |
|----|---|---|----|----|---|---|

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

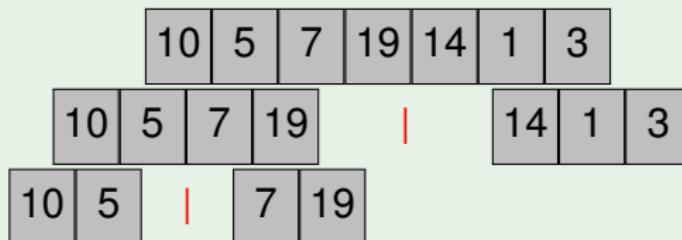


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

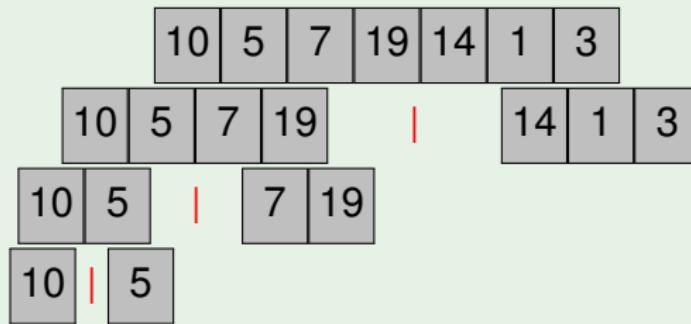


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

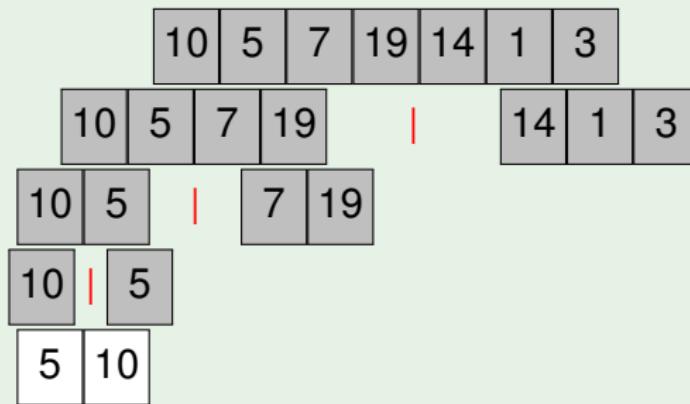


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

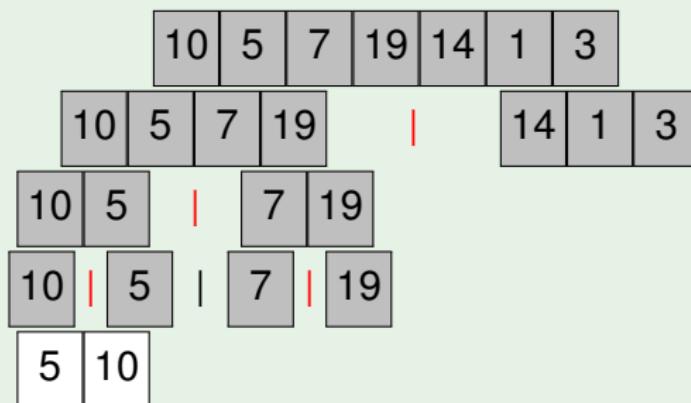


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

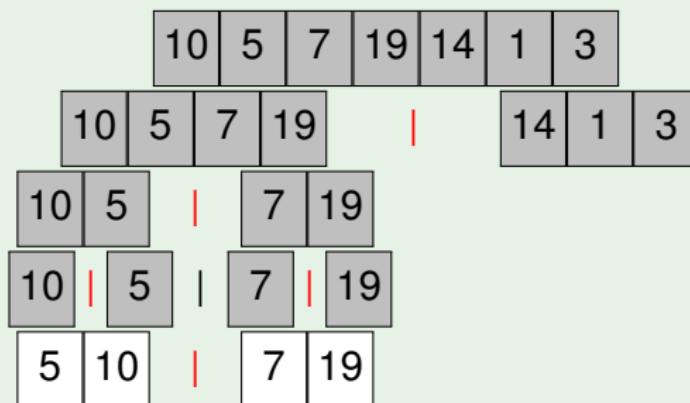


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

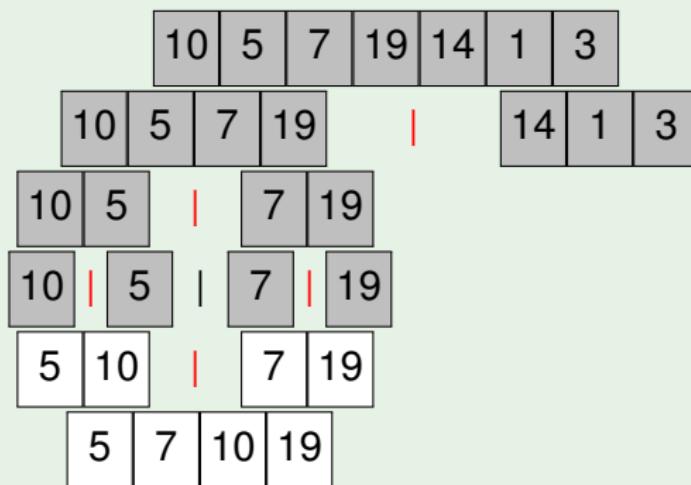


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

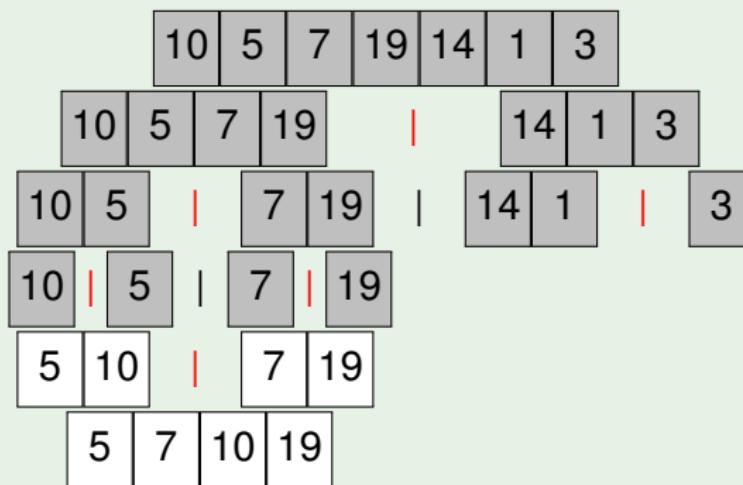


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

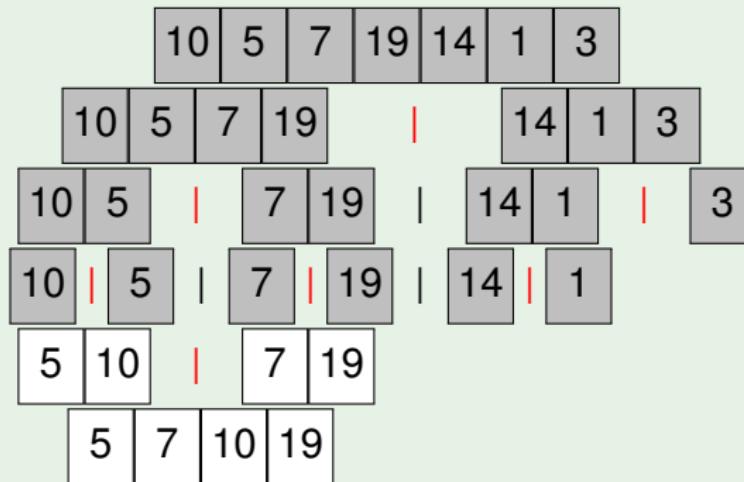


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

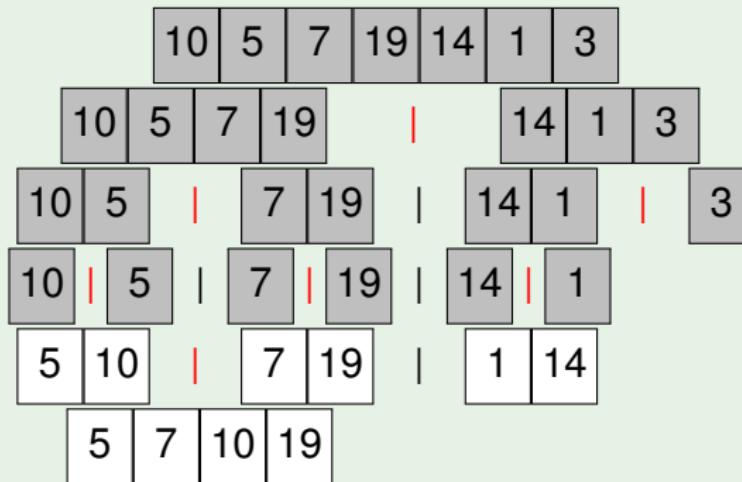


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

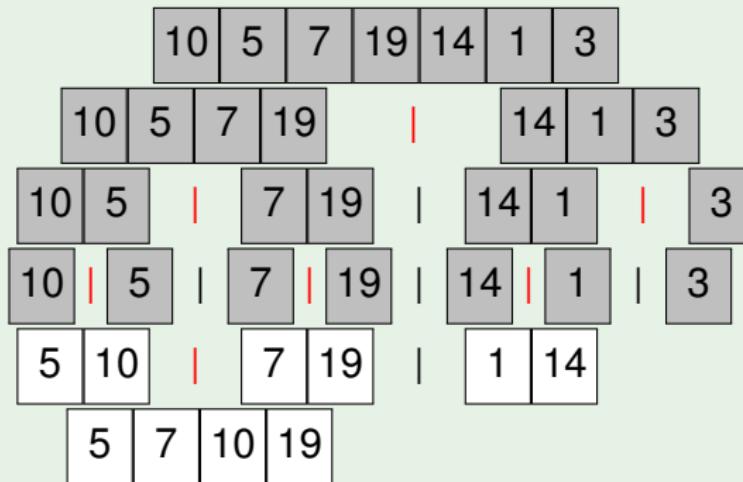


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

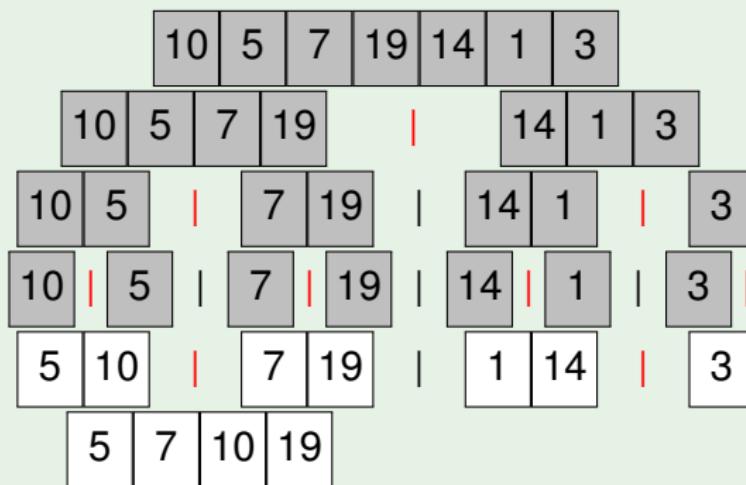


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

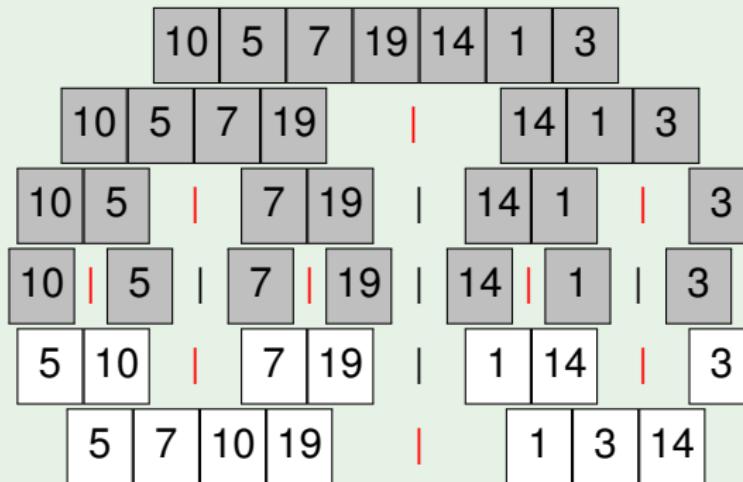


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel

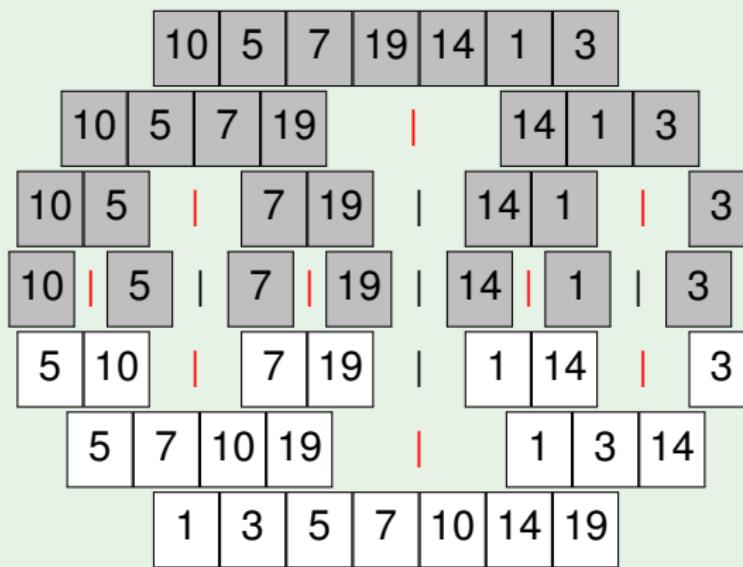


# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zerlege die Eingabesequenz rekursiv in Teile, die separat sortiert und dann zur Ausgabesequenz verschmolzen werden

## Beispiel



# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

```
mergeSort(Element[ ] a, int l, int r) {  
    if (l == r) return;          // nur ein Element  
    m = ⌊(r + l)/2⌋;          // Mitte  
    mergeSort(a, l, m);        // linken Teil sortieren  
    mergeSort(a, m + 1, r);    // rechten Teil sortieren  
    j = l;  k = m + 1;         // verschmelzen  
    for (i = 0, i ≤ r - l, i++)  
        if (j > m) { b[i] = a[k];  k++; }           // linker Teil leer  
        else  
            if (k > r) { b[i] = a[j];  j++; }           // rechter Teil leer  
            else  
                if (a[j] ≤ a[k]) { b[i] = a[j];  j++; }  
                else { b[i] = a[k];  k++; }  
    for (i = 0, i ≤ r - l, i++)  a[l + i] = b[i];      // zurückkopieren  
}
```

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

## Beispiel (Verschmelzen)



# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

## Beispiel (Verschmelzen)

|    |   |   |    |
|----|---|---|----|
| 10 | 5 | 7 | 19 |
| j→ |   | m |    |

|    |   |   |
|----|---|---|
| 14 | 1 | 3 |
| k→ |   |   |

|    |  |  |  |  |  |  |
|----|--|--|--|--|--|--|
|    |  |  |  |  |  |  |
| i→ |  |  |  |  |  |  |

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|   |   |    |    |

|   |   |    |
|---|---|----|
| 1 | 3 | 14 |
|   |   |    |

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|   |  |  |  |  |  |  |

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

## Beispiel (Verschmelzen)

|    |   |   |    |
|----|---|---|----|
| 10 | 5 | 7 | 19 |
|----|---|---|----|

j→

|    |   |   |
|----|---|---|
| 14 | 1 | 3 |
|----|---|---|

k→

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|
|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|

i→

|   |   |    |
|---|---|----|
| 1 | 3 | 14 |
|---|---|----|

|  |   |    |
|--|---|----|
|  | 3 | 14 |
|--|---|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|   |   |  |  |  |  |  |
|---|---|--|--|--|--|--|
| 1 | 3 |  |  |  |  |  |
|---|---|--|--|--|--|--|

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

## Beispiel (Verschmelzen)

|    |   |   |    |
|----|---|---|----|
| 10 | 5 | 7 | 19 |
|----|---|---|----|

j→

|    |   |   |
|----|---|---|
| 14 | 1 | 3 |
|----|---|---|

k→

|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|
|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|

i→

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|   |   |    |
|---|---|----|
| 1 | 3 | 14 |
|---|---|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

5

|  |   |    |
|--|---|----|
|  | 3 | 14 |
|--|---|----|

|   |   |  |  |  |  |  |
|---|---|--|--|--|--|--|
| 1 | 3 |  |  |  |  |  |
|---|---|--|--|--|--|--|

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

|   |   |   |  |  |  |  |
|---|---|---|--|--|--|--|
| 1 | 3 | 5 |  |  |  |  |
|---|---|---|--|--|--|--|

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

## Beispiel (Verschmelzen)

|    |   |   |    |
|----|---|---|----|
| 10 | 5 | 7 | 19 |
|----|---|---|----|

j→

|    |   |   |
|----|---|---|
| 14 | 1 | 3 |
|----|---|---|

k→

|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|
|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|

i→

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|   |   |    |
|---|---|----|
| 1 | 3 | 14 |
|---|---|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

5

|  |   |    |
|--|---|----|
|  | 3 | 14 |
|--|---|----|

1 3

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

1 3 5

|  |   |    |    |
|--|---|----|----|
|  | 7 | 10 | 19 |
|--|---|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

1 3 5 7

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

## Beispiel (Verschmelzen)

|    |   |   |    |
|----|---|---|----|
| 10 | 5 | 7 | 19 |
|----|---|---|----|

j→

|    |   |   |
|----|---|---|
| 14 | 1 | 3 |
|----|---|---|

k→

|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|
|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|

i→

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|   |   |    |
|---|---|----|
| 1 | 3 | 14 |
|---|---|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

5

|  |   |    |
|--|---|----|
|  | 3 | 14 |
|--|---|----|

1 3

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

1 3 5

|  |   |    |    |
|--|---|----|----|
|  | 7 | 10 | 19 |
|--|---|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

1 3 5 7

|  |  |    |    |
|--|--|----|----|
|  |  | 10 | 19 |
|--|--|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

1 3 5 7 10

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

## Beispiel (Verschmelzen)

|    |   |   |    |
|----|---|---|----|
| 10 | 5 | 7 | 19 |
|----|---|---|----|

j→

|    |   |   |
|----|---|---|
| 14 | 1 | 3 |
|----|---|---|

k→

|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|
|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|

i→

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|   |   |    |
|---|---|----|
| 1 | 3 | 14 |
|---|---|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|  |   |    |
|--|---|----|
|  | 3 | 14 |
|--|---|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|  |   |    |    |
|--|---|----|----|
|  | 7 | 10 | 19 |
|--|---|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|  |  |    |    |
|--|--|----|----|
|  |  | 10 | 19 |
|--|--|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|  |  |  |    |
|--|--|--|----|
|  |  |  | 19 |
|--|--|--|----|

|  |  |  |    |
|--|--|--|----|
|  |  |  | 14 |
|--|--|--|----|

|   |   |   |   |    |  |  |
|---|---|---|---|----|--|--|
| 1 | 3 | 5 | 7 | 10 |  |  |
|---|---|---|---|----|--|--|

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

## Beispiel (Verschmelzen)

|    |   |   |    |
|----|---|---|----|
| 10 | 5 | 7 | 19 |
|----|---|---|----|

j→

|    |   |   |
|----|---|---|
| 14 | 1 | 3 |
|----|---|---|

k→

|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|
|  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|

i→

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|   |   |    |
|---|---|----|
| 1 | 3 | 14 |
|---|---|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|  |   |    |
|--|---|----|
|  | 3 | 14 |
|--|---|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|   |   |    |    |
|---|---|----|----|
| 5 | 7 | 10 | 19 |
|---|---|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|  |   |    |    |
|--|---|----|----|
|  | 7 | 10 | 19 |
|--|---|----|----|

|  |  |    |
|--|--|----|
|  |  | 14 |
|--|--|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|  |  |    |    |
|--|--|----|----|
|  |  | 10 | 19 |
|--|--|----|----|

|  |  |  |    |
|--|--|--|----|
|  |  |  | 14 |
|--|--|--|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|  |  |  |    |
|--|--|--|----|
|  |  |  | 19 |
|--|--|--|----|

|  |  |  |  |    |
|--|--|--|--|----|
|  |  |  |  | 14 |
|--|--|--|--|----|

|   |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|
| 1 |  |  |  |  |  |  |
|---|--|--|--|--|--|--|

|  |  |  |  |    |
|--|--|--|--|----|
|  |  |  |  | 19 |
|--|--|--|--|----|

|  |  |  |  |  |    |
|--|--|--|--|--|----|
|  |  |  |  |  | 14 |
|--|--|--|--|--|----|

|   |  |  |  |  |  |    |
|---|--|--|--|--|--|----|
| 1 |  |  |  |  |  | 19 |
|---|--|--|--|--|--|----|

# MergeSort

Sortieren durch Verschmelzen

Zeitaufwand:

- $T(n)$ : Laufzeit bei Feldgröße  $n$

- $T(1) = \Theta(1)$

$$T(n) = T(\lceil n/2 \rceil) + T(\lfloor n/2 \rfloor) + \Theta(n)$$

$$\Rightarrow T(n) \in O(n \log n)$$

(folgt aus dem sogenannten Master-Theorem)

# Analyse rekursiver Funktionen

## Divide-and-Conquer-Algorithmen

- nichtrekursive Unterprogrammaufrufe sind einfach zu analysieren  
(separate Analyse des Funktionsaufrufs und Einsetzen)
- rekursive Aufrufstrukturen liefern **Rekursionsgleichungen**  
⇒ Funktionswert wird in Abhängigkeit von Funktionswerten für kleinere Argumente bestimmt  
gesucht: nichtrekursive / geschlossene Form

# Analyse rekursiver Funktionen

## Divide-and-Conquer-Algorithmen

- nichtrekursive Unterprogrammaufrufe sind einfach zu analysieren (separate Analyse des Funktionsaufrufs und Einsetzen)
- rekursive Aufrufstrukturen liefern **Rekursionsgleichungen**  
⇒ Funktionswert wird in Abhängigkeit von Funktionswerten für kleinere Argumente bestimmt  
gesucht: nichtrekursive / geschlossene Form

Anwendung: **Divide-and-Conquer**-Algorithmen

- gegeben: Problem der Größe  $n = b^k$  ( $k \in \mathbb{N}_0$ )
- falls  $k \geq 1$ :
  - ▶ zerlege das Problem in  $d$  Teilprobleme der Größe  $n/b$
  - ▶ löse die Teilprobleme ( $d$  rekursive Aufrufe)
  - ▶ setze aus den Teillösungen die Lösung zusammen
- falls  $k = 0$  bzw.  $n = 1$ : investiere Aufwand  $a$  zur Lösung

# Analyse rekursiver Funktionen

## Divide-and-Conquer-Algorithmen

- Betrachte den Aufwand für jede Rekursionstiefe
  - Anfang: Problemgröße  $n$
  - Level für Rekursionstiefe  $i$ :  $d^i$  Teilprobleme der Größe  $n/b^i$
- ⇒ Gesamtaufwand auf Rekursionslevel  $i$ :

$$d^i c \frac{n}{b^i} = cn \left(\frac{d}{b}\right)^i \quad (\text{geometrische Reihe})$$

$d < b$  Aufwand sinkt mit wachsender Rekursionstiefe; *erstes* Level entspricht konstantem Anteil des Gesamtaufwands

$d = b$  Gesamtaufwand für jedes Level gleich groß; maximale Rekursionstiefe logarithmisch, Gesamtaufwand  $\Theta(n \log n)$

$d > b$  Aufwand steigt mit wachsender Rekursionstiefe; *letztes* Level entspricht konstantem Anteil des Gesamtaufwands

# Analyse rekursiver Funktionen

Divide-and-Conquer-Algorithmen

Geometrische Folge:  $(a_i)_{i \in \mathbb{N}}$

Verhältnis benachbarter Folgenglieder konstant:  $q = a_{i+1}/a_i$

$n$ -te Partialsumme der geometrischen Reihe:

$$s_n = \sum_{i=0}^n a_i = a_0 + \dots + a_n = a_0 + a_0 q + a_0 q^2 + \dots a_0 q^n$$

Wert:

$$s_n = a_0 \frac{q^{n+1} - 1}{q - 1} \quad \text{für } q \neq 1$$

bzw.

$$s_n = a_0(n + 1) \quad \text{für } q = 1$$

# Analyse rekursiver Funktionen

## Divide-and-Conquer-Algorithmen

- Level 0: 1 Problem der Größe  $n = b^k$
- Level  $i$ :  $d^i$  Probleme der Größe  $n/b^i = b^{k-i}$
- Level  $k$ :  $d^k$  Probleme der Größe  $n/b^k = b^{k-k} = 1$ ,  
hier jedes mit Kosten  $a$ , also Kosten  $ad^k$

# Analyse rekursiver Funktionen

## Divide-and-Conquer-Algorithmen

- Level 0: 1 Problem der Größe  $n = b^k$
- Level  $i$ :  $d^i$  Probleme der Größe  $n/b^i = b^{k-i}$
- Level  $k$ :  $d^k$  Probleme der Größe  $n/b^k = b^{k-k} = 1$ ,  
hier jedes mit Kosten  $a$ , also Kosten  $ad^k$
- $d = b$ : Kosten  $ad^k = ab^k = an \in \Theta(n)$  auf Level  $k$ ,  
 $cnk = cn \log_b n \in \Theta(n \log n)$  für den Rest

# Analyse rekursiver Funktionen

## Divide-and-Conquer-Algorithmen

- Level 0: 1 Problem der Größe  $n = b^k$
- Level  $i$ :  $d^i$  Probleme der Größe  $n/b^i = b^{k-i}$
- Level  $k$ :  $d^k$  Probleme der Größe  $n/b^k = b^{k-k} = 1$ ,  
hier jedes mit Kosten  $a$ , also Kosten  $ad^k$
- $d = b$ : Kosten  $ad^k = ab^k = an \in \Theta(n)$  auf Level  $k$ ,  
 $cnk = cn \log_b n \in \Theta(n \log n)$  für den Rest
- $d < b$ : Kosten  $ad^k < ab^k = an \in O(n)$  auf Level  $k$ ,

Rest:  $cn \sum_{i=0}^{k-1} \left(\frac{d}{b}\right)^i = cn \frac{1 - (d/b)^k}{1 - d/b} < cn \frac{1}{1 - d/b} \in O(n)$

$> cn \in \Omega(n) \Rightarrow \Theta(n)$

# Analyse rekursiver Funktionen

## Divide-and-Conquer-Algorithmen

- $d > b$ :  $n = b^k$ , also  $k = \log_b n = \log_b d \cdot \log_d n$

$$d^k = d^{\log_b n} = d^{\log_d n \cdot \log_b d} = n^{\log_b d}$$

Kosten  $an^{\log_b d} \in \Theta(n^{\log_b d})$  auf Level  $k$ ,

$$\begin{aligned} \text{Rest: } cb^k \frac{(d/b)^k - 1}{d/b - 1} &= c \frac{d^k - b^k}{d/b - 1} \\ &= cd^k \frac{1 - (b/d)^k}{d/b - 1} \in \Theta(d^k) \in \Theta(n^{\log_b d}) \end{aligned}$$

# Master-Theorem

Lösung von Rekursionsgleichungen

## Satz (vereinfachtes Master-Theorem)

Seien  $a, b, c, d$  positive Konstanten und  $n = b^k$  mit  $k \in \mathbb{N}$ .

Betrachte folgende Rekursionsgleichung:

$$r(n) = \begin{cases} a & \text{falls } n = 1, \\ cn + d \cdot r(n/b) & \text{falls } n > 1. \end{cases}$$

Dann gilt:

$$r(n) = \begin{cases} \Theta(n) & \text{falls } d < b, \\ \Theta(n \log n) & \text{falls } d = b, \\ \Theta(n^{\log_b d}) & \text{falls } d > b. \end{cases}$$

# Untere Schranke

MergeSort hat Laufzeit  $O(n \log n)$  im worst case.

InsertionSort kann so implementiert werden, dass es im best case lineare Laufzeit hat.

Gibt es Sortierverfahren mit Laufzeit **besser als  $O(n \log n)$**  im worst case, z.B.  $O(n)$  oder  $O(n \log \log n)$ ?

⇒ nicht auf der Basis **einfacher Schlüsselvergleiche**

Entscheidungen:  $x_i < x_j \rightarrow$  ja / nein

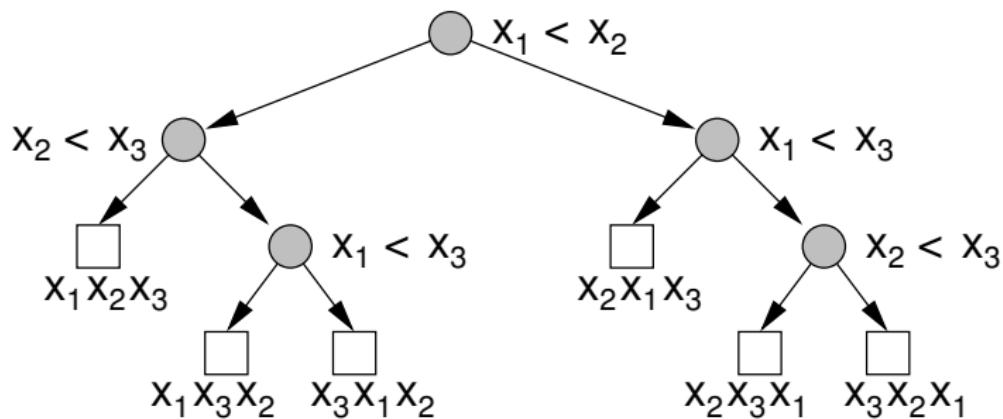
## Satz

Jeder vergleichsbasierte Sortieralgorithmus benötigt im worst case mindestens  $n \log n - O(n) \in \Theta(n \log n)$  Vergleiche.

# Untere Schranke

Vergleichsbasiertes Sortieren

Entscheidungsbaum mit Entscheidungen an den Knoten:



# Untere Schranke

## Vergleichsbasiertes Sortieren

muss insbesondere auch funktionieren, wenn alle  $n$  Schlüssel verschieden sind

⇒ Annahme: alle verschieden

Wieviele verschiedene Ergebnisse gibt es?

⇒ alle Permutationen:

$$n! = \sqrt{2\pi n} \left(\frac{n}{e}\right)^n \left(1 + O\left(\frac{1}{n}\right)\right) \geq \frac{n^n}{e^n} \sqrt{2\pi n}$$

Binärbaum der Höhe  $h$  hat höchstens  $2^h$  Blätter bzw.

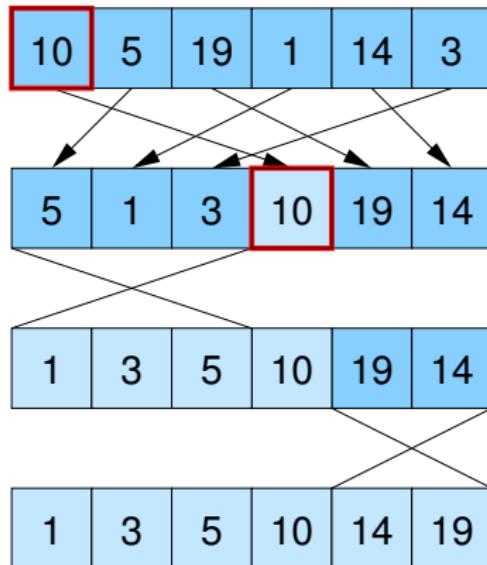
Binärbaum mit  $b$  Blättern hat mindestens Höhe  $\log_2 b$

$$\Rightarrow h \geq \log_2(n!) \geq n \log n - n \log e + \frac{1}{2} \log(2\pi n)$$

# QuickSort

Idee:

Aufspaltung in zwei Teilmengen, aber nicht in der Mitte der Sequenz wie bei MergeSort, sondern getrennt durch ein **Pivotelement**



# QuickSort abstrakt

```
quickSort {
```

Wähle Pivotelement;

// z.B. erstes, mittleres, letztes oder zufälliges Element

Splitte in kleinere und größere Schlüssel bzgl. Pivotelement;

// entweder in temporäre Arrays oder in-place

// ein Scan des Felds  $\Rightarrow O(n)$  Zeit

Sortiere Teilfeld mit kleineren Schlüsseln (rekursiv);

Sortiere Teilfeld mit größeren Schlüsseln (rekursiv);

```
}
```

# Implementierung: effizient und in-place

```
quickSort(Element[ ] a, int ℓ, int r) {  
    // a[ℓ...r]: zu sortierendes Feld  
    if (ℓ < r) {  
        p = a[r]; // Pivot  
        int i = ℓ - 1; int j = r;  
        do { // spalte Elemente in a[ℓ,...,r - 1] nach Pivot p  
            do { i++ } while (a[i] < p);  
            do { j-- } while (j ≥ ℓ ∧ a[j] > p);  
            if (i < j) swap(a, i, j);  
        } while (i < j);  
        swap (a, i, r); // Pivot an richtige Stelle  
        quickSort(a, ℓ, i - 1);  
        quickSort(a, i + 1, r);  
    }  
}
```

# QuickSort: Laufzeit

Problem:

- im Gegensatz zu MergeSort kann die Aufteilung in Teilprobleme **unbalanciert** sein (also nur im Optimalfall eine Halbierung)
- im worst case **quadratische** Laufzeit  
(z.B. wenn Pivotelement immer kleinstes oder größtes aller Elemente ist)

# QuickSort: Laufzeit

Problem:

- im Gegensatz zu MergeSort kann die Aufteilung in Teilprobleme **unbalanciert** sein (also nur im Optimalfall eine Halbierung)
- im worst case **quadratische** Laufzeit  
(z.B. wenn Pivotelement immer kleinstes oder größtes aller Elemente ist)

Lösungen:

- wähle **zufälliges** Pivotelement:  
Laufzeit  $O(n \log n)$  mit hoher Wahrscheinlichkeit
- berechne **Median** (mittleres Element):  
mit Selektionsalgorithmus, später in der Vorlesung

# QuickSort

Laufzeit bei zufälligem Pivot-Element

- Zähle Anzahl Vergleiche (Rest macht nur konstanten Faktor aus)
- $\bar{C}(n)$ : erwartete Anzahl Vergleiche bei  $n$  Elementen

## Satz

Die erwartete Anzahl von Vergleichen für QuickSort mit zufällig ausgewähltem Pivotelement ist

$$\bar{C}(n) \leq 2n \ln n \leq 1.39n \log_2 n$$

# QuickSort

## Beweis.

- Betrachte sortierte Sequenz  $\langle e'_1, \dots, e'_n \rangle$
  - nur Vergleiche mit Pivotelement
  - Pivotelement ist nicht in den rekursiven Aufrufen enthalten
- ⇒  $e'_i$  und  $e'_j$  werden höchstens einmal verglichen und zwar dann, wenn  $e'_i$  oder  $e'_j$  Pivotelement ist

# QuickSort

## Beweis.

- Zufallsvariable  $X_{ij} \in \{0, 1\}$
- $X_{ij} = 1 \Leftrightarrow e'_i$  und  $e'_j$  werden verglichen

$$\begin{aligned}\bar{C}(n) &= \mathbb{E} \left[ \sum_{i < j} X_{ij} \right] = \sum_{i < j} \mathbb{E} [X_{ij}] \\ &= \sum_{i < j} 0 \cdot \Pr [X_{ij} = 0] + 1 \cdot \Pr [X_{ij} = 1] \\ &= \sum_{i < j} \Pr [X_{ij} = 1]\end{aligned}$$

# QuickSort

## Lemma

$$\Pr[X_{ij} = 1] = 2/(j - i + 1)$$

## Beweis.

- Sei  $M = \{e'_i, \dots, e'_j\}$
- Irgendwann wird ein Element aus  $M$  als Pivot ausgewählt.
- Bis dahin bleibt  $M$  immer zusammen.
- $e'_i$  und  $e'_j$  werden genau dann *direkt* verglichen, wenn eines der beiden als Pivot ausgewählt wird
- Wahrscheinlichkeit:

$$\Pr[e'_i \text{ oder } e'_j \text{ aus } M \text{ ausgewählt}] = \frac{2}{|M|} = \frac{2}{j - i + 1}$$



# QuickSort

Beweis.

$$\begin{aligned}
 \bar{C} &= \sum_{i < j} \Pr[X_{ij} = 1] = \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n \frac{2}{j-i+1} \\
 &= \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{k=2}^{n-i+1} \frac{2}{k} = 2 \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{k=2}^{n-i+1} \frac{1}{k} \\
 &\leq 2 \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{k=2}^n \frac{1}{k} = 2(n-1) \sum_{k=2}^n \frac{1}{k} = 2(n-1)(H_n - 1) \\
 &\leq 2(n-1)(1 + \ln n - 1) \leq 2n \ln n = 2n \ln(2) \log_2(n)
 \end{aligned}$$



# QuickSort

Verbesserte Version ohne Check für Array-Grenzen

```
qSort(Element[] a, int ℓ, int r) {
    while (r - ℓ ≥ n₀) {
        j = pickPivotPos(a, ℓ, r);
        swap(a, ℓ, j);      p = a[ℓ];
        int i = ℓ;          int j = r;
        repeat {
            while (a[i] < p)    i++;
            while (a[j] > p)    j--;
            if (i ≤ j) { swap(a, i, j);  i++;  j--; }
        } until (i > j);
        if (i < (ℓ + r)/2) { qSort(a, ℓ, j);  ℓ = i; }
        else                  { qSort(a, i, r);  r = j; }
    }
    insertionSort(a, ℓ, r);
}
```

# Rang-Selektion

- Bestimmung des kleinsten und größten Elements ist mit einem einzigen Scan über das Array in Linearzeit möglich
- Aber wie ist das beim  $k$ -kleinsten Element, z.B. beim  $\lfloor n/2 \rfloor$ -kleinsten Element (Median)?

Problem:

Finde  **$k$ -kleinstes** Element in einer Menge von  $n$  Elementen

# Rang-Selektion

- Bestimmung des kleinsten und größten Elements ist mit einem einzigen Scan über das Array in Linearzeit möglich
- Aber wie ist das beim  $k$ -kleinsten Element, z.B. beim  $\lfloor n/2 \rfloor$ -kleinsten Element (Median)?

Problem:

Finde  **$k$ -kleinstes** Element in einer Menge von  $n$  Elementen

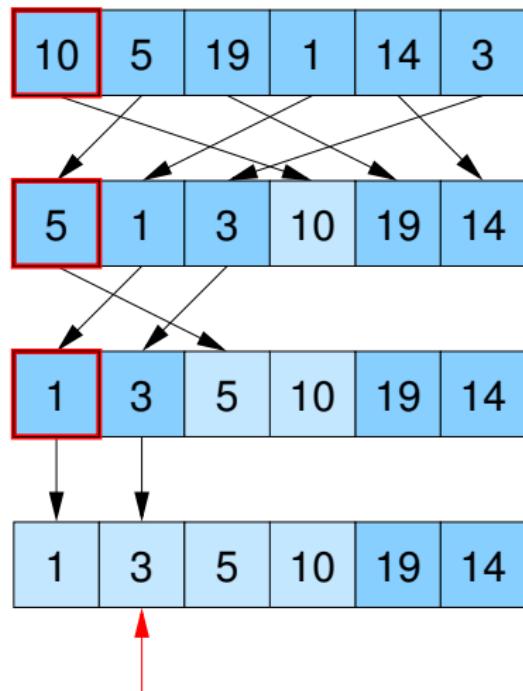
Naive Lösung: Sortieren und  $k$ -tes Element ausgeben

⇒ Zeit  $O(n \log n)$

Geht das auch **schneller**?

# QuickSelect

Ansatz: ähnlich zu QuickSort, aber nur eine Seite betrachten



# QuickSelect

Methode analog zu QuickSort

```
Element quickSelect(Element[] a, int l, int r, int k) {  
    // a[l...r]: Restfeld,   k: Rang des gesuchten Elements  
    if (r == l) return a[l];  
    int z = zufällige Position in {l, ..., r};  swap(a, z, r);  
    Element p = a[r];  int i = l - 1;  int j = r;  
    do { // spalte Elemente in a[l, ..., r - 1] nach Pivot p  
        do i++ while (a[i] < p);  
        do j-- while (a[j] > p && j != l);  
        if (i < j) swap(a, i, j);  
    } while (i < j);  
    swap (a, i, r); // Pivot an richtige Stelle  
    if (k < i) return quickSelect(a, l, i - 1, k);  
    if (k > i) return quickSelect(a, i + 1, r, k);  
    else return a[k]; // k == i  
}
```

# QuickSelect

Alternative Methode

```
Element select(Element[ ] s, int k) {  
    assert(|s| ≥ k);  
    Wähle  $p \in s$  zufällig (gleichverteilt);  
  
    Element[ ] a := { $e \in s : e < p$ };  
    if ( $|a| \geq k$ )  
        return select(a,k);  
  
    Element[ ] b := { $e \in s : e = p$ };  
    if ( $|a| + |b| \geq k$ )  
        return p;  
  
    Element[ ] c := { $e \in s : e > p$ };  
    return select(c, $k - |a| - |b|$ );  
}
```

# QuickSelect

Alternative Methode

## Beispiel

| s  | k | a b c   |
|--|---|---|
| $\langle 3, 1, 4, 1, 5, 9, \textcolor{red}{2}, 6, 5, 3, 5, 8, 9 \rangle$ | 7 | $\langle 1, 1 \rangle \langle 2 \rangle \langle \underline{3, 4, 5, 9, 6, 5, 3, 5, 8, 9} \rangle$ |
| $\langle 3, 4, 5, 9, \textcolor{red}{6}, 5, 3, 5, 8, 9 \rangle$          | 4 | $\langle \underline{3, 4, 5, 5, 3, 5} \rangle \langle 6 \rangle \langle 9, 8, 9 \rangle$          |
| $\langle 3, 4, \textcolor{red}{5}, 5, 3, 5 \rangle$                      | 4 | $\langle 3, 4, 3 \rangle \langle \underline{5, 5, 5} \rangle \langle \rangle$                     |

In der sortierten Sequenz würde also an 7. Stelle das Element 5 stehen.

Hier wurde das mittlere Element als Pivot verwendet.

# QuickSelect

teilt das Feld jeweils in 3 Teile:

- a Elemente kleiner als das Pivot
- b Elemente gleich dem Pivot
- c Elemente größer als das Pivot

$T(n)$ : erwartete Laufzeit bei  $n$  Elementen

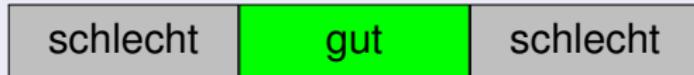
## Satz

Die erwartete Laufzeit von QuickSelect ist linear:  $T(n) \in O(n)$ .

# QuickSelect

## Beweis.

- Pivot ist **gut**, wenn weder  $a$  noch  $c$  länger als  $2/3$  der aktuellen Feldgröße sind:



⇒ Pivot ist gut, falls es im mittleren Drittel liegt

$$p = \Pr[\text{Pivot ist gut}] = 1/3$$

# QuickSelect

## Beweis.

- Pivot ist **gut**, wenn weder  $a$  noch  $c$  länger als  $2/3$  der aktuellen Feldgröße sind:



⇒ Pivot ist gut, falls es im mittleren Drittel liegt

$$p = \Pr[\text{Pivot ist gut}] = 1/3$$

Erwartete Zeit bei  $n$  Elementen

- linearer Aufwand außerhalb der rekursiven Aufrufe:  $cn$
- Pivot **gut** (Wsk. 1/3): Restaufwand  $\leq T(2n/3)$
- Pivot **schlecht** (Wsk. 2/3): Restaufwand  $\leq T(n - 1) < T(n)$

# QuickSelect

Beweis.

$$\begin{aligned} T(n) &\leq cn + p \cdot T(n \cdot 2/3) + (1 - p) \cdot T(n) \\ p \cdot T(n) &\leq cn + p \cdot T(n \cdot 2/3) \\ T(n) &\leq cn/p + T(n \cdot 2/3) \\ &\leq cn/p + c \cdot (n \cdot 2/3)/p + T(n \cdot (2/3)^2) \\ \dots &\text{ wiederholtes Einsetzen} \\ &\leq (cn/p)(1 + 2/3 + 4/9 + 8/27 + \dots) \\ &\leq \frac{cn}{p} \cdot \sum_{i \geq 0} (2/3)^i \\ &\leq \frac{cn}{1/3} \cdot \frac{1}{1 - 2/3} = 9cn \in O(n) \end{aligned}$$



# Sortieren schneller als $O(n \log n)$

## Buckets

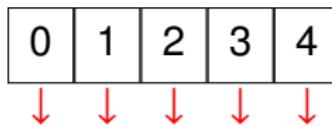
- mit paarweisen Schlüsselvergleichen: nie besser als  $O(n \log n)$
- Was aber, wenn die Schlüsselmenge mehr Struktur hat?  
z.B. Zahlen / Strings bestehend aus mehreren Ziffern / Zeichen
- Um zwei Zahlen / Strings zu vergleichen reicht oft schon die erste Ziffer / das erste Zeichen.  
Nur bei gleichem Anfang kommt es auf mehr Ziffern / Zeichen an.

# Sortieren schneller als $O(n \log n)$

## Buckets

- mit paarweisen Schlüsselvergleichen: nie besser als  $O(n \log n)$
- Was aber, wenn die Schlüsselmenge mehr Struktur hat?  
z.B. Zahlen / Strings bestehend aus mehreren Ziffern / Zeichen
- Um zwei Zahlen / Strings zu vergleichen reicht oft schon die erste Ziffer / das erste Zeichen.  
Nur bei gleichem Anfang kommt es auf mehr Ziffern / Zeichen an.
- Annahme: Elemente sind Zahlen im Bereich  $\{0, \dots, K - 1\}$
- Strategie: verwende Feld von  $K$  Buckets (z.B. Listen)

|   |   |   |   |   |   |   |   |   |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 3 | 0 | 1 | 3 | 2 | 4 | 3 | 4 | 2 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|



# Sortieren schneller als $O(n \log n)$

## Buckets

```
Sequence<Elem> kSort(Sequence<Elem> s) {  
    Sequence<Elem>[ ] b = new Sequence<Elem>[K];  
    foreach (e ∈ s)  
        b[key(e)].pushBack(e);  
    return concatenate(b); // Aneinanderreihung von b[0], . . . , b[k-1]  
}
```

# Sortieren schneller als $O(n \log n)$

Buckets

```
Sequence<Elem> kSort(Sequence<Elem> s) {  
    Sequence<Elem>[] b = new Sequence<Elem>[K];  
    foreach (e ∈ s)  
        b[key(e)].pushBack(e);  
    return concatenate(b); // Aneinanderreihung von b[0], . . . , b[k-1]  
}
```

Laufzeit:  $\Theta(n + K)$       Problem: nur gut für  $K \in o(n \log n)$   
Speicher:  $\Theta(n + K)$

# Sortieren schneller als $O(n \log n)$

## Buckets

```
Sequence<Elem> kSort(Sequence<Elem> s) {  
    Sequence<Elem>[] b = new Sequence<Elem>[K];  
    foreach (e ∈ s)  
        b[key(e)].pushBack(e);  
    return concatenate(b); // Aneinanderreihung von b[0],...,b[k-1]  
}
```

Laufzeit:  $\Theta(n + K)$       Problem: nur gut für  $K \in o(n \log n)$   
Speicher:  $\Theta(n + K)$

- wichtig: kSort ist **stabil**, d.h. Elemente mit dem gleichen Schlüssel behalten ihre relative Reihenfolge  
⇒ Elemente müssen im jeweiligen Bucket *hinten* angehängt werden

# RadixSort

- verwende  **$K$ -adische Darstellung** der Schlüssel
- Annahme:  
Schlüssel sind Zahlen aus  $\{0, \dots, K^d - 1\}$  repräsentiert durch  **$d$**  Stellen von Ziffern aus  $\{0, \dots, K - 1\}$
- sortiere zunächst entsprechend der niedrigstwertigen Ziffer mit **kSort** und dann nacheinander für immer höherwertigere Stellen
- behalte Ordnung der Teillisten bei

# RadixSort

```
radixSort(Sequence<Elem> s) {  
    for (int i = 0; i < d; i++)  
        kSort(s,i);      // sortiere gemäß keyi(x)  
                        // mit keyi(x) = (key(x)/Ki) mod K  
}
```

# RadixSort

```
radixSort(Sequence<Elem> s) {  
    for (int i = 0; i < d; i++)  
        kSort(s,i);      // sortiere gemäß keyi(x)  
                        // mit keyi(x) = (key(x)/Ki) mod K  
}
```

Verfahren funktioniert, weil kSort **stabil** ist:

Elemente mit gleicher  $i$ -ter Ziffer bleiben sortiert bezüglich der Ziffern  $i-1 \dots 0$  während der Sortierung nach Ziffer  $i$

Laufzeit:  $O(d(n + K))$  für  $n$  Schlüssel aus  $\{0, \dots, K^d - 1\}$

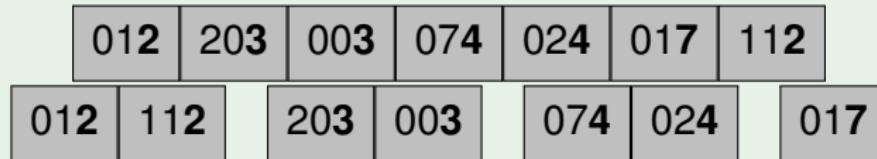
# RadixSort

## Beispiel

|     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 012 | 203 | 003 | 074 | 024 | 017 | 112 |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

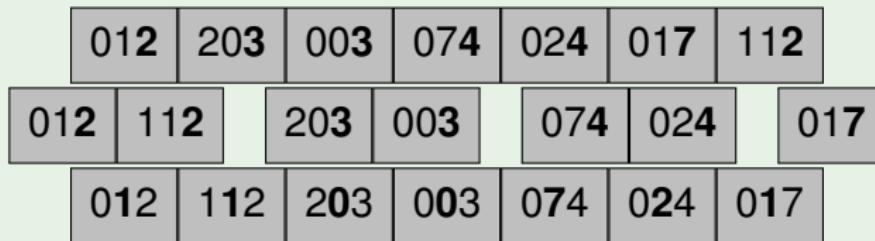
# RadixSort

## Beispiel



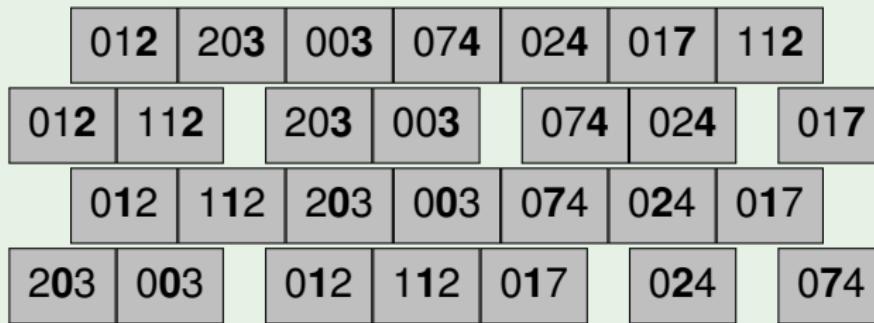
# RadixSort

## Beispiel



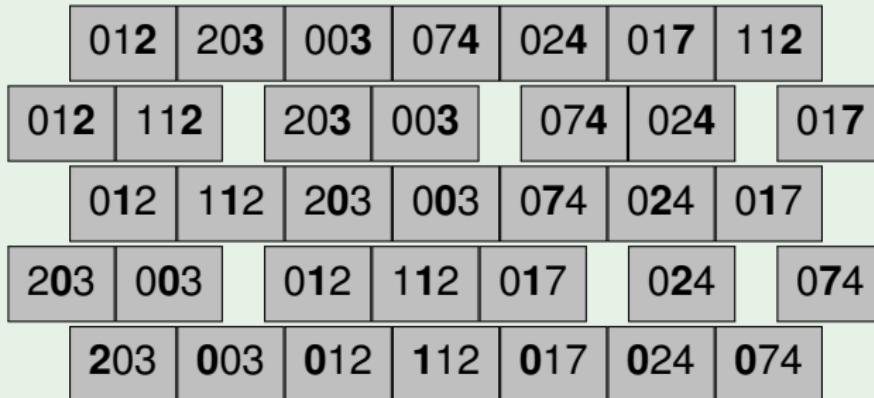
# RadixSort

## Beispiel



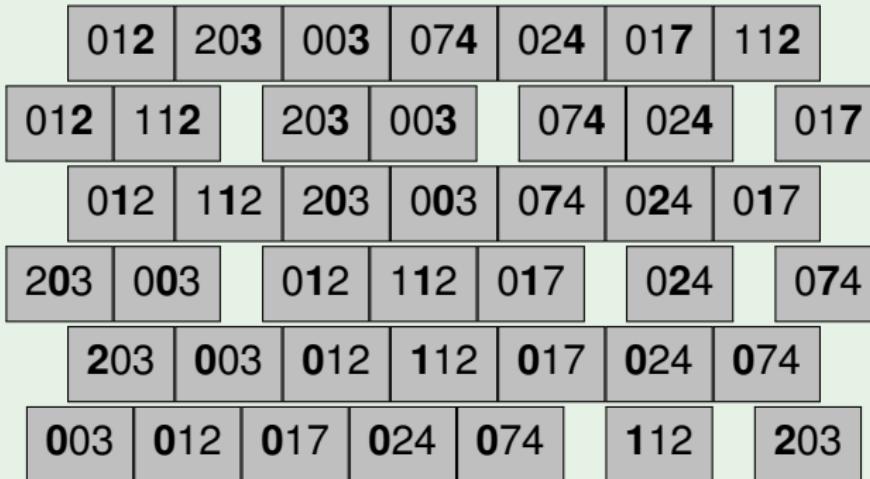
# RadixSort

## Beispiel



# RadixSort

## Beispiel



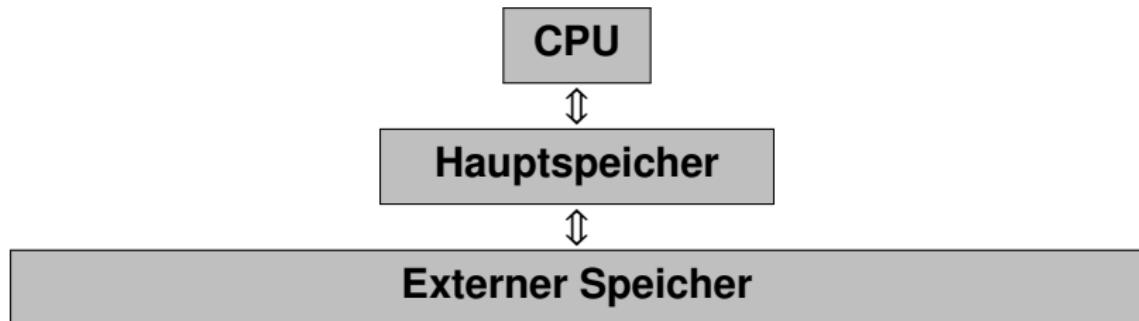
# RadixSort

## Beispiel

|     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 012 | 203 | 003 | 074 | 024 | 017 | 112 |
| 012 | 112 | 203 | 003 | 074 | 024 | 017 |
| 012 | 112 | 203 | 003 | 074 | 024 | 017 |
| 203 | 003 | 012 | 112 | 017 | 024 | 074 |
| 203 | 003 | 012 | 112 | 017 | 024 | 074 |
| 003 | 012 | 017 | 024 | 074 | 112 | 203 |
| 003 | 012 | 017 | 024 | 074 | 112 | 203 |

# Externes Sortieren

Heutige Computer:



- Hauptspeicher hat Größe  $M$
- Transfer zwischen Hauptspeicher und externem Speicher mit Blockgröße  $B$

# Externes Sortieren

Problem:

Minimiere Anzahl **Blocktransfers** zwischen internem und externem Speicher

Anmerkung:

Gleiches Problem trifft auch auf anderen Stufen der Hierarchie zu (Cache)

# Externes Sortieren

Problem:

Minimiere Anzahl **Blocktransfers** zwischen internem und externem Speicher

Anmerkung:

Gleiches Problem trifft auch auf anderen Stufen der Hierarchie zu (Cache)

Lösung: Verwende **MergeSort**

Vorteil:

MergeSort verwendet oft konsekutive Elemente (**Scanning**)  
(geht auf Festplatte schneller als Random Access-Zugriffe)

# Externes Sortieren

- Eingabe: großes Feld auf der Festplatte
- Annahme: Anzahl der Elemente  $n$  ist durch  $B$  teilbar ( $B \mid M$ )  
(sonst z.B. Auffüllen mit maximalem Schlüssel)

# Externes Sortieren

- Eingabe: großes Feld auf der Festplatte
- Annahme: Anzahl der Elemente  $n$  ist durch  $B$  teilbar ( $B \mid M$ )  
(sonst z.B. Auffüllen mit maximalem Schlüssel)

## Run Formation Phase:

- Lade wiederholt Teilstück der Größe  $M$  in den Speicher,
- sortiere es mit einem in-place-Sortierverfahren,
- schreibe sortiertes Teilstück (Run) wieder zurück auf die Festplatte

# Externes Sortieren

- Eingabe: großes Feld auf der Festplatte
- Annahme: Anzahl der Elemente  $n$  ist durch  $B$  teilbar ( $B \mid M$ )  
(sonst z.B. Auffüllen mit maximalem Schlüssel)

Run Formation Phase:

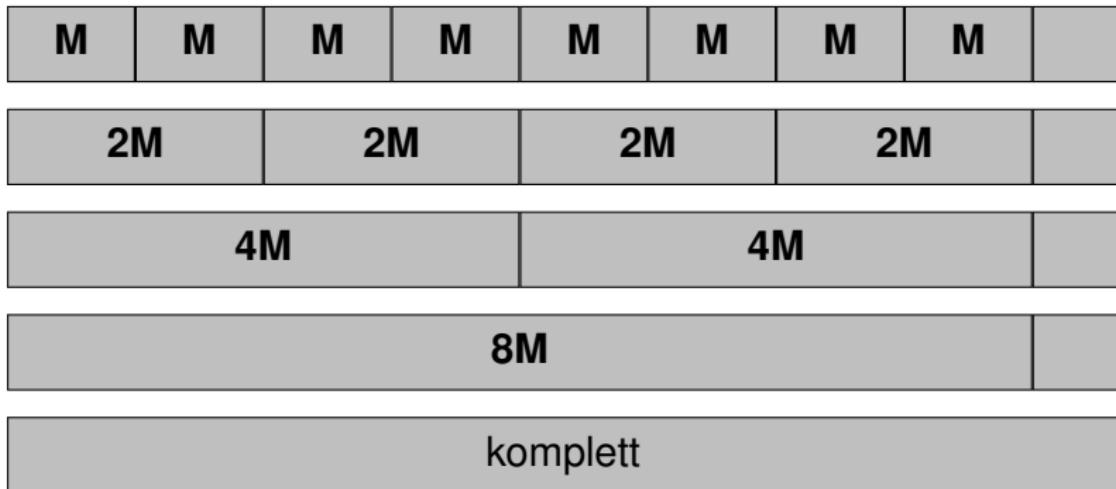
- Lade wiederholt Teilstück der Größe  $M$  in den Speicher,
  - sortiere es mit einem in-place-Sortierverfahren,
  - schreibe sortiertes Teilstück (Run) wieder zurück auf die Festplatte
- ⇒ benötigt  $n/B$  Blocklese- und  $n/B$  Blockschreiboperationen  
Laufzeit:  $2n/B$  Transfers
- ergibt sortierte Bereiche (Runs) der Größe  $M$



# Externes Sortieren

## Merge Phasen

- Merge von jeweils 2 Teilstücken in  $\lceil \log_2(n/M) \rceil$  Phasen
- dabei jeweils Verdopplung der Größe der sortierten Teile



# Merge von zwei Runs

- von jedem der beiden Runs und von der Ausgabesequenz bleibt ein Block im Hauptspeicher (**3 Puffer**: 2x Eingabe, 1x Ausgabe)
- Anfang: beide Eingabepuffer mit  $B$  Elementen (1 Block) laden, Ausgabepuffer leer
- Dann: jeweils führende Elemente der beiden Eingabepuffer vergleichen und das kleinere in den Ausgabepuffer schreiben
- Wenn Eingabepuffer leer  $\Rightarrow$  neuen Block laden
- Wenn Ausgabepuffer voll  $\Rightarrow$  Block auf Festplatte schreiben und Ausgabepuffer leeren

# Merge von zwei Runs

- von jedem der beiden Runs und von der Ausgabesequenz bleibt ein Block im Hauptspeicher (**3 Puffer**: 2x Eingabe, 1x Ausgabe)
  - Anfang: beide Eingabepuffer mit  $B$  Elementen (1 Block) laden, Ausgabepuffer leer
  - Dann: jeweils führende Elemente der beiden Eingabepuffer vergleichen und das kleinere in den Ausgabepuffer schreiben
  - Wenn Eingabepuffer leer  $\Rightarrow$  neuen Block laden
  - Wenn Ausgabepuffer voll  $\Rightarrow$  Block auf Festplatte schreiben und Ausgabepuffer leeren
  - In jeder Merge-Phase wird das ganze Feld einmal gelesen und geschrieben
- $\Rightarrow (2n/B)(1 + \lceil \log_2(n/M) \rceil)$  Block-Transfers

# Multiway-MergeSort

- Verfahren funktioniert, wenn 3 Blöcke in den Speicher passen
- Wenn mehr Blöcke in den Speicher passen, kann man gleich  $k \geq 2$  Runs mergen.
- Benutze Prioritätswarteschlange (Priority Queue) zur Minimumermittlung, wobei die Operationen  $O(\log k)$  Zeit kosten
- $(k + 1)$  Blocks und die PQ müssen in den Speicher passen  
 $\Rightarrow (k + 1)B + O(k) \leq M$ , also  $k \in O(M/B)$
- Anzahl Merge-Phasen reduziert auf  $\lceil \log_k(n/M) \rceil$   
 $\Rightarrow (2n/B) \left(1 + \lceil \log_{M/B}(n/M) \rceil\right)$  Block-Transfers
- In der Praxis: Anzahl Merge-Phasen gering
- Wenn  $n \leq M^2/B$ : nur eine einzige Merge-Phase  
(erst  $M/B$  Runs der Größe  $M$ , dann einmal Merge)

# Prioritätswarteschlangen

$M$ : Menge von Elementen

$\text{prio}(e)$ : Priorität von Element  $e$

Operationen:

- $M.\text{build}(\{e_1, \dots, e_n\})$ :  $M = \{e_1, \dots, e_n\}$
- $M.\text{insert}(\text{Element } e)$ :  $M = M \cup e$
- Element  $M.\text{min}()$ : gib ein  $e$  mit minimaler Priorität  $\text{prio}(e)$  zurück
- Element  $M.\text{deleteMin}()$ :  
entferne Element  $e$  mit minimalem Wert  $\text{prio}(e)$   
und gib es zurück

# Adressierbare Prioritätswarteschlangen

Zusätzliche Operationen für **adressierbare** Priority Queues:

- Handle **insert**(Element e): wie zuvor, gibt aber ein Handle (Referenz / Zeiger) auf das eingefügte Element zurück
- **remove**(Handle *h*): lösche Element spezifiziert durch Handle *h*
- **decreaseKey**(Handle *h*, int *k*): reduziere Schlüssel / Priorität des Elements auf Wert *k* (je nach Implementation evt. auch um Differenz *k*)
- M.**merge**(Q):  $M = M \cup Q; Q = \emptyset;$

# Prioritätswarteschlangen mit Listen

Priority Queue mittels **unsortierter** Liste:

- $\text{build}(\{e_1, \dots, e_n\})$ : Zeit  $O(n)$
- $\text{insert}(\text{Element } e)$ : Zeit  $O(1)$
- $\text{min}(), \text{deleteMin}()$ : Zeit  $O(n)$

Priority Queue mittels **sortierter** Liste:

- $\text{build}(\{e_1, \dots, e_n\})$ : Zeit  $O(n \log n)$
- $\text{insert}(\text{Element } e)$ : Zeit  $O(n)$
- $\text{min}(), \text{deleteMin}()$ : Zeit  $O(1)$

⇒ Bessere Struktur als eine Liste notwendig!

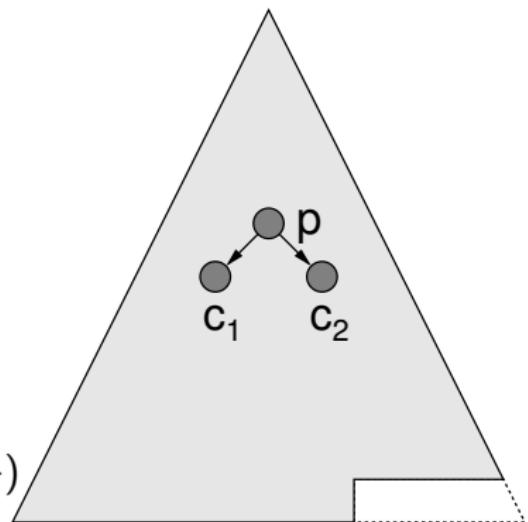
# Binärer Heap

Idee: verwende Binärbaum

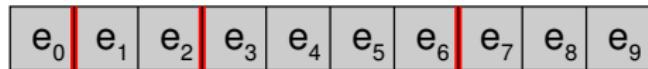
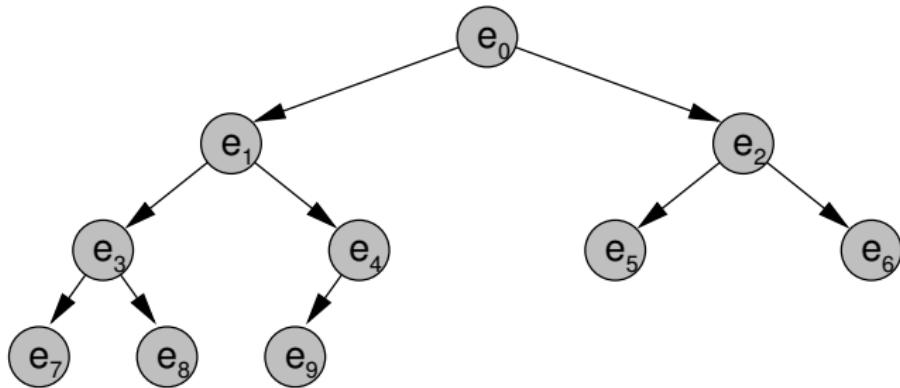
Bewahre zwei Invarianten:

- **Form-Invariante:** fast vollständiger Binärbaum
- **Heap-Invariante:**

$$\text{prio}(p) \leq \min \{\text{prio}(c_1), \text{prio}(c_2)\}$$



# Binärer Heap als Feld



- Kinder von Knoten  $H[i]$  in  $H[2i + 1]$  und  $H[2i + 2]$
- Form-Invariante:  $H[0] \dots H[n - 1]$  besetzt
- Heap-Invariante:  $H[i] \leq \min\{H[2i + 1], H[2i + 2]\}$

# Binärer Heap als Feld

**insert( $e$ )**

- Form-Invariante:  $H[n] = e$ ;  $\text{siftUp}(n)$ ;  $n++$ ;
- Heap-Invariante:  
vertausche  $e$  mit seinem Vater bis  
 $\text{prio}(H[\lfloor(k - 1)/2\rfloor]) \leq \text{prio}(e)$  für  $e$  in  $H[k]$  (oder  $e$  in  $H[0]$ )

**siftUp( $i$ ) {**

while ( $i > 0 \wedge \text{prio}(H[\lfloor(i - 1)/2\rfloor]) > \text{prio}(H[i])$ ) {

swap( $H, i, \lfloor(i - 1)/2\rfloor$ );

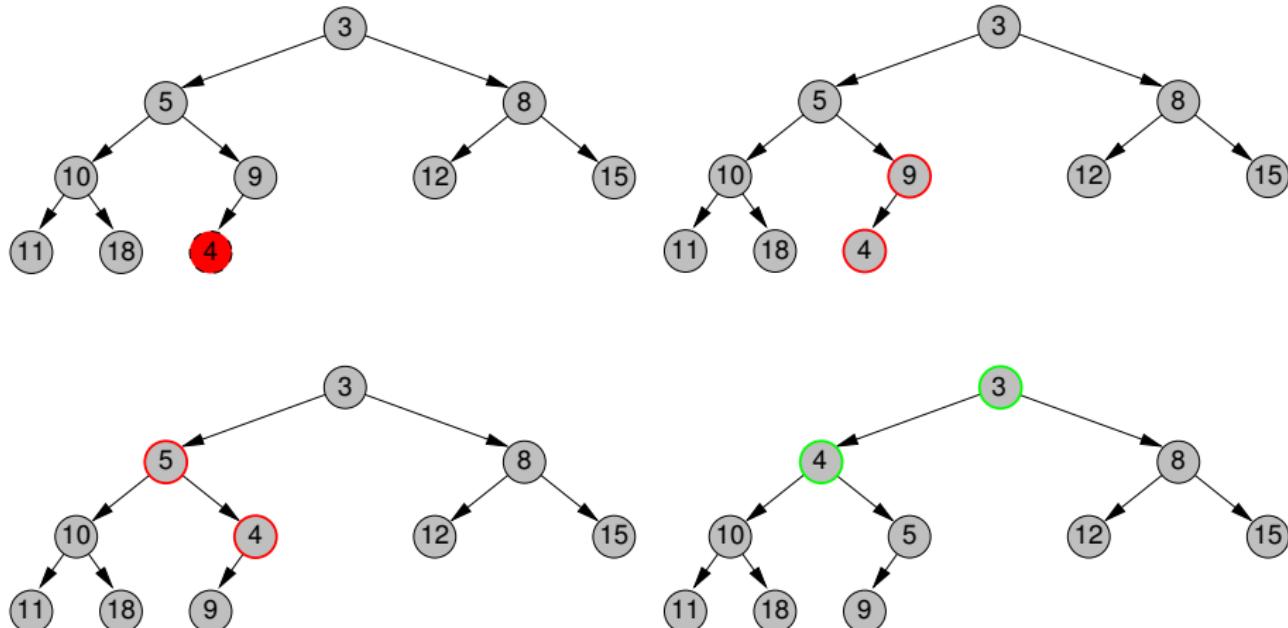
$i = (i - 1)/2$ ;

}

}

- Laufzeit:  $O(\log n)$

# Heap - siftUp()



# Binärer Heap als Feld

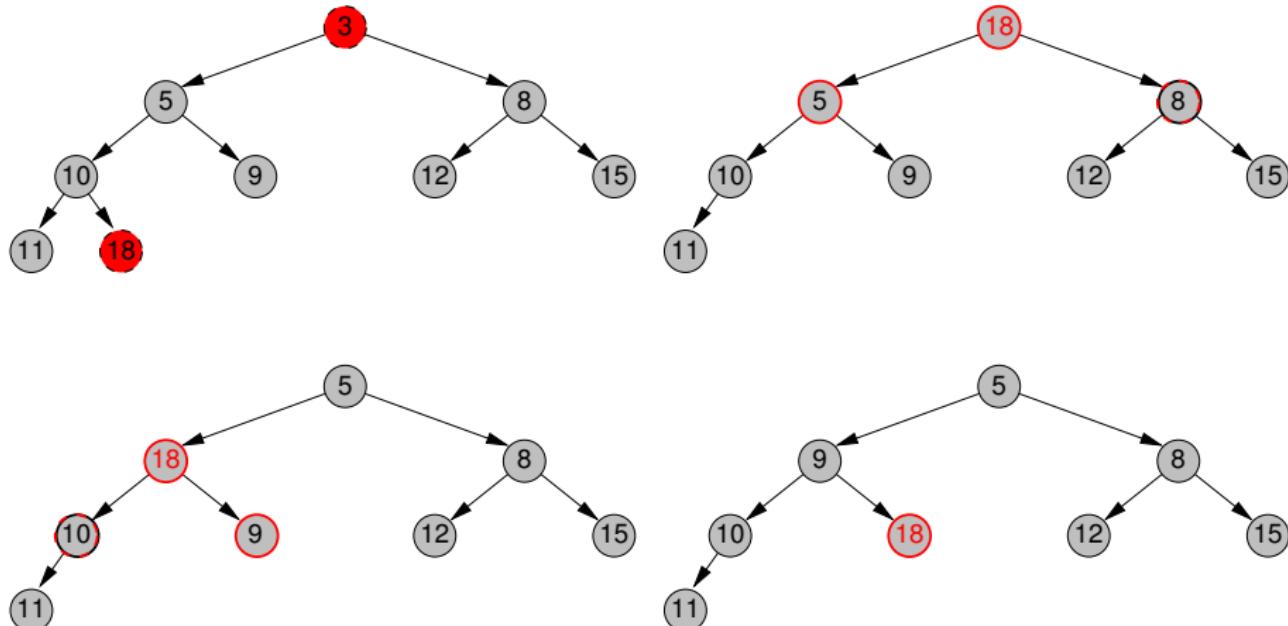
## deleteMin()

- Form-Invariante:  
 $e = H[0];$   
 $n--;$   
 $H[0] = H[n];$   
siftDown(0);  
return  $e;$
- Heap-Invariante: (siftDown)  
vertausche  $e$  (anfangs Element in  $H[0]$ ) mit dem Kind, das die kleinere Priorität hat, bis  $e$  ein Blatt ist oder  
 $\text{prio}(e) \leq \min\{\text{prio}(c_1(e)), \text{prio}(c_2(e))\}.$
- Laufzeit:  $O(\log n)$

# Binärer Heap als Feld

```
siftDown(i) {  
    int m;  
    while ( $2i + 1 < n$ ) {  
        if ( $2i + 2 \geq n$ )  
            m =  $2i + 1$ ;  
        else  
            if ( $\text{prio}(H[2i + 1]) < \text{prio}(H[2i + 2])$ )  
                m =  $2i + 1$ ;  
            else m =  $2i + 2$ ;  
        if ( $\text{prio}(H[i]) \leq \text{prio}(H[m])$ )  
            return;  
        swap(H, i, m);  
        i = m;  
    }  
}
```

# Heap - siftDown()



# Binärer Heap / Aufbau

**build**( $\{e_0, \dots, e_{n-1}\}$ )

- naiv:

Für alle  $i \in \{0, \dots, n - 1\}$ :  
 $\text{insert}(e_i)$

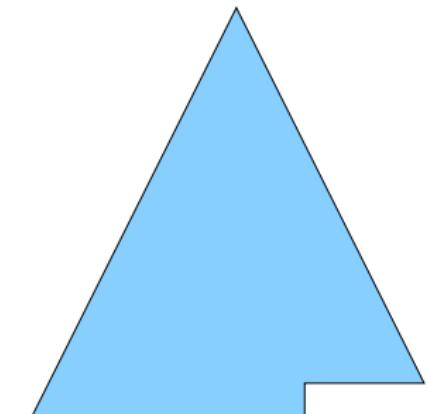
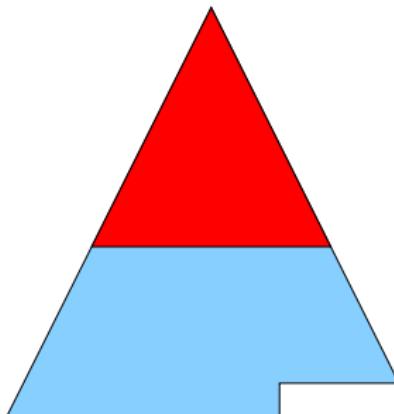
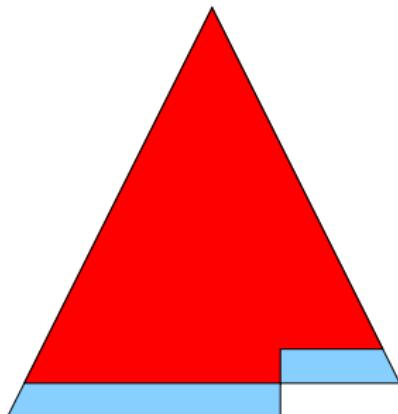
$\Rightarrow$  Laufzeit:  $\Theta(n \log n)$

# Binärer Heap / Aufbau

**build**( $\{e_0, \dots, e_{n-1}\}$ )

effizient:

- Für alle  $i \in \{0, \dots, n - 1\}$ :  
 $H[i] := e_i.$
- Für alle  $i \in \left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor - 1, \dots, 0\right\}$ :  
 $\text{siftDown}(i)$



# Binärer Heap / Aufbau

Laufzeit:

- $k = \lfloor \log n \rfloor$ : Baumtiefe (gemessen in Kanten)
- siftDown-Kosten von Level  $\ell$  aus proportional zur Resttiefe ( $k - \ell$ )
- Es gibt  $\leq 2^\ell$  Knoten in Tiefe  $\ell$ .

$$O\left(\sum_{0 \leq \ell < k} 2^\ell (k - \ell)\right) \subseteq O\left(2^k \sum_{0 \leq \ell < k} \frac{k - \ell}{2^{k-\ell}}\right) \subseteq O\left(2^k \sum_{j \geq 1} \frac{j}{2^j}\right) \subseteq O(n)$$


---

$$\begin{aligned} \sum_{j \geq 1} j \cdot 2^{-j} &= \sum_{j \geq 1} 2^{-j} + \sum_{j \geq 2} 2^{-j} + \sum_{j \geq 3} 2^{-j} + \dots \\ &= 1 \cdot \sum_{j \geq 1} 2^{-j} + \frac{1}{2} \cdot \sum_{j \geq 1} 2^{-j} + \frac{1}{4} \cdot \sum_{j \geq 1} 2^{-j} + \dots \\ &= (1 + 1/2 + 1/4 + \dots) \sum_{j \geq 1} 2^{-j} = 2 \cdot 1 = 2 \end{aligned}$$

# Laufzeiten des Binären Heaps

- $\text{min}()$ :  $O(1)$
- $\text{insert}(e)$ :  $O(\log n)$
- $\text{deleteMin}()$ :  $O(\log n)$
- $\text{build}(e_0, \dots, e_{n-1})$ :  $O(n)$
- M. $\text{merge}(Q)$ :  $\Theta(n)$

Adressen bzw. Feldindizes in array-basierten Binärheaps können nicht als Handles verwendet werden, da die Elemente bei den Operationen verschoben werden

⇒ ungeeignet als adressierbare PQs (kein remove bzw. decreaseKey)

# HeapSort

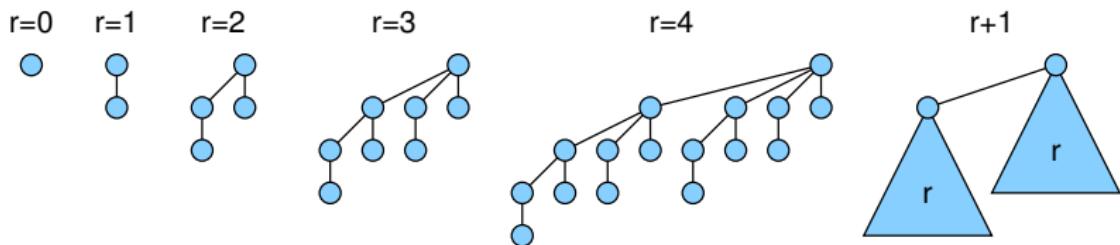
Verbesserung von SelectionSort:

- erst build( $e_0, \dots, e_{n-1}$ ):  $O(n)$
  - dann  $n \times \text{deleteMin}()$ :  
vertausche in jeder Runde erstes und letztes Heap-Element,  
dekrementiere Heap-Größe und führe `siftDown(0)` durch:  
 $O(n \log n)$
- ⇒ sortiertes Array entsteht von hinten,  
ansteigende Sortierung kann mit Max-Heap erzeugt werden
- in-place, aber nicht stabil
  - Gesamtlaufzeit:  $O(n \log n)$

# Binomial-Bäume

Binomial Heaps bestehen aus **Binomial-Bäumen**

- Form-Invariante:



- Heap-Invariante:

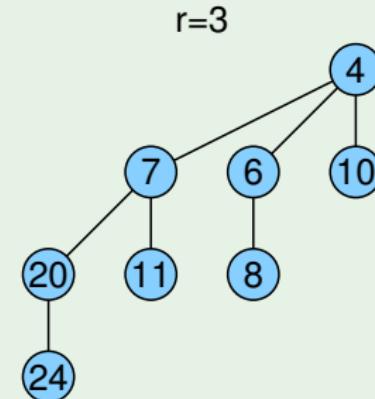
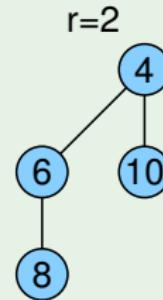
$$\text{prio(Vater)} \leq \text{prio(Kind)}$$

Elemente der Priority Queue werden in Heap Items gespeichert, die eine feste Adresse im Speicher haben und damit als Handles dienen können (im Gegensatz zu array-basierten Binärheaps)

# Binomial-Bäume

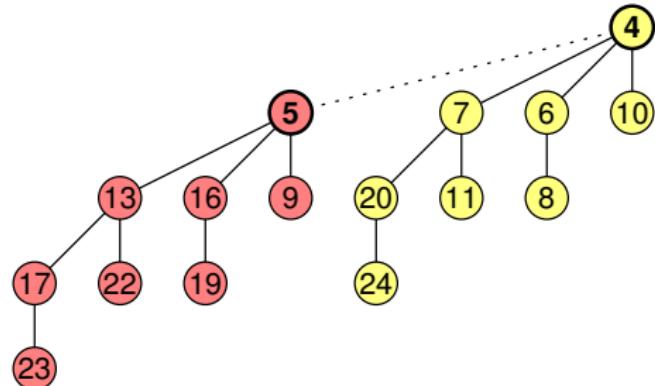
## Beispiel

Korrekte Binomial-Bäume:

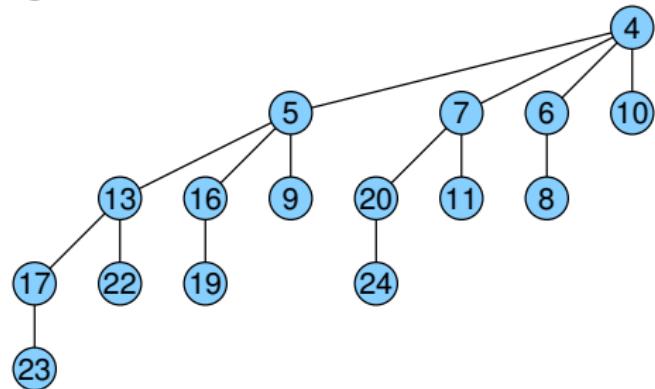


# Binomial-Baum: Merge

Wurzel mit größerem Wert  
wird neues Kind der Wurzel  
mit kleinerem Wert!  
(Heap-Bedingung)

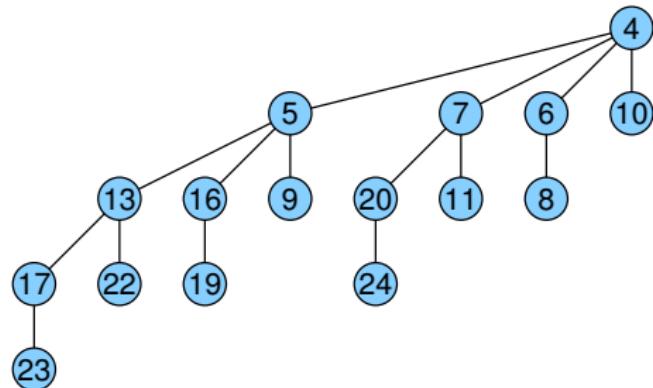


aus zwei  $B_{r-1}$  wird ein  $B_r$

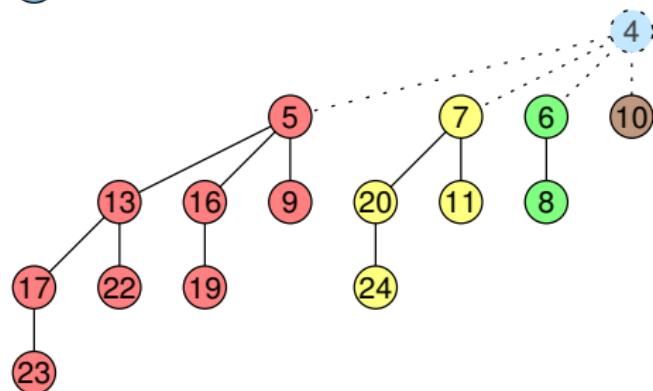


# Binomial-Baum: Löschen der Wurzel (deleteMin)

aus einem  $B_r$



werden  $B_{r-1}, \dots, B_0$



# Binomial-Baum: Knotenzahl

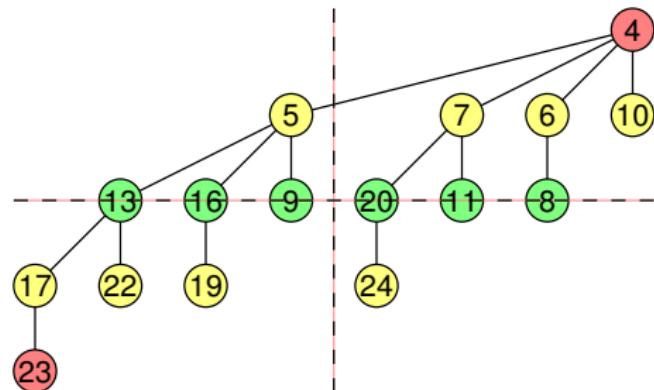
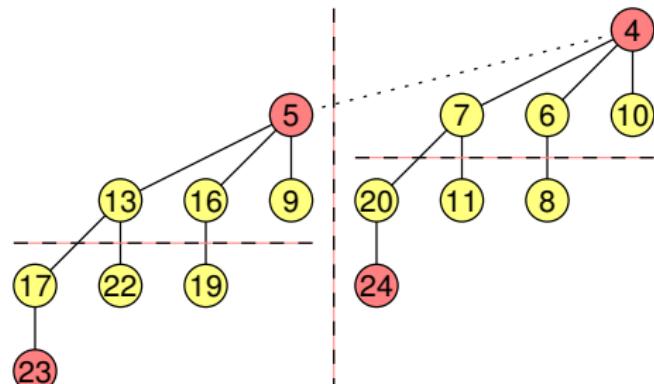
$B_r$  hat auf Level  $k \in \{0, \dots, r\}$   
genau  $\binom{r}{k}$  Knoten

Warum?

Bei Bau des  $B_r$  aus  $2 B_{r-1}$  gilt:

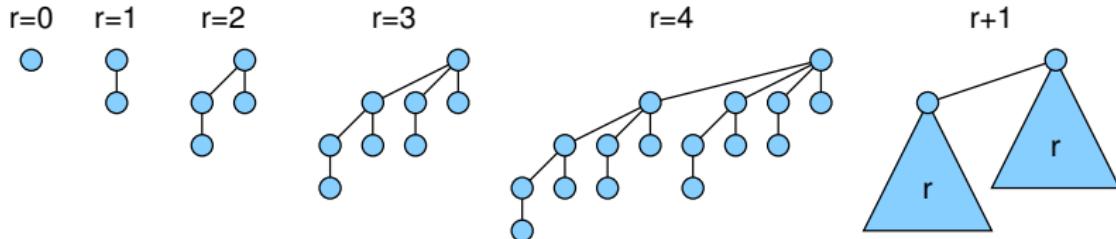
$$\binom{r}{k} = \binom{r-1}{k-1} + \binom{r-1}{k}$$

Insgesamt:  $B_r$  hat  $2^r$  Knoten



# Binomial-Bäume

Eigenschaften von Binomial-Bäumen:



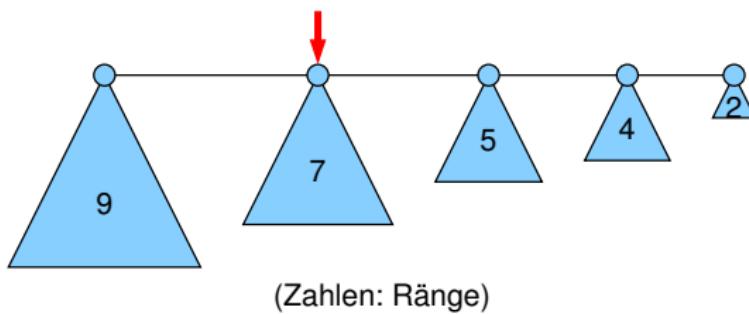
Binomial-Baum vom **Rang  $r$**

- hat Höhe  $r$  (gemessen in Kanten)
- hat maximalen Grad  $r$  (Wurzel)
- hat auf Level  $\ell \in \{0, \dots, r\}$  genau  $\binom{r}{\ell}$  Knoten
- hat  $\sum_{\ell=0}^r \binom{r}{\ell} = 2^r$  Knoten
- zerfällt bei Entfernen der Wurzel in  $r$  Binomial-Bäume von Rang 0 bis  $r - 1$

# Binomial Heap

Binomial Heap:

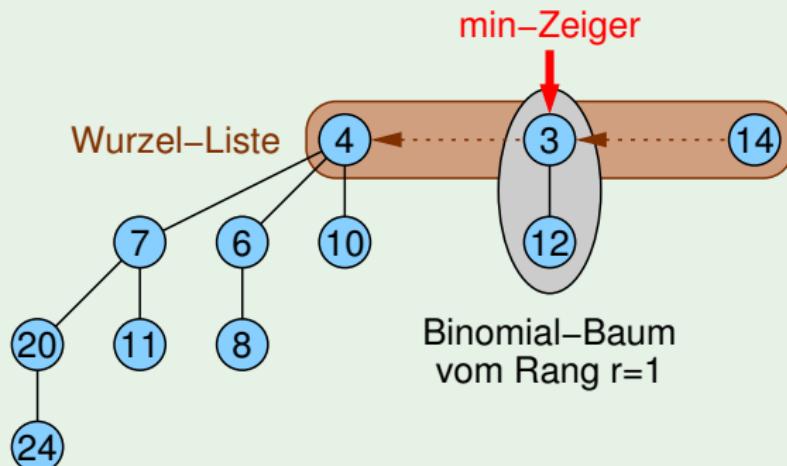
- verkettete Liste von Binomial-Bäumen
- pro Rang maximal 1 Binomial-Baum
- Zeiger auf Wurzel mit minimalem Prioritätswert



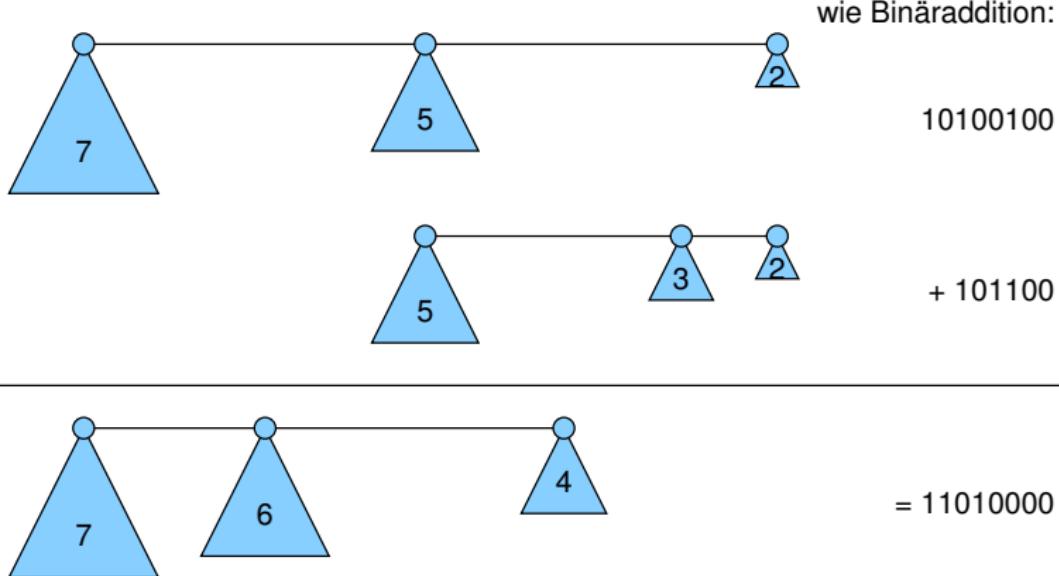
# Binomial Heap

## Beispiel

Korrekter Binomial Heap:



# Merge von zwei Binomial Heaps



Aufwand für Merge:  $O(\log n)$

# Binomial Heaps

$B_i$ : Binomial-Baum mit Rang  $i$

Operationen:

- $\text{merge}$ :  $O(\log n)$
- $\text{insert}(e)$ : Merge mit  $B_0$ , Zeit  $O(\log n)$
- $\text{min}()$ : spezieller Zeiger, Zeit  $O(1)$
- $\text{deleteMin}()$ :  
sei das Minimum in  $B_i$ ,  
durch Löschen der Wurzel zerfällt der Binomialbaum in  
 $B_0, \dots, B_{i-1}$   
Merge mit dem restlichen Binomial Heap kostet  $O(\log n)$

# Binomial Heaps

Weitere Operationen:

- **decreaseKey( $h, k$ ):** siftUp-Operation in Binomial-Baum für das Element, auf das  $h$  zeigt,  
dann ggf. noch min-Zeiger aktualisieren

Zeit:  $O(\log n)$

- **remove( $h$ ):** Sei  $e$  das Element, auf das  $h$  zeigt.  
Setze  $\text{prio}(e) = -\infty$  und wende siftUp-Operation auf  $e$  an bis  $e$  in der Wurzel, dann weiter wie bei deleteMin

Zeit:  $O(\log n)$

# Bessere Laufzeit mit Fibonacci-Heaps

## Fibonacci-Heaps

Verbesserung von Binomial Heaps mit folgenden Kosten:

- min, insert, merge:  $O(1)$  (worst case)
- decreaseKey:  $O(1)$  (amortisiert)
- deleteMin, remove:  $O(\log n)$  (amortisiert)

Wir werden darauf bei den Graph-Algorithmen zurückgreifen.

# Vergleich Wörterbuch / Suchstruktur

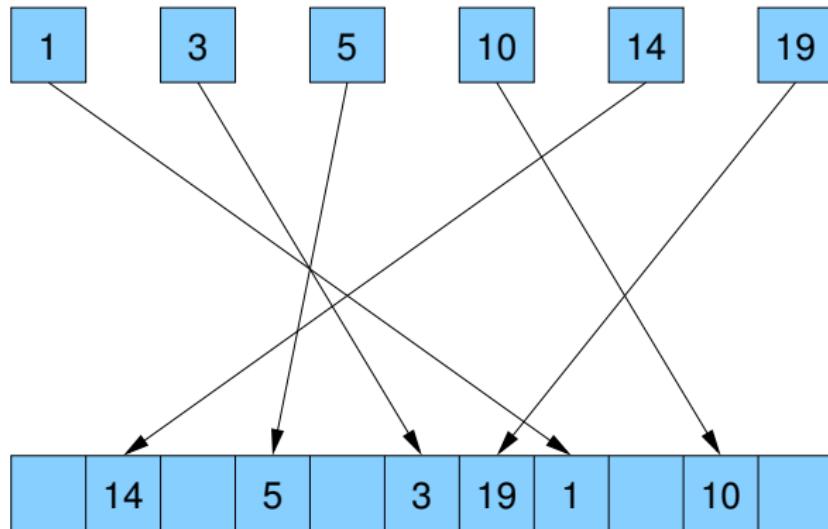
- $S$ : Menge von Elementen
- Element  $e$  wird identifiziert über eindeutigen Schlüssel  $\text{key}(e)$

Operationen:

- $S.\text{insert}(\text{Elem } e)$ :  $S = S \cup \{e\}$
- $S.\text{remove}(\text{Key } k)$ :  $S = S \setminus \{e\}$ ,  
wobei  $e$  das Element mit  $\text{key}(e) == k$  ist
- $S.\text{find}(\text{Key } k)$ : (Wörterbuch)  
gibt das Element  $e \in S$  mit  $\text{key}(e) == k$  zurück, falls es existiert,  
sonst null
- $S.\text{locate}(\text{Key } k)$ : (Suchstruktur)  
gibt das Element  $e \in S$  mit minimalem Schlüssel  $\text{key}(e)$  zurück,  
für das  $\text{key}(e) \geq k$

# Vergleich Wörterbuch / Suchstruktur

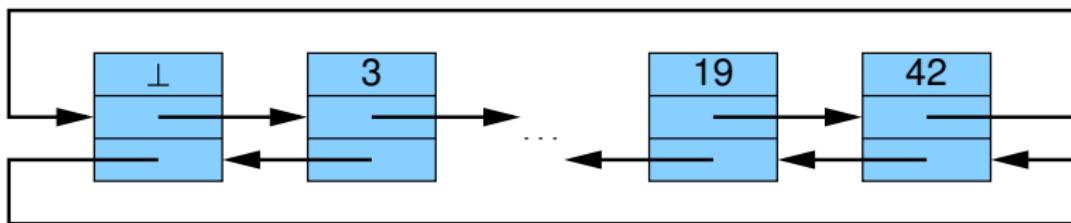
- Wörterbuch effizient über Hashing realisierbar



- Hashing **zerstört die Ordnung** auf den Elementen
  - ⇒ keine effiziente locate-Operation
  - ⇒ keine Intervallanfragen

# Suchstruktur

Erster Ansatz: **sortierte** Liste



Problem:

- insert, remove, locate kosten im worst case  $\Theta(n)$  Zeit

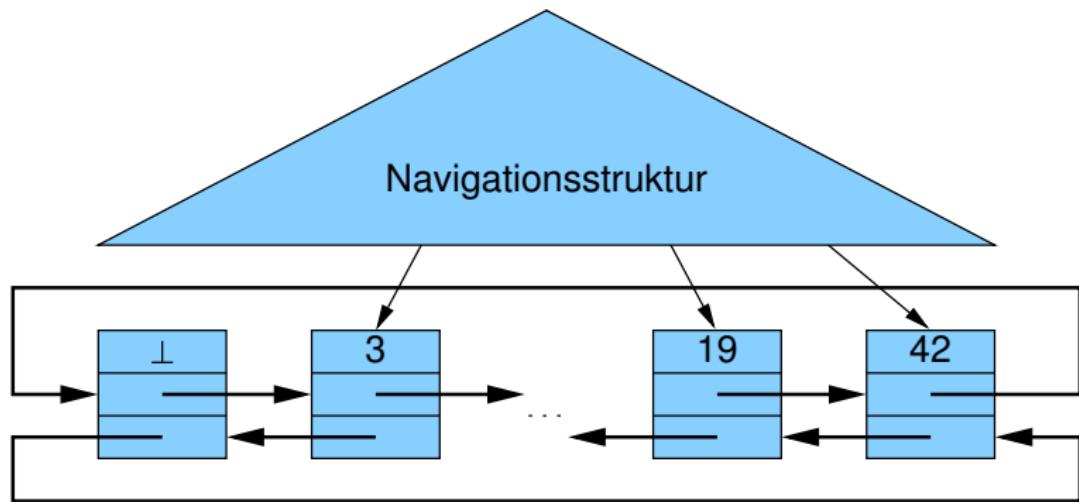
Einsicht:

- wenn locate effizient implementierbar, dann auch die anderen Operationen

# Suchstruktur

Idee:

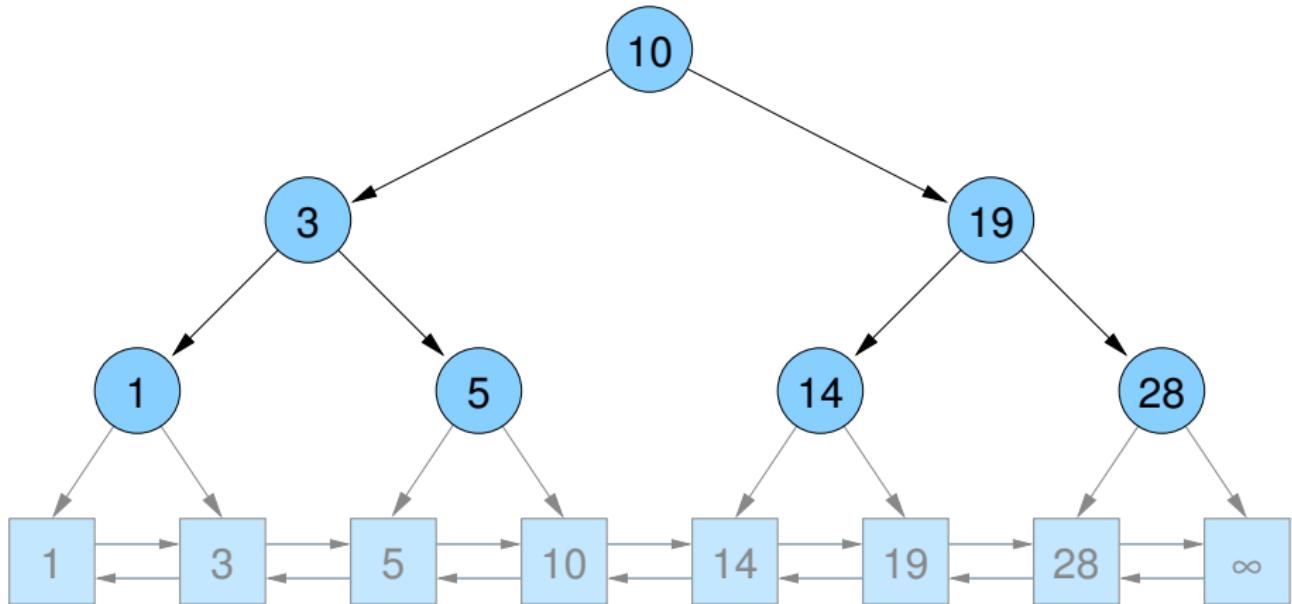
- füge Navigationsstruktur hinzu, die locate effizient macht



# Suchbäume

- extern** Baumknoten enthalten nur Navigationsinformationen  
Nutzdaten sind in den Blättern gespeichert.  
(hier: mittels Zeiger auf Elemente einer sortierten Liste)
  
- intern** Nutzdaten sind schon an den inneren Knoten gespeichert

# Binärer Suchbaum (ideal)

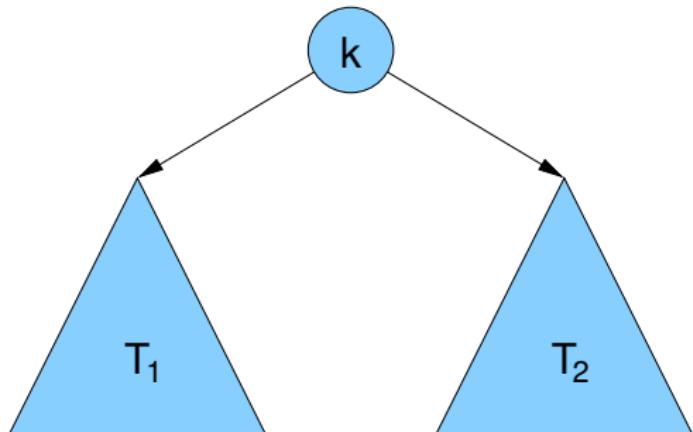


# Binärer Suchbaum

Suchbaum-Regel:

Für alle Schlüssel  
 $k_1$  in  $T_1$  und  $k_2$  in  $T_2$ :

$$k_1 \leq k < k_2$$



locate-Strategie:

- Starte in Wurzel des Suchbaums
- Für jeden erreichten Knoten  $v$ :

Falls  $\text{key}(v) \geq k_{\text{gesucht}}$ , gehe zum linken Kind von  $v$ ,  
sonst gehe zum rechten Kind

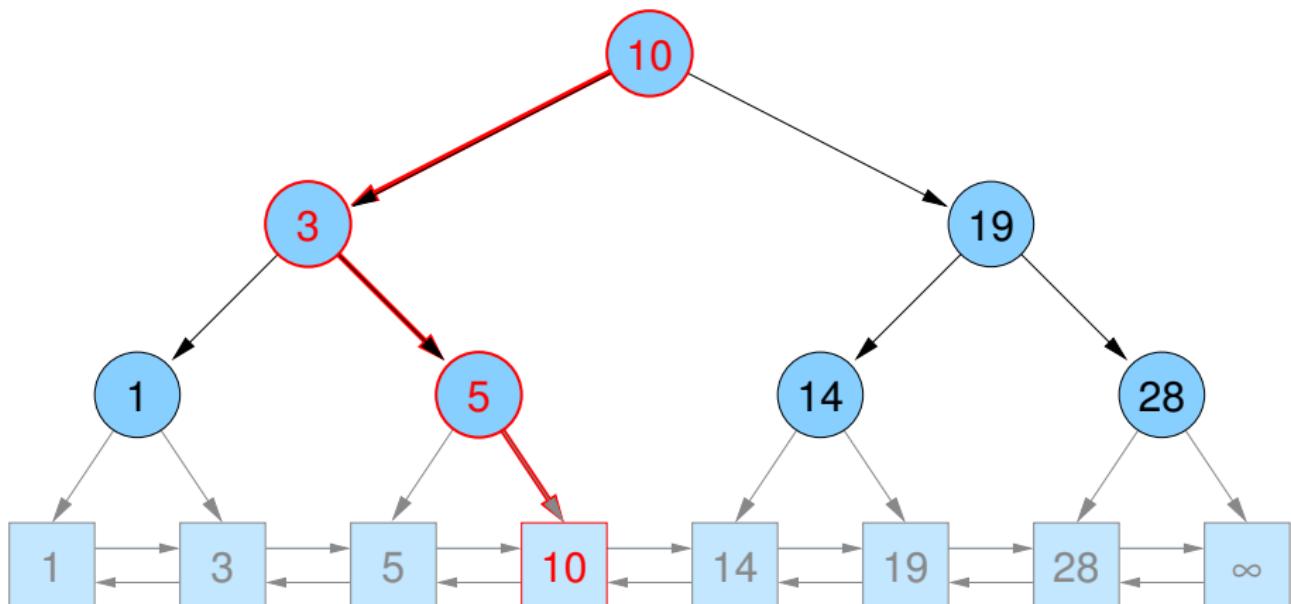
# Binärer Suchbaum

Formal: für einen Baumknoten  $v$  sei

- $\text{key}(v)$  der Schlüssel von  $v$
  - $d(v)$  der Ausgangsgrad (Anzahl Kinder) von  $v$
- 
- **Suchbaum-Invariante:**  $k_1 \leq k < k_2$   
(Sortierung der linken und rechten Nachfahren)
  - **Grad-Invariante:**  $d(v) \leq 2$   
(alle Baumknoten haben höchstens 2 Kinder)
  - **Schlüssel-Invariante:**  
(Für jedes Element  $e$  in der Liste gibt es *genau einen* Baumknoten  $v$  mit  $\text{key}(v) == \text{key}(e)$ )

# Binärer Suchbaum / locate

locate(9)



# Binärer Suchbaum / insert, remove

Strategie:

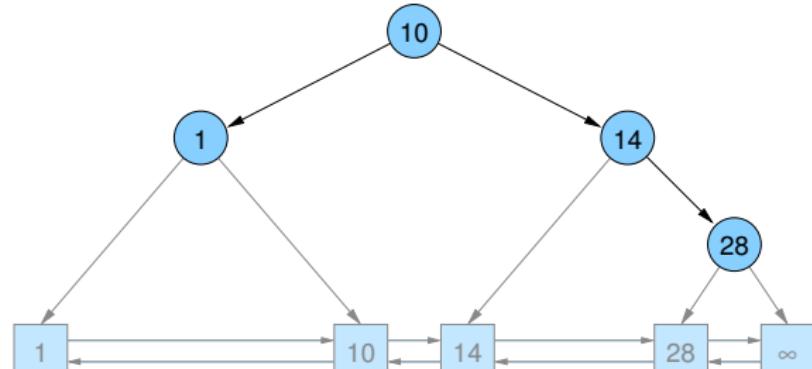
- **insert( $e$ ):**
  - erst wie  $\text{locate}(\text{key}(e))$  bis Element  $e'$  in Liste erreicht
  - falls  $\text{key}(e') > \text{key}(e)$ :  
füge  $e$  vor  $e'$  ein, sowie ein neues Suchbaumblatt für  $e$  und  $e'$  mit  $\text{key}(e)$  als Splitter Key, so dass Suchbaum-Regel erfüllt

# Binärer Suchbaum / insert, remove

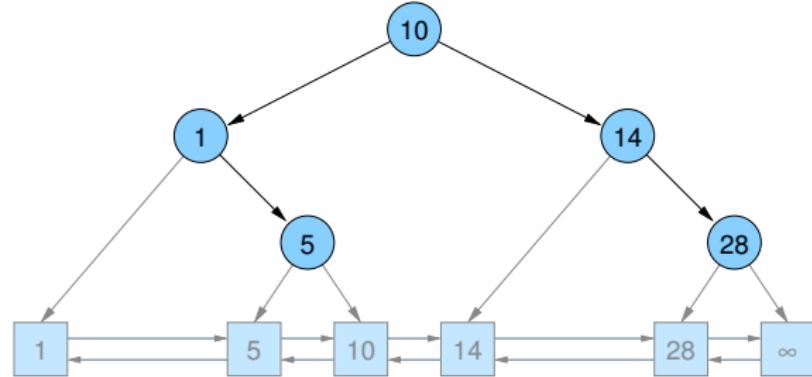
Strategie:

- **insert( $e$ ):**
  - erst wie  $\text{locate}(\text{key}(e))$  bis Element  $e'$  in Liste erreicht
  - falls  $\text{key}(e') > \text{key}(e)$ :  
füge  $e$  vor  $e'$  ein, sowie ein neues Suchbaumblatt für  $e$  und  $e'$  mit  $\text{key}(e)$  als Splitter Key, so dass Suchbaum-Regel erfüllt
- **remove( $k$ ):**
  - erst wie  $\text{locate}(k)$  bis Element  $e$  in Liste erreicht
  - falls  $\text{key}(e) = k$ , lösche  $e$  aus Liste und Vater  $v$  von  $e$  aus Suchbaum und
  - setze in dem Baumknoten  $w$  mit  $\text{key}(w) = k$  den neuen Wert  $\text{key}(w) = \text{key}(v)$

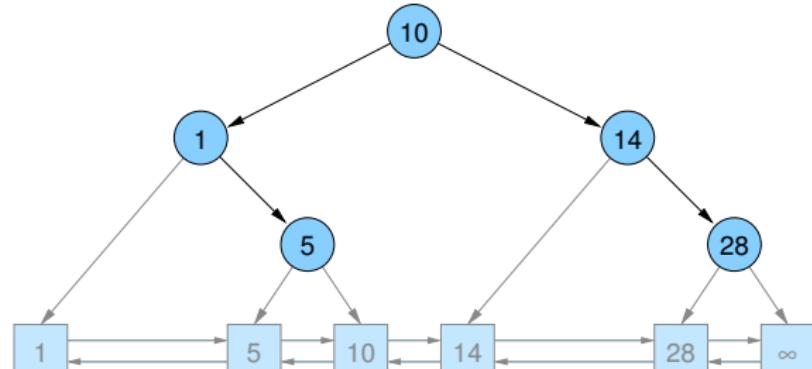
# Binärer Suchbaum / insert, remove



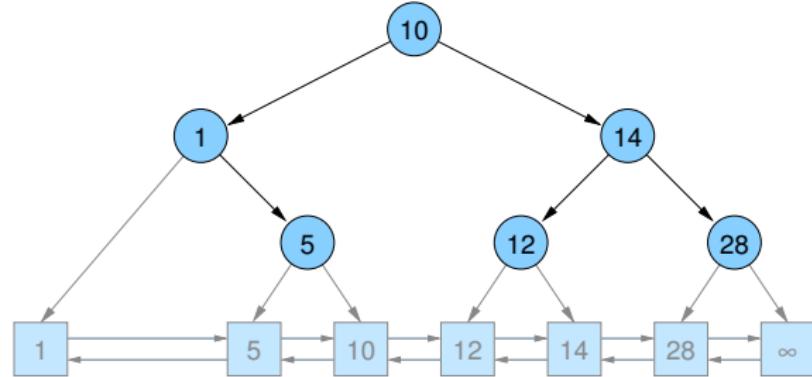
insert(5)



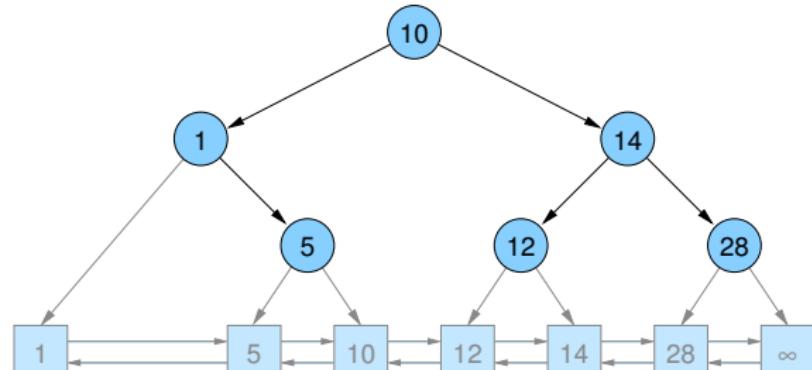
# Binärer Suchbaum / insert, remove



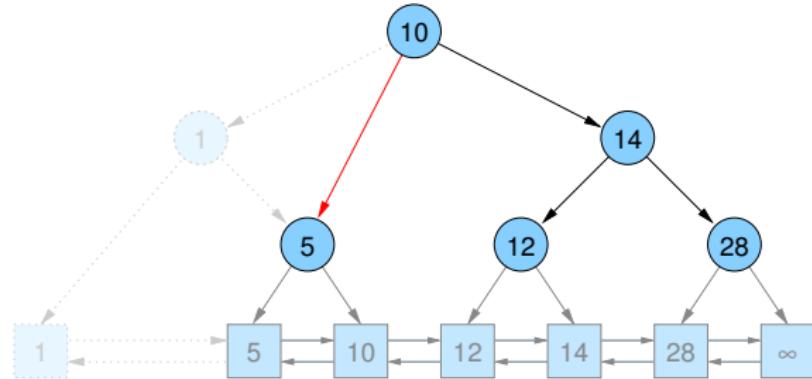
insert(12)



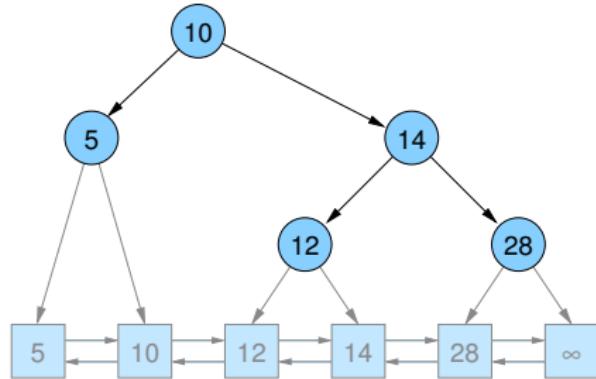
# Binärer Suchbaum / insert, remove



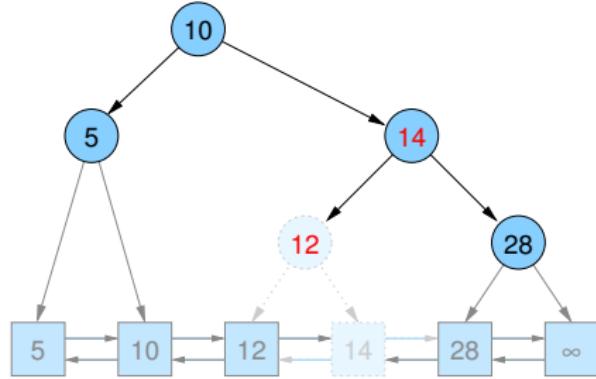
remove(1)



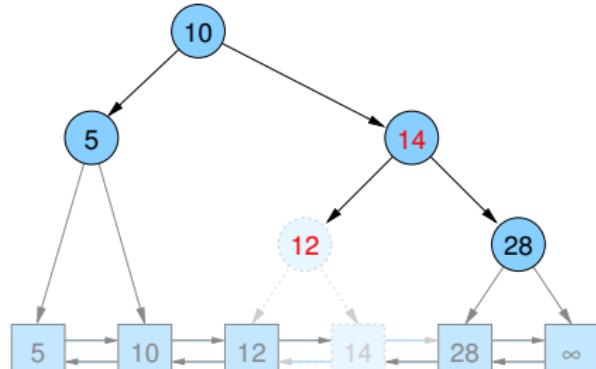
# Binärer Suchbaum / insert, remove



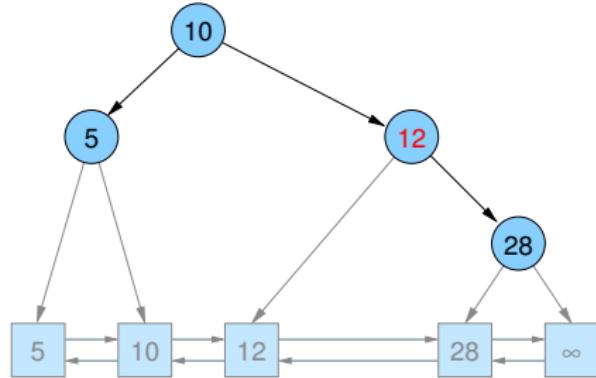
remove(14)



# Binärer Suchbaum / insert, remove



remove(14)

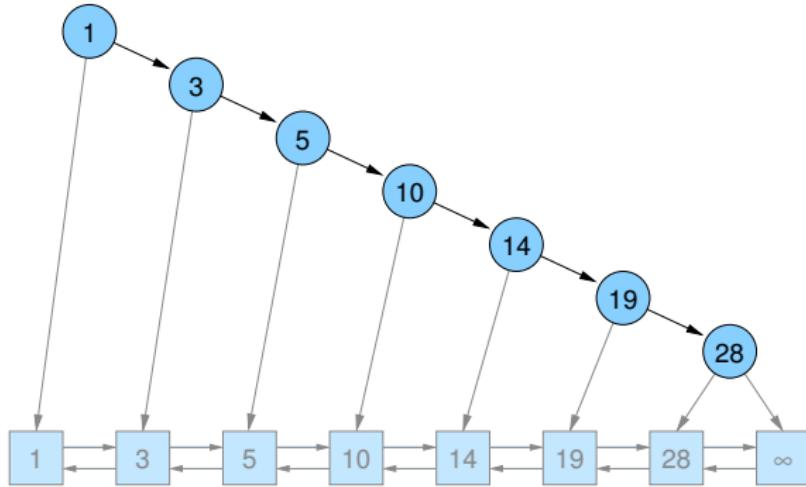


# Binärer Suchbaum / worst case

Problem:

- Baumstruktur kann zur **Liste** entarten
- Höhe des Baums kann linear in der Anzahl der Elemente werden  
⇒ **locate** kann im worst case Zeitaufwand  $\Theta(n)$  verursachen

Beispiel: Zahlen werden in sortierter Reihenfolge eingefügt



# AVL-Bäume

Balancierte binäre Suchbäume

Strategie zur Lösung des Problems:

- Balancierung des Baums

Georgy M. Adelson-Velsky & Evgenii M. Landis (1962):

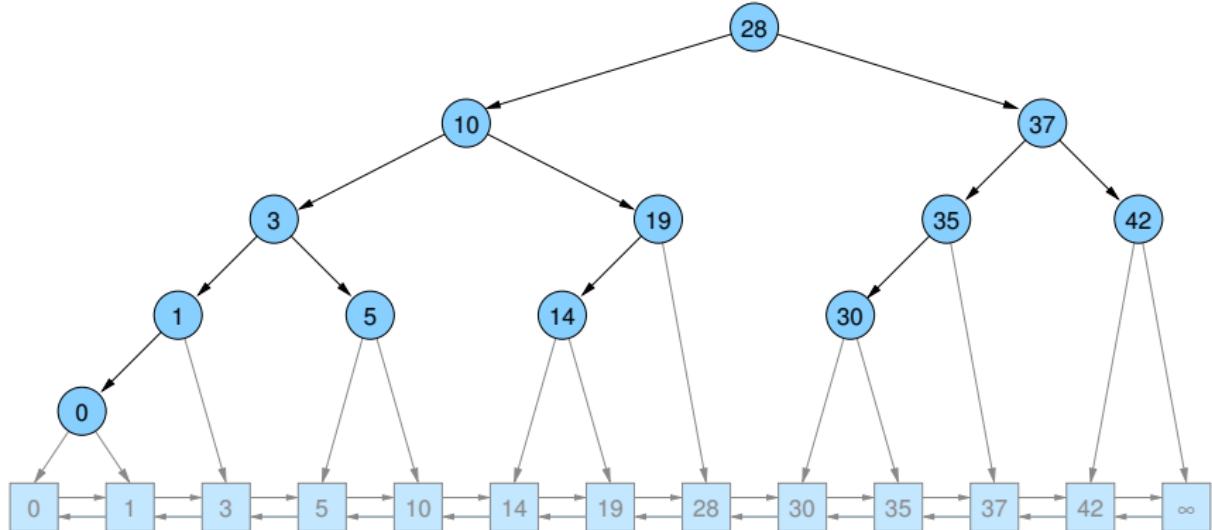
- Beschränkung der Höhenunterschiede für Teilbäume auf  $[-1, 0, +1]$
- ⇒ führt nicht unbedingt zu einem idealen unvollständigen Binärbaum (wie wir ihn von array-basierten Heaps kennen), aber zu einem hinreichenden Gleichgewicht

# AVL-Bäume: Worst Case / Fibonacci-Baum

- **Laufzeit** der Operation hängt von der **Baumhöhe** ab
- Was ist die größte Höhe bei gegebener Anzahl von Elementen?
- bzw: Wieviel Elemente hat ein Baum mit Höhe  $h$  mindestens?
- Für mindestens ein Kind hat der Unterbaum Höhe  $h - 1$ .  
Worst case: Unterbaum am anderen Kind hat Höhe  $h - 2$   
(kleiner geht nicht wegen Höhendifferenzbeschränkung).  
⇒ Anzahl der Blätter entspricht den Fibonacci-Zahlen:

$$F_k = F_{k-1} + F_{k-2}$$

# AVL-Bäume: Worst Case / Fibonacci-Baum



# AVL-Bäume: Worst Case / Fibonacci-Baum

- Fibonacci-Baum der Höhe 0: Baum bestehend aus einem Blatt
- Fibonacci-Baum der Höhe 1: ein innerer Knoten mit 2 Blättern
- Fibonacci-Baum der Höhe  $h + 1$  besteht aus einer Wurzel, deren Kinder Fibonacci-Bäume der Höhen  $h$  und  $h - 1$  sind

Explizite Darstellung der Fibonacci-Zahlen mit Binet-Formel:

$$F_k = \frac{1}{\sqrt{5}} \left[ \left( \frac{1 + \sqrt{5}}{2} \right)^k - \left( \frac{1 - \sqrt{5}}{2} \right)^k \right]$$

- Baum der Höhe  $h$  hat  $F_{h+2}$  Blätter bzw.  $F_{h+2} - 1$  innere Knoten
- ⇒ Die Anzahl der Elemente ist exponentiell in der Höhe bzw.  
die Höhe ist **logarithmisch** in der Anzahl der Elemente.

# AVL-Bäume: Operationen

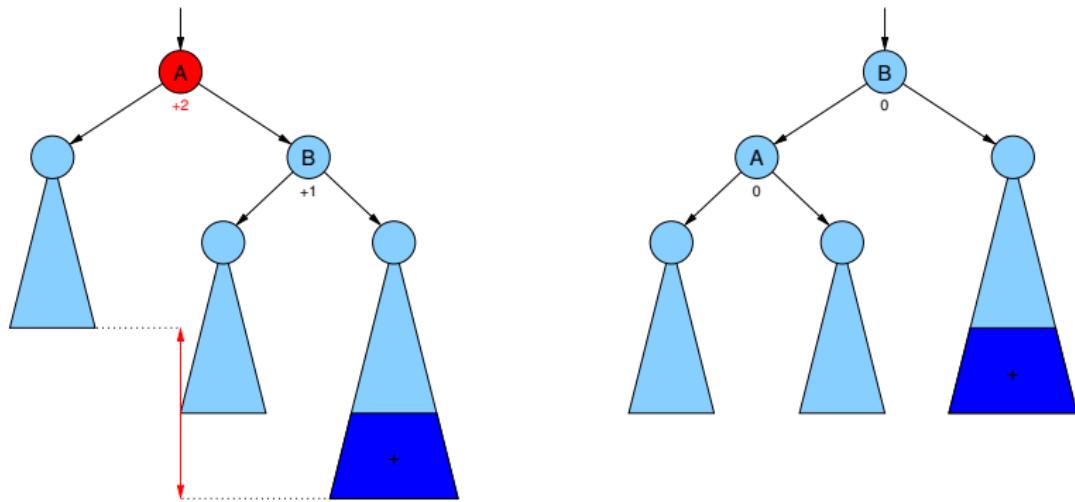
Operationen auf einem AVL-Baum:

- insert und remove können zunächst zu Binäräbäumen führen, die die Balance-Bedingung für die Höhendifferenz der Teilbäume verletzen
- ⇒ Teilbäume müssen umgeordnet werden, um das Kriterium für AVL-Bäume wieder zu erfüllen (Rebalancierung / Rotation)
- Dazu wird an jedem Knoten die **Höhendifferenz** der beiden Unterbäume vermerkt ( $-1, 0, +1$ , mit 2 Bit/Knoten)
- Operationen locate, insert und remove haben Laufzeit  $O(\log n)$

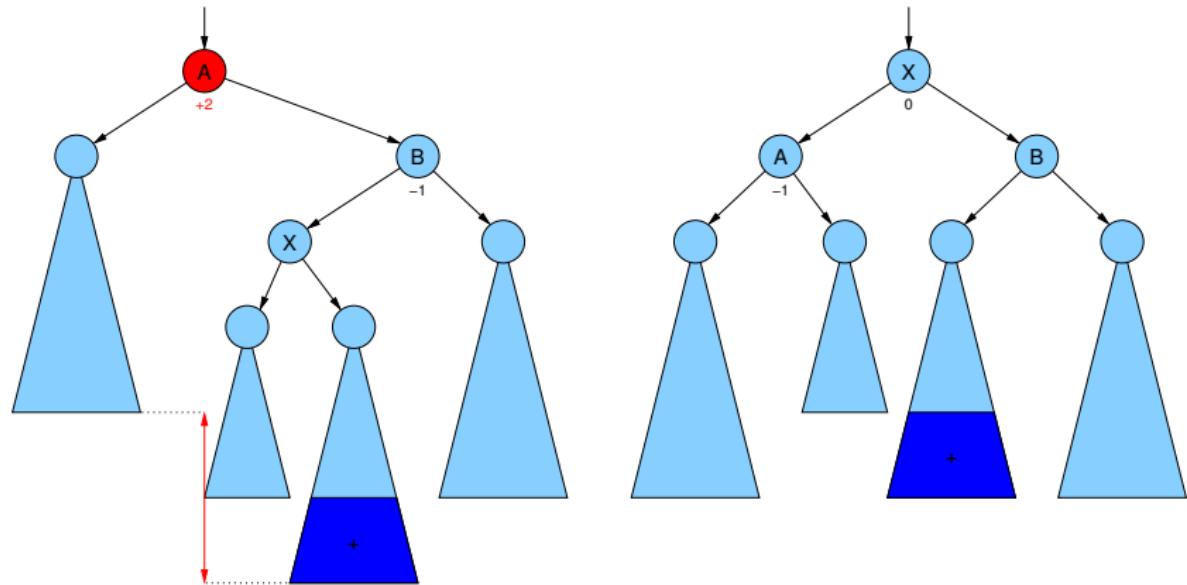
## AVL-Bäume: insert

- Suche Knoten, an den das neue Blatt angehängt wird
- An diesem Knoten ändert sich die Höhendifferenz um  $\pm 1$  (linkes oder rechtes Blatt)
- gehe nun **rückwärts zur Wurzel**, aktualisiere die jeweilige Höhendifferenz und rebalanciere falls notwendig
- Differenz **0**: Wert war vorher  $\pm 1$ , Höhe unverändert, also aufhören
- Differenz  **$\pm 1$** : Wert war vorher 0, Höhe ist jetzt um 1 größer, Höhendifferenz im Vaterknoten anpassen und dort weitermachen
- Differenz  **$\pm 2$** : Rebalancierung erforderlich, Einfach- oder Doppelrotation abhängig von Höhendifferenz an den Kindknoten danach Höhe wie zuvor, also aufhören

# AVL-Bäume: Einfachrotation nach insert



# AVL-Bäume: Doppelrotation nach insert



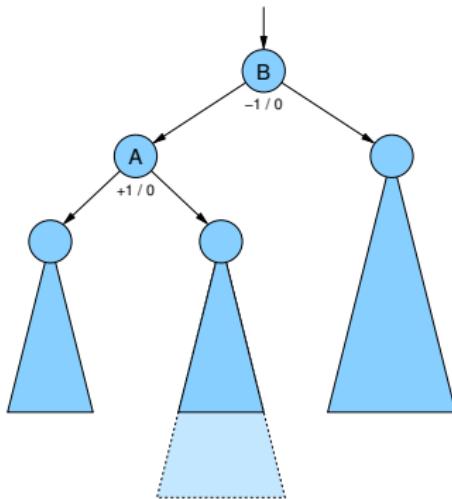
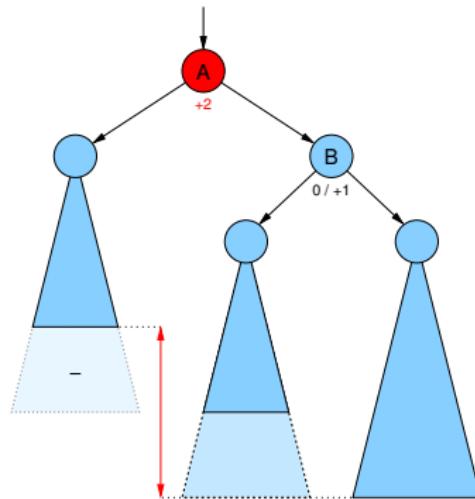
## AVL-Bäume: remove

- Suche Knoten  $v$ , der entfernt werden soll
- Falls  $v$  ein Blatt ist oder genau 1 Kind hat, lösche  $v$  bzw. ersetze  $v$  durch sein Kind, aktualisiere Höhendifferenz des Vaterknotens und fahre dort fort.
- Falls  $v$  2 Kinder hat, vertausche  $v$  mit dem rechtesten Knoten im linken Unterbaum (nächstkleineres Element direkt vor  $v$ ) und lösche  $v$  dort.

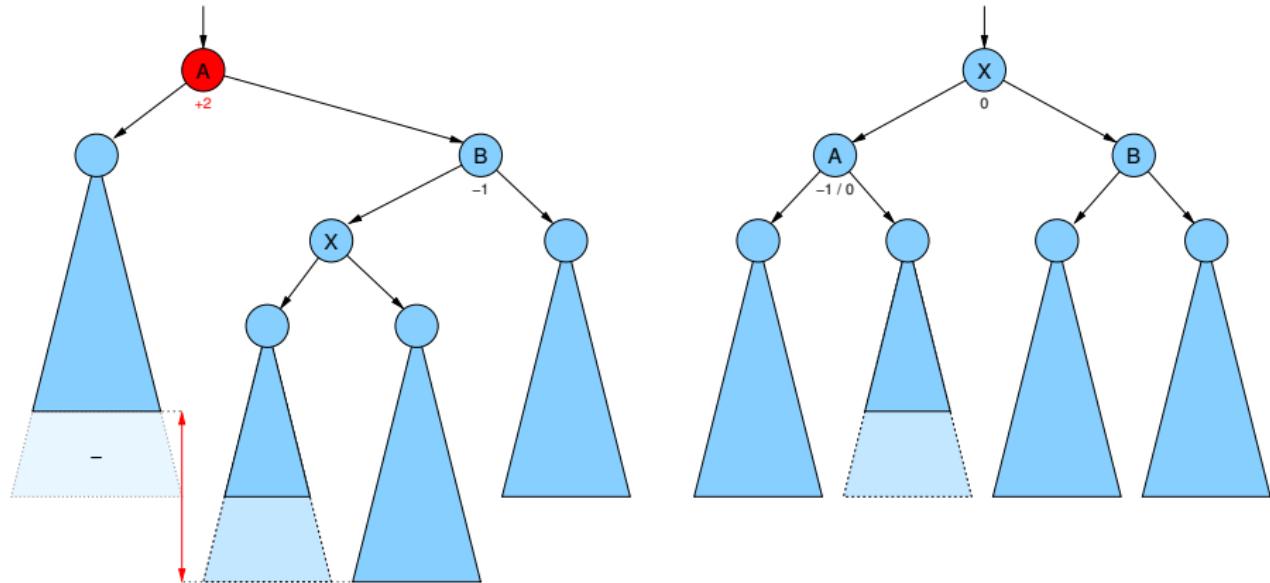
$v$  hat dort höchstens 1 (linkes) Kind, nun wie im ersten Fall

- Differenz **0**: Wert war vorher  $\pm 1$ , Höhe ist jetzt um 1 kleiner, Höhendifferenz im Vaterknoten anpassen und dort weitermachen
- Differenz  **$\pm 1$** : Wert war vorher 0, Höhe unverändert, also aufhören
- Differenz  **$\pm 2$** : Rebalancierung erforderlich, Einfach- oder Doppelrotation abhängig von Höhendifferenz an den Kindknoten falls notwendig Höhendifferenz im Vaterknoten anpassen und dort weitermachen

# AVL-Bäume: Einfachrotation nach remove



# AVL-Bäume: Doppelrotation nach remove



# (a, b)-Baum

Andere Lösung für das Problem bei binären Suchbäumen, dass die Baumstruktur zur Liste entarten kann

Idee:

- $d(v)$ : Ausgangsgrad (Anzahl Kinder) von Knoten  $v$
- $t(v)$ : Tiefe (in Kanten) von Knoten  $v$
- Form-Invariante:  
alle Blätter in derselben Tiefe:  $t(v) = t(w)$  für Blätter  $v, w$
- Grad-Invariante:  
Für alle internen Knoten  $v$  (außer Wurzel) gilt:

$$a \leq d(v) \leq b \quad (\text{wobei } a \geq 2 \text{ und } b \geq 2a - 1)$$

Für Wurzel  $r$ :  $2 \leq d(r) \leq b$  (außer wenn nur 1 Blatt im Baum)

# $(a, b)$ -Baum

## Lemma

Ein  $(a, b)$ -Baum für  $n \geq 1$  Elemente hat Tiefe  $\leq 1 + \left\lfloor \log_a \frac{n+1}{2} \right\rfloor$ .

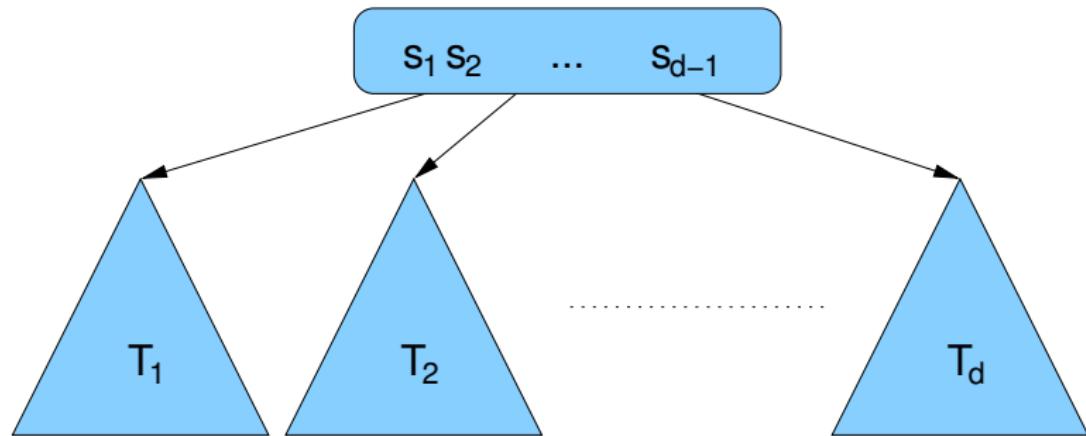
## Beweis.

- Baum hat  $n + 1$  Blätter (+1 wegen  $\infty$ -Dummy)
  - Im Fall  $n \geq 1$  hat die Wurzel Grad  $\geq 2$ , die anderen inneren Knoten haben Grad  $\geq a$ .
- ⇒ Bei Tiefe  $t$  gibt es  $\geq 2a^{t-1}$  Blätter
- $n + 1 \geq 2a^{t-1} \Leftrightarrow t \leq 1 + \log_a \frac{n+1}{2}$
  - Da  $t$  eine ganze Zahl ist, gilt  $t \leq 1 + \left\lfloor \log_a \frac{n+1}{2} \right\rfloor$ .



# (a, b)-Baum: Split-Schlüssel

- Jeder Knoten  $v$  enthält ein sortiertes Array von  $d(v) - 1$  Split-Schlüsseln  $s_1, \dots, s_{d(v)-1}$

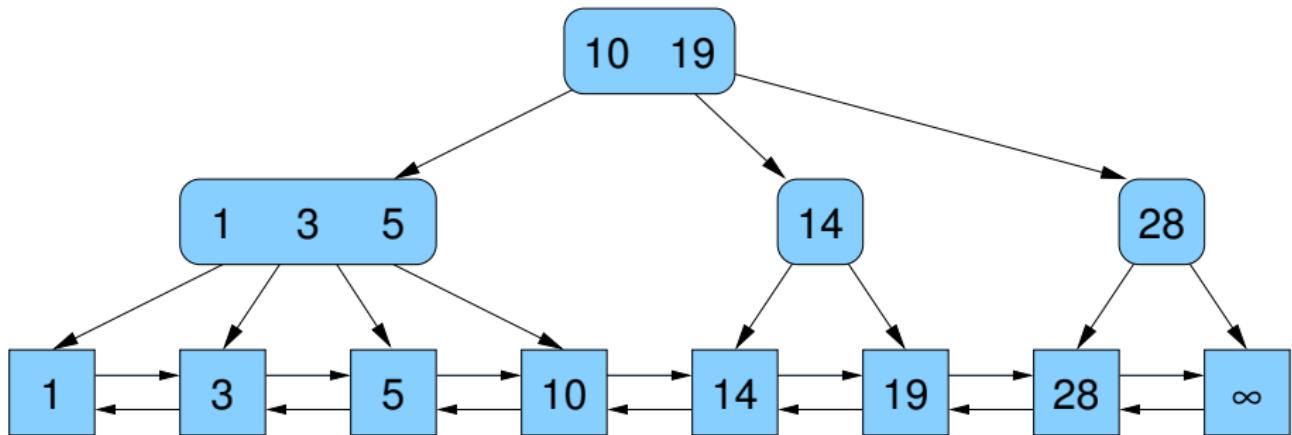


- (a, b)-Suchbaum-Regel:  
Für alle Schlüssel  $k$  in  $T_i$  und  $k'$  in  $T_{i+1}$  gilt:  
 $k \leq s_i < k'$  bzw.  $s_{i-1} < k \leq s_i$

$$(s_0 = -\infty, s_d = \infty)$$

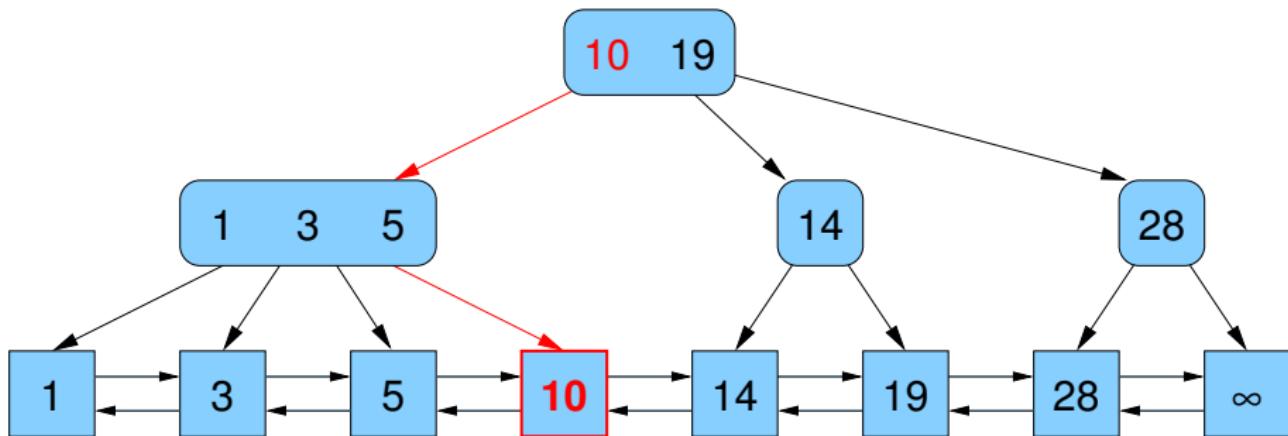
# $(a, b)$ -Baum

Beispiel:  $(2, 4)$ -Baum



$(a, b)$ -Baum

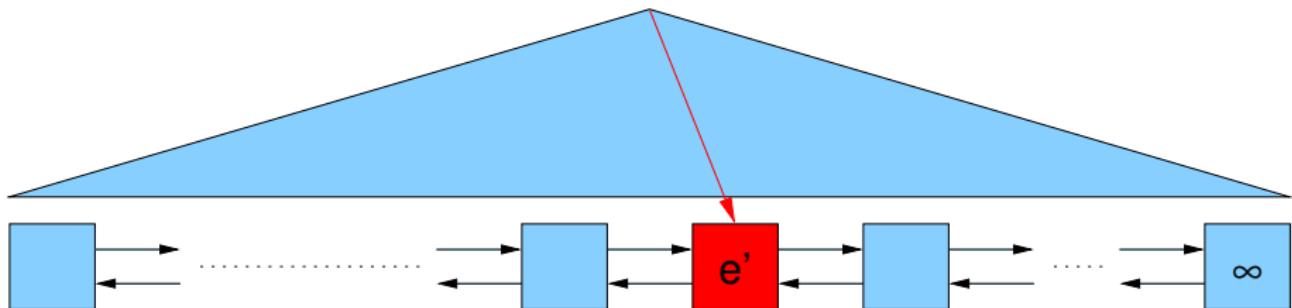
locate(9)



# $(a, b)$ -Baum

insert( $e$ )

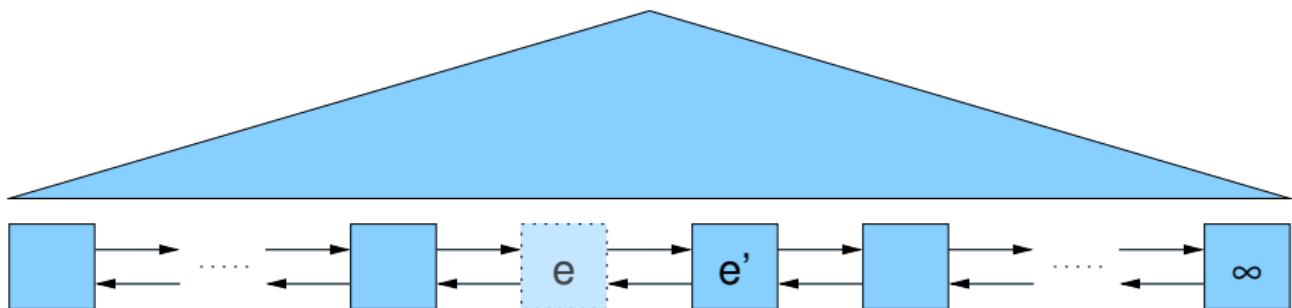
- Abstieg wie bei **locate**(key( $e$ )) bis Element  $e'$  in Liste erreicht
- falls  $\text{key}(e) < \text{key}(e')$ , füge  $e$  vor  $e'$  ein



# $(a, b)$ -Baum

insert( $e$ )

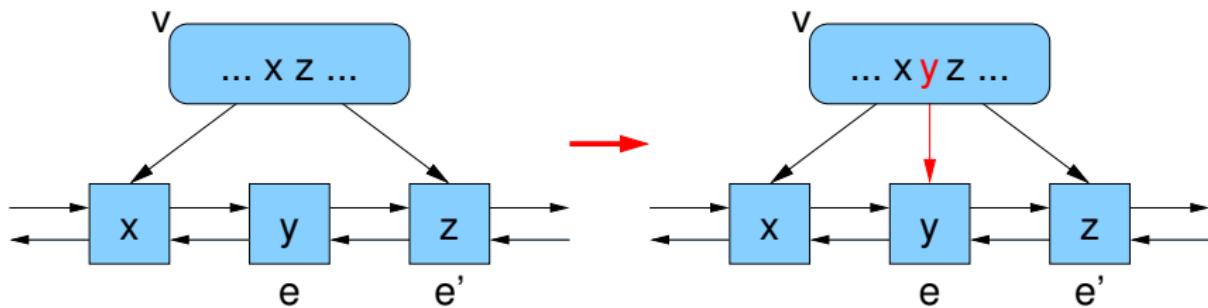
- Abstieg wie bei locate(key( $e$ )) bis Element  $e'$  in Liste erreicht
- falls  $\text{key}(e) < \text{key}(e')$ , **füge  $e$  vor  $e'$  ein**



# $(a, b)$ -Baum

insert( $e$ )

- füge key( $e$ ) und Handle auf  $e$  in Baumknoten  $v$  über  $e$  ein
- falls  $d(v) \leq b$ , dann fertig

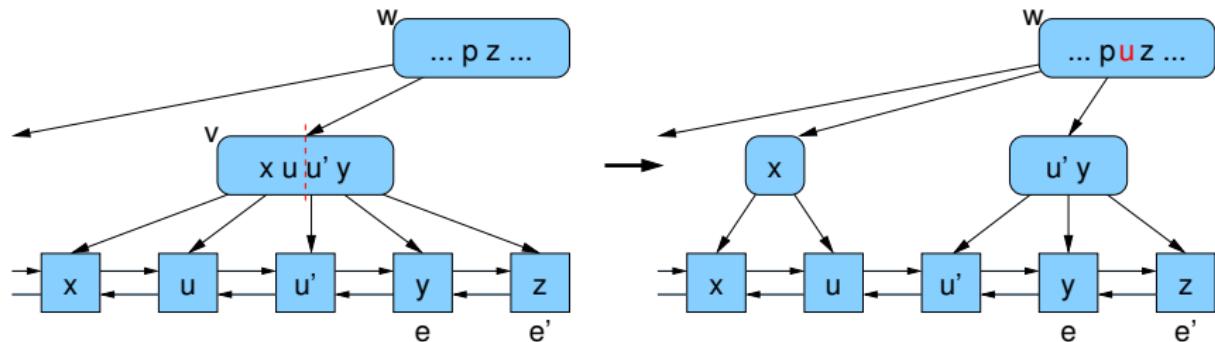


# $(a, b)$ -Baum

insert( $e$ )

- füge key( $e$ ) und Handle auf  $e$  in Baumknoten  $v$  über  $e$  ein
- falls  $d(v) > b$ , dann teile  $v$  in zwei Knoten auf und
- verschiebe den Splitter (größter Key im linken Teil) in den Vaterknoten

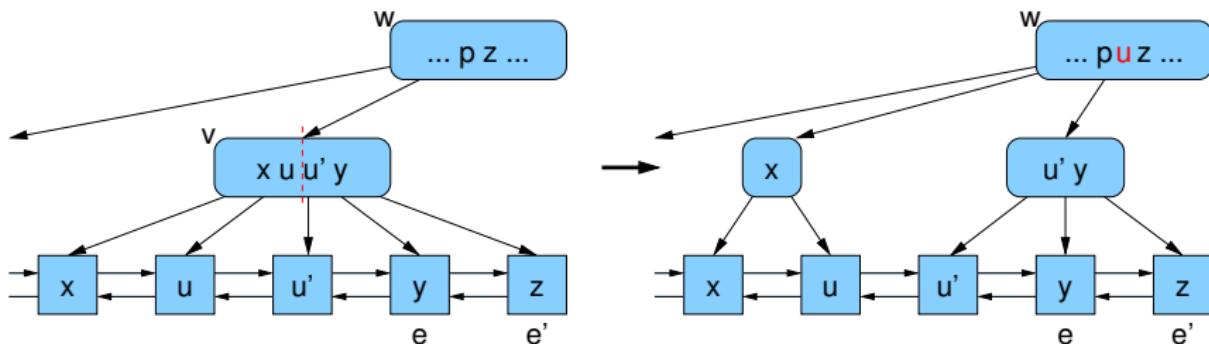
Beispiel:  $(2, 4)$ -Baum



# $(a, b)$ -Baum

insert( $e$ )

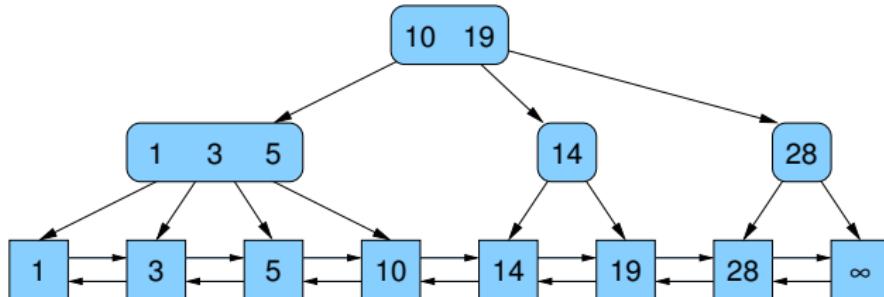
- falls  $d(w) > b$ , dann teile  $w$  in zwei Knoten auf usw.  
bis  $\text{Grad} \leq b$   
oder Wurzel aufgeteilt wurde



# $(a, b)$ -Baum / insert

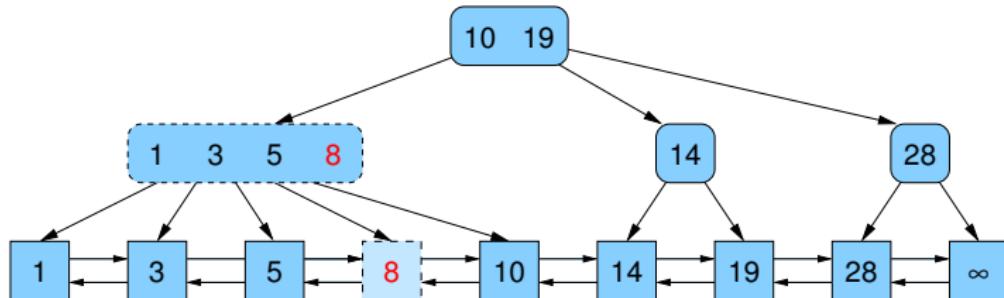
$a = 2, b = 4$

insert(8)



$(a, b)$ -Baum / insert $a = 2, b = 4$ 

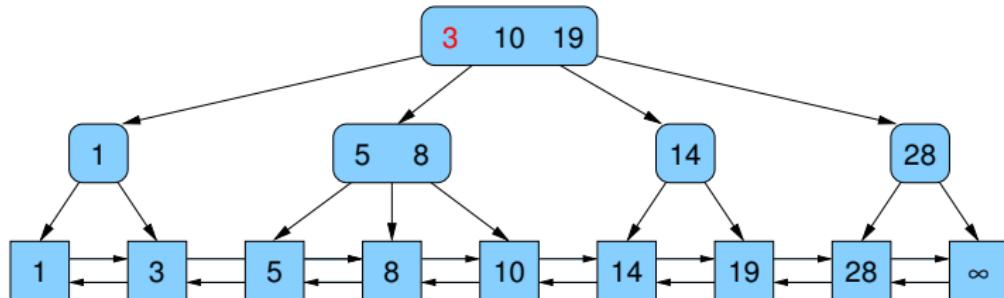
insert(8)



# $(a, b)$ -Baum / insert

$a = 2, b = 4$

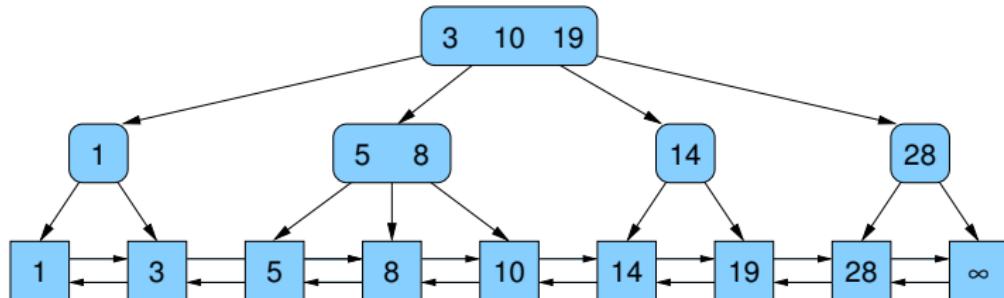
insert(8)



# $(a, b)$ -Baum / insert

$a = 2, b = 4$

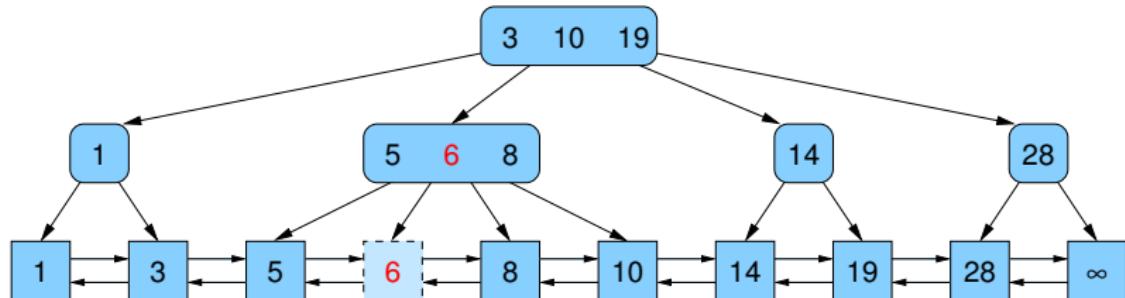
insert(6)



# $(a, b)$ -Baum / insert

$a = 2, b = 4$

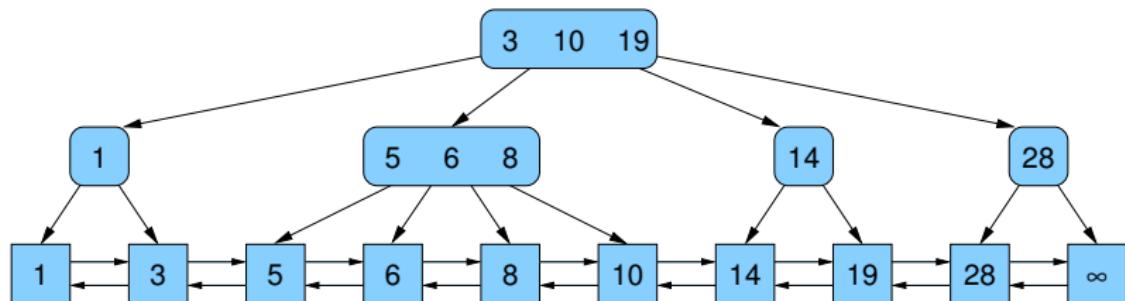
insert(6)



# $(a, b)$ -Baum / insert

$a = 2, b = 4$

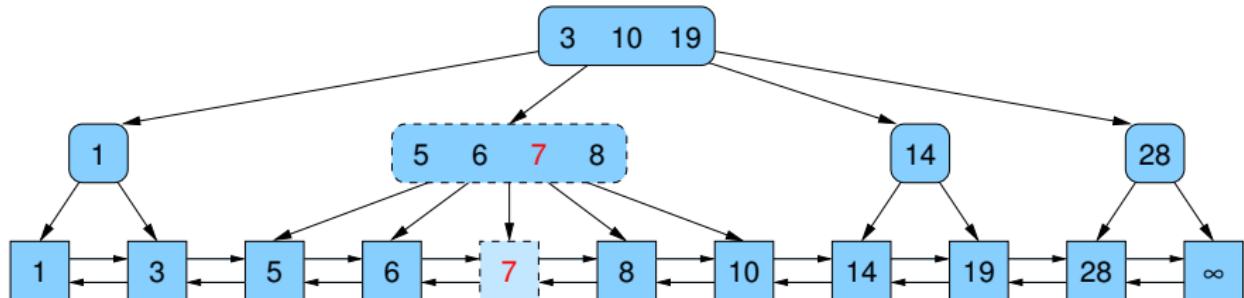
insert(7)



$(a, b)$ -Baum / insert

$$a = 2, b = 4$$

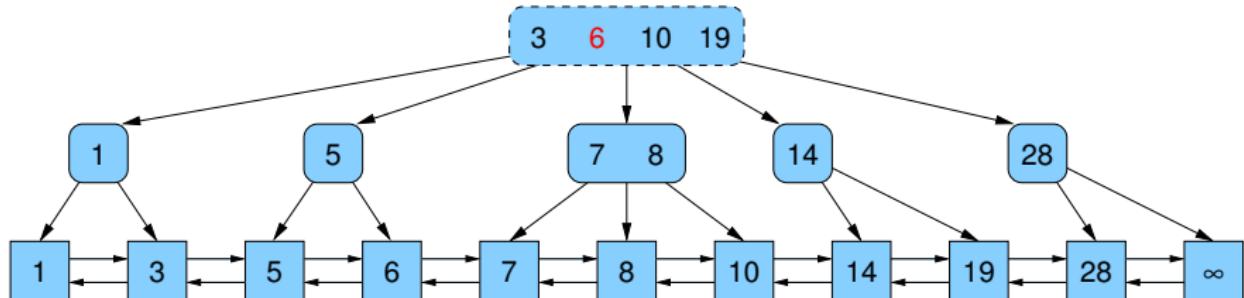
insert(7)



# $(a, b)$ -Baum / insert

$a = 2, b = 4$

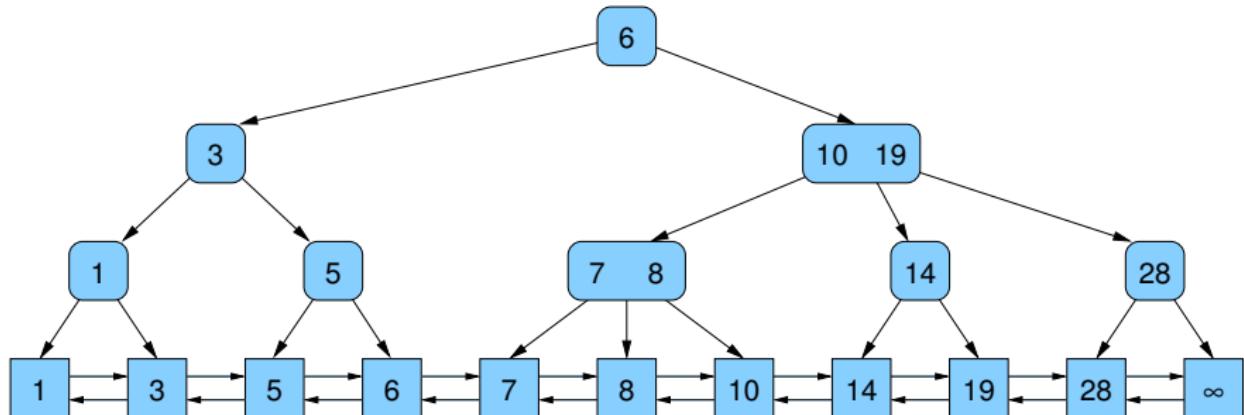
insert(7)



# $(a, b)$ -Baum / insert

$a = 2, b = 4$

insert(7)



# $(a, b)$ -Baum / insert

## Form-Invariante

- alle Blätter haben dieselbe Tiefe, denn  
neues Blatt wird auf der Ebene der anderen eingefügt und  
im Fall einer neuen Wurzel erhöht sich die Tiefe aller Blätter um 1

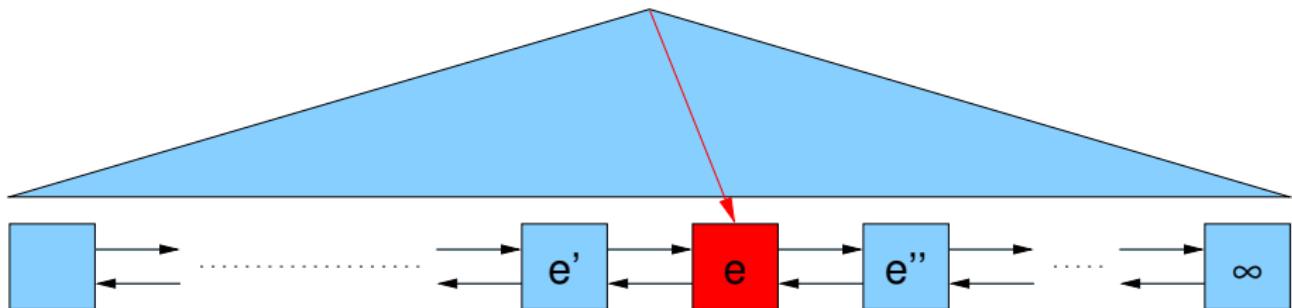
## Grad-Invariante

- insert splittet Knoten mit Grad  $b + 1$  in zwei Knoten  
mit Grad  $\lfloor (b + 1)/2 \rfloor$  und  $\lceil (b + 1)/2 \rceil$
- wenn  $b \geq 2a - 1$ , dann sind beide Werte  $\geq a$
- wenn Wurzel Grad  $b + 1$  erreicht und gespalten wird,  
wird neue Wurzel mit Grad 2 erzeugt

# $(a, b)$ -Baum

remove( $k$ )

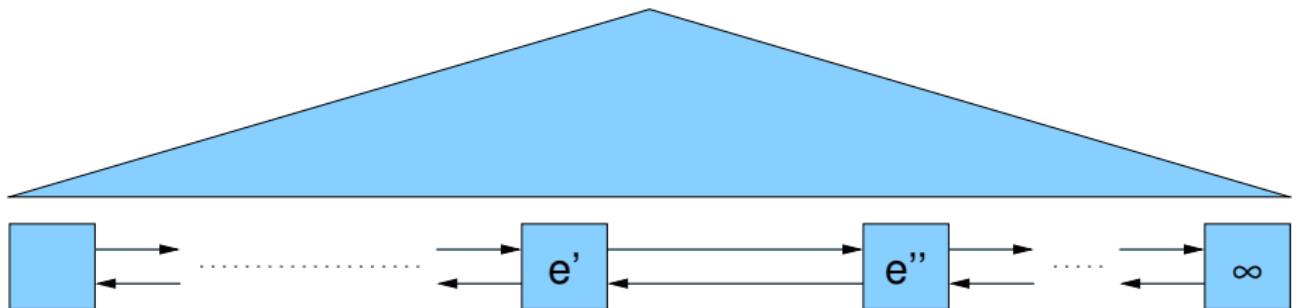
- Abstieg wie bei  $\text{locate}(k)$  bis Element  $e$  in Liste erreicht
- falls  $\text{key}(e) = k$ , entferne  $e$  aus Liste (sonst return)



# $(a, b)$ -Baum

remove( $k$ )

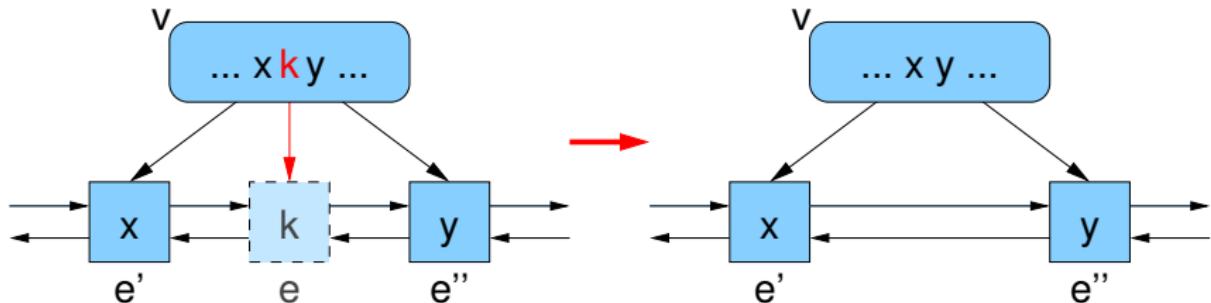
- Abstieg wie bei locate( $k$ ) bis Element  $e$  in Liste erreicht
- falls  $\text{key}(e) = k$ , entferne  $e$  aus Liste (sonst return)



# $(a, b)$ -Baum

remove( $k$ )

- entferne Handle auf  $e$  und Schlüssel  $k$  vom Baumknoten  $v$  über  $e$  (wenn  $e$  rechtestes Kind: Schlüsselvertauschung wie bei binärem Suchbaum)
- falls  $d(v) \geq a$ , dann fertig

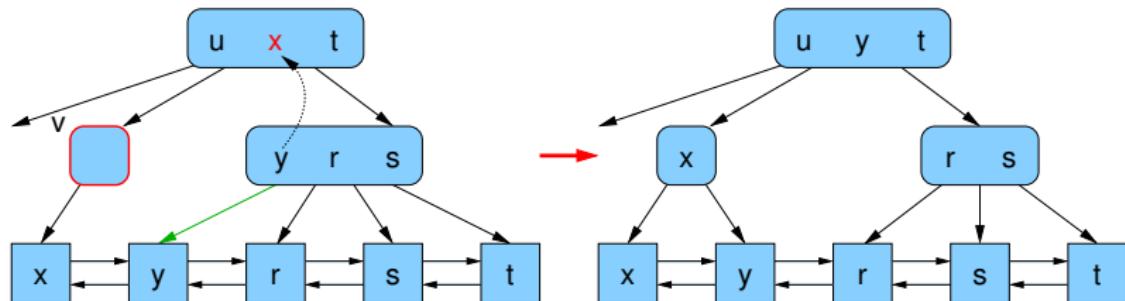


# $(a, b)$ -Baum

remove( $k$ )

- falls  $d(v) < a$  und ein direkter Nachbar  $v'$  von  $v$  hat  $\text{Grad} > a$ , nimm Kante von  $v'$

Beispiel:  $(2, 4)$ -Baum

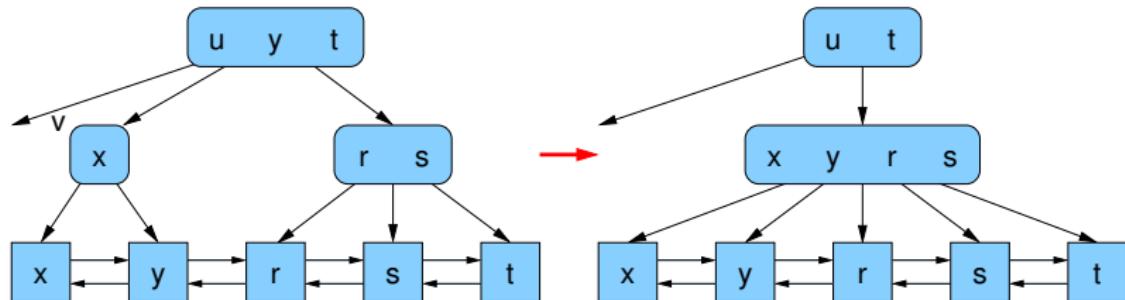


# $(a, b)$ -Baum

remove( $k$ )

- falls  $d(v) < a$  und **kein** direkter Nachbar von  $v$  hat Grad  $> a$ ,  
merge  $v$  mit Nachbarn

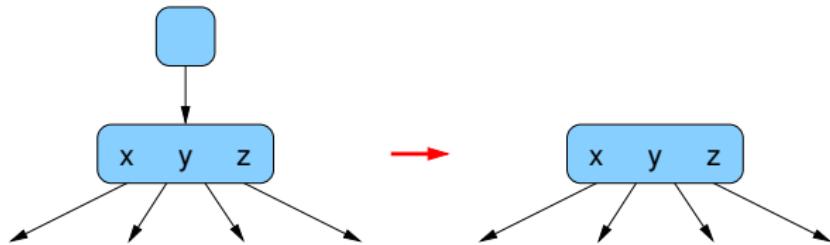
Beispiel:  $(3, 5)$ -Baum



# $(a, b)$ -Baum

remove( $k$ )

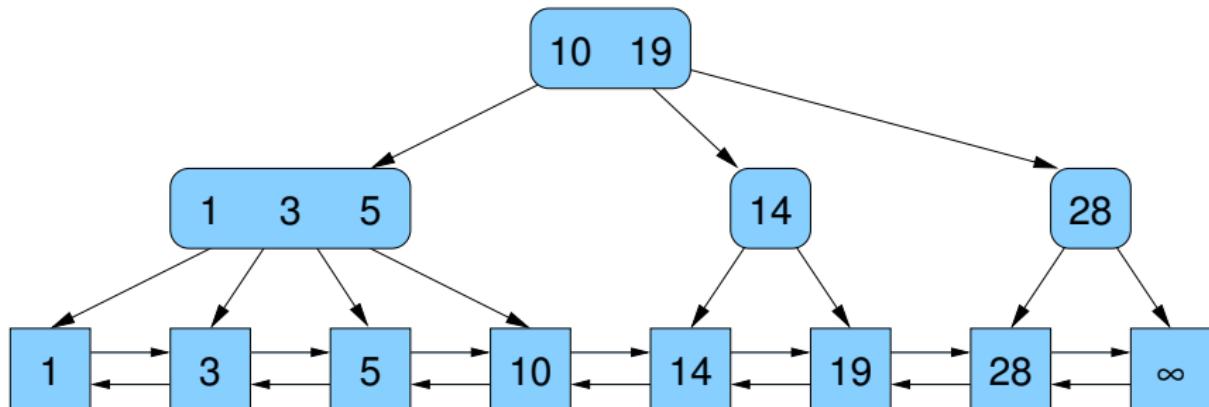
- Verschmelzungen können sich nach oben fortsetzen, ggf. bis zur Wurzel
- falls Grad der Wurzel  $< 2$ : entferne Wurzel  
neue Wurzel wird das einzige Kind der alten Wurzel



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

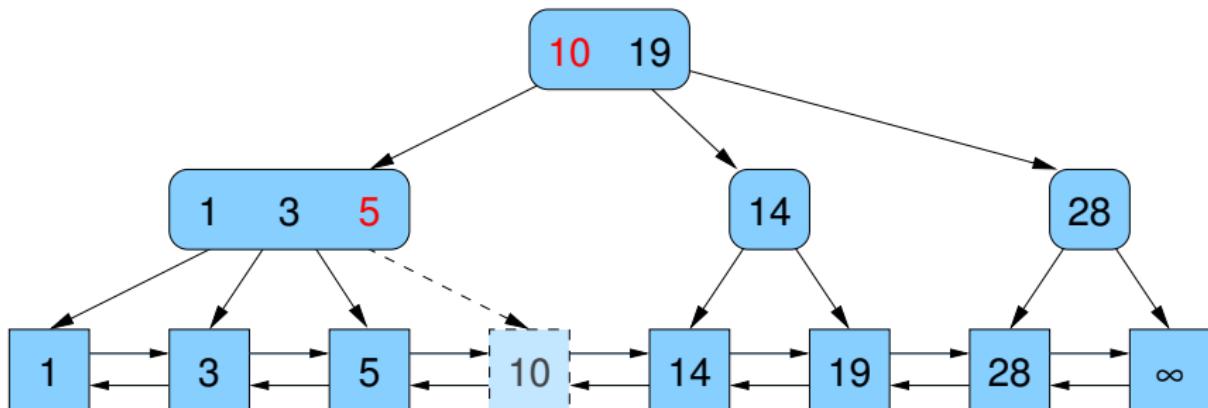
remove(10)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

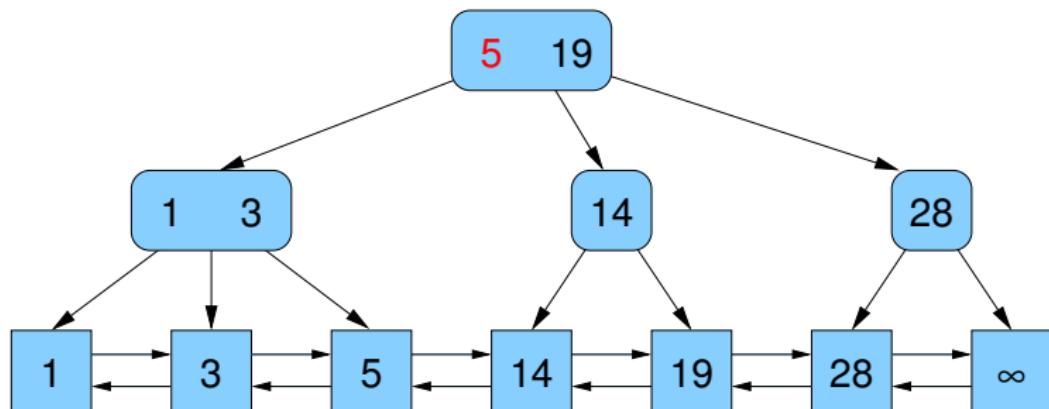
remove(10)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

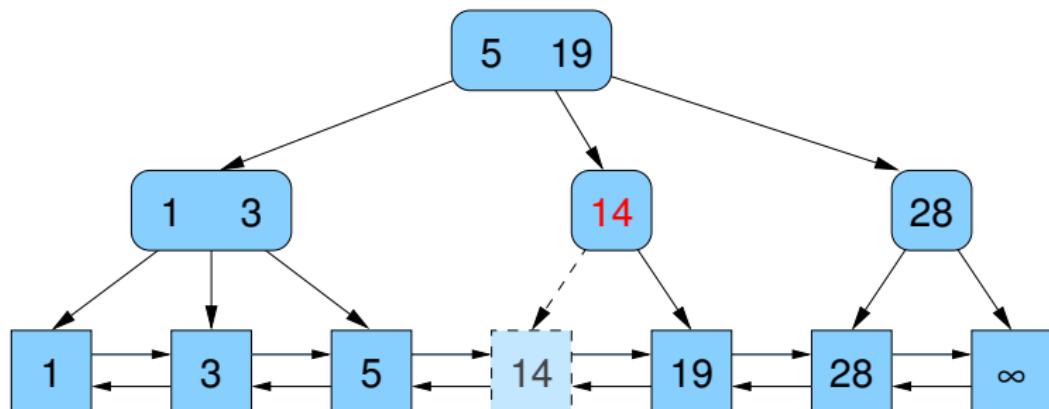
remove(10)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

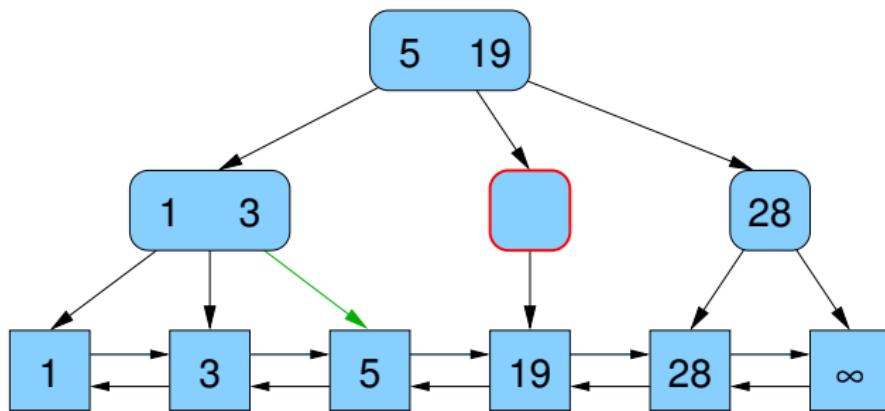
remove(14)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

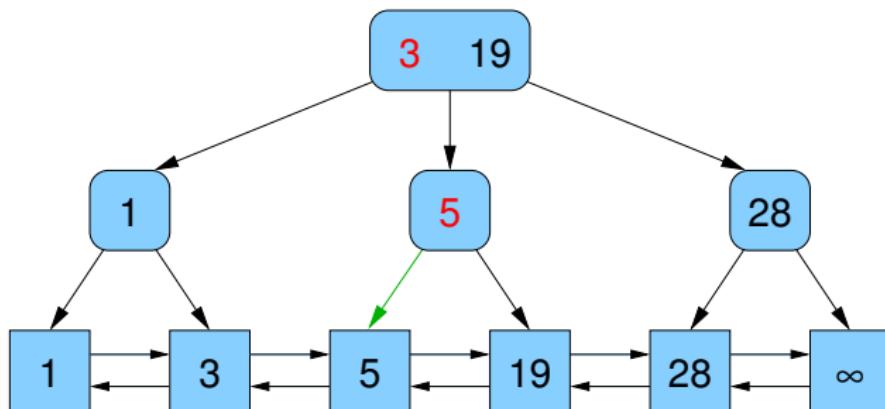
remove(14)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

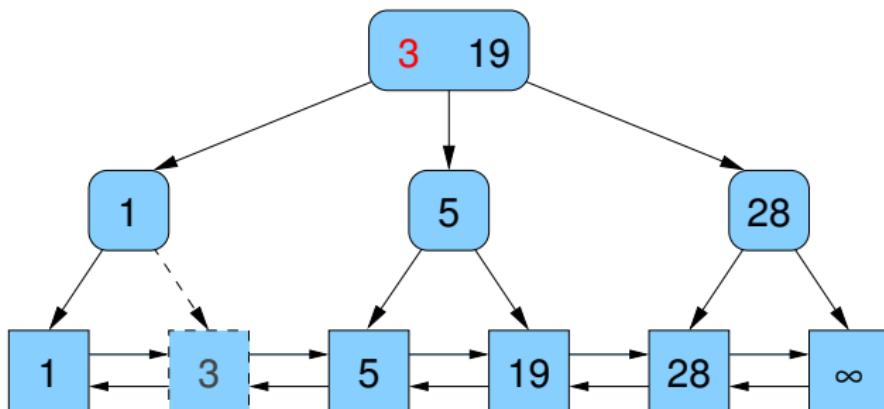
remove(14)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

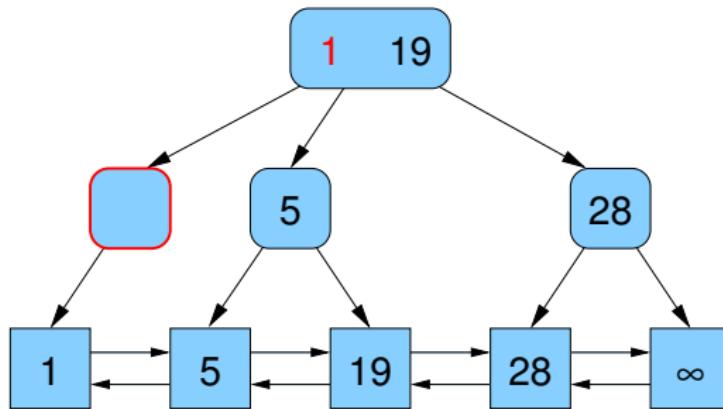
remove(3)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

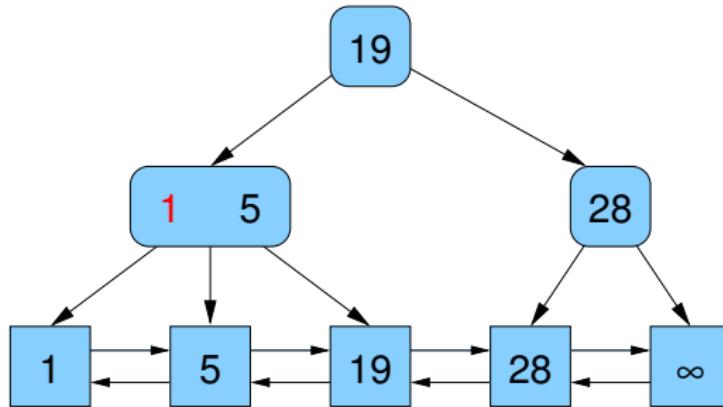
remove(3)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

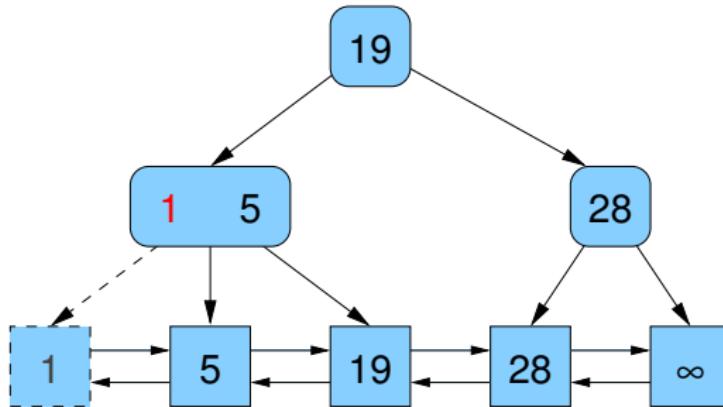
remove(3)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

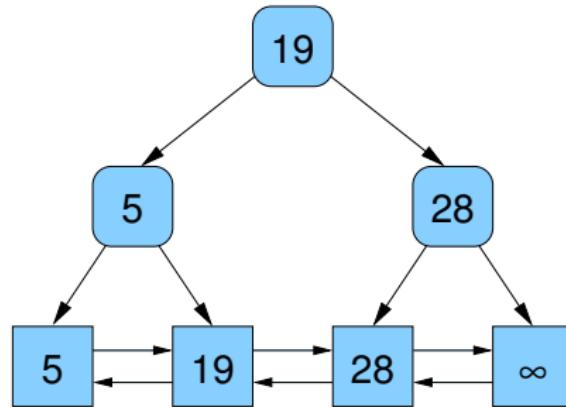
remove(1)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

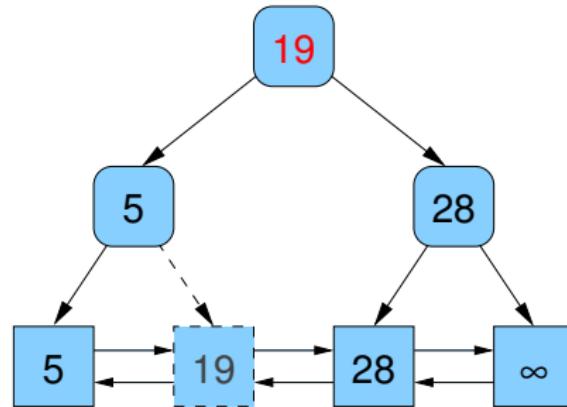
remove(1)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

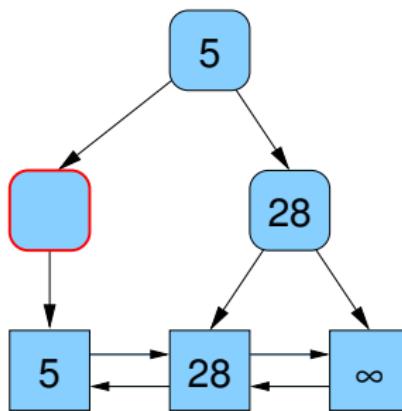
remove(19)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

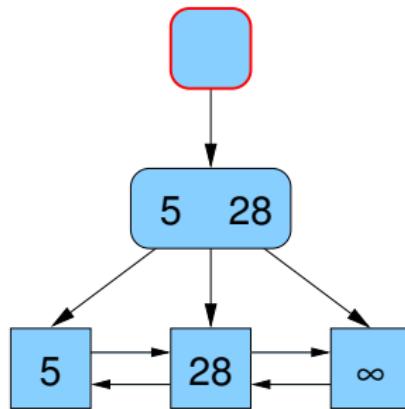
remove(19)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

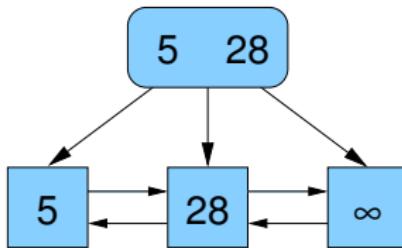
remove(19)



# $(a, b)$ -Baum / remove

$a = 2, b = 4$

remove(19)



# $(a, b)$ -Baum / remove

## Form-Invariante

- alle Blätter behalten dieselbe Tiefe
- falls alte Wurzel entfernt wird, verringert sich die Tiefe aller Blätter

## Grad-Invariante

- remove verschmilzt Knoten, die Grad  $a - 1$  und  $a$  haben
- wenn  $b \geq 2a - 1$ , dann ist der resultierende Grad  $\leq b$
- remove verschiebt eine Kante von Knoten mit Grad  $> a$  zu Knoten mit Grad  $a - 1$ , danach sind beide Grade in  $[a, b]$
- wenn Wurzel gelöscht, wurden vorher die Kinder verschmolzen, Grad vom letzten Kind ist also  $\geq a$  (und  $\leq b$ )

# Weitere Operationen im $(a, b)$ -Baum

- **min / max**-Operation

verwende first / last-Methode der Liste, um das kleinste bzw. größte Element auszugeben

Zeit:  $O(1)$

- **Range queries** (Bereichsanfragen)

suche alle Elemente im Bereich  $[x, y]$ :

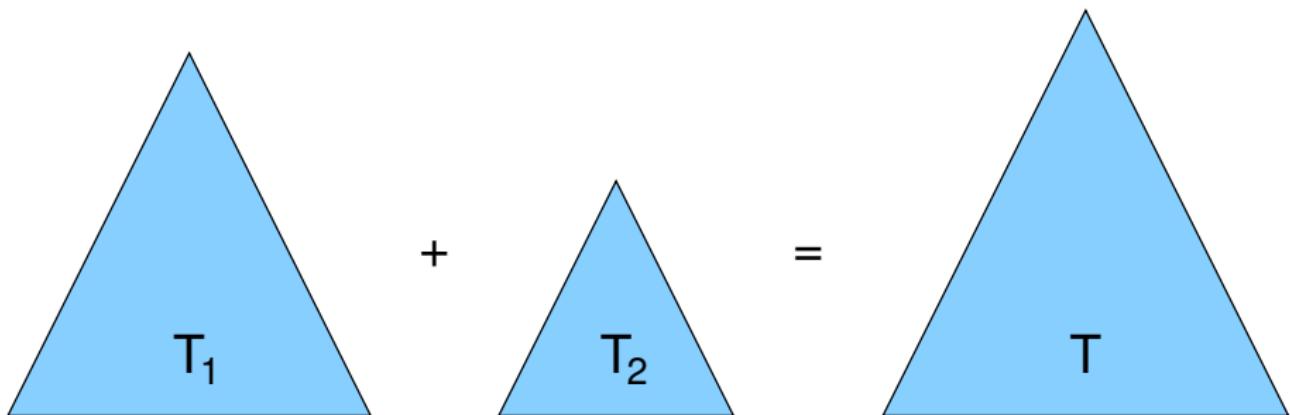
- führe  $\text{locate}(x)$  aus und
- durchlaufe die Liste, bis Element  $> y$  gefunden wird

Zeit:  $O(\log n + \text{Ausgabegröße})$

- Konkatenation / Splitting

# Konkatenation von $(a, b)$ -Bäumen

- verknüpfe zwei  $(a, b)$ -Bäume  $T_1$  und  $T_2$  mit  $s_1$  bzw.  $s_2$  Elementen und Höhe  $h_1$  bzw.  $h_2$  zu  $(a, b)$ -Baum  $T$
- Bedingung: Schlüssel in  $T_1 \leq$  Schlüssel in  $T_2$



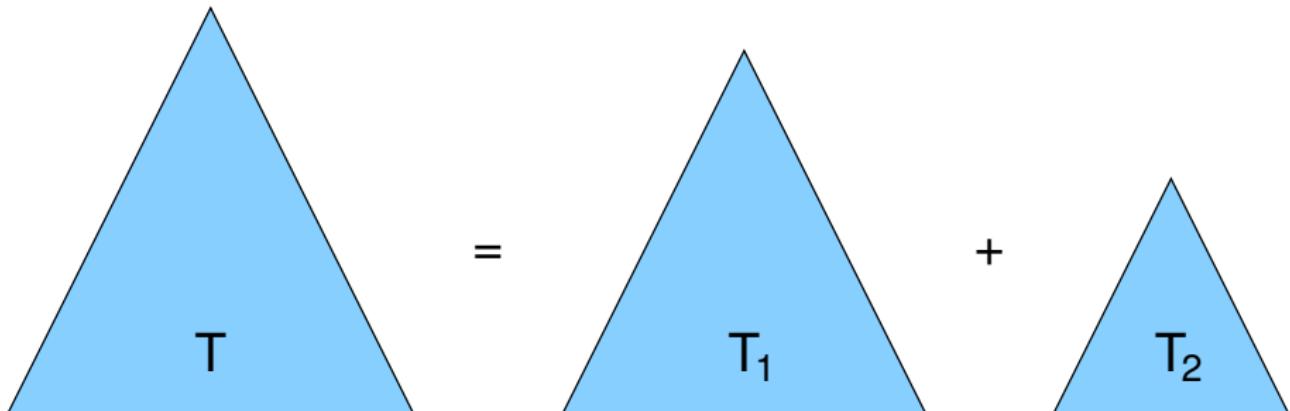
# Konkatenation von $(a, b)$ -Bäumen

- lösche in  $T_1$  das  $\infty$ -Dummy-Element
- wenn danach dessen Vater-Knoten  $< a$  Kinder hat,  
dann behandle dies wie bei remove
- verschmelze die Wurzel des niedrigeren Baums mit dem  
entsprechenden äußersten Knoten des anderen Baums, der sich  
auf dem gleichen Level befindet
- wenn dieser Knoten danach  $> b$  Kinder hat,  
dann behandle dies wie bei insert

$\Rightarrow$  falls Höhe der Bäume explizit gespeichert: Zeit  $O(1 + |h_1 - h_2|)$   
ansonsten (mit Höhenbestimmung):      Zeit  $O(1 + \max\{h_1, h_2\})$   
 $\subseteq O(1 + \log(\max\{s_1, s_2\}))$

# Aufspaltung eines $(a, b)$ -Baums

- spalte  $(a, b)$ -Baum  $T$  bei Schlüssel  $k$  in zwei  $(a, b)$ -Bäume  $T_1$  und  $T_2$  auf



# Aufspaltung eines $(a, b)$ -Baums

- Sequenz  $q = \langle w, \dots, x, y, \dots, z \rangle$  soll bei Schlüssel  $y$  in Teile  $q_1 = \langle w, \dots, x \rangle$  und  $q_2 = \langle y, \dots, z \rangle$  aufgespalten werden

# Aufspaltung eines (a, b)-Baums

- Sequenz  $q = \langle w, \dots, x, y, \dots, z \rangle$  soll bei Schlüssel  $y$  in Teile  $q_1 = \langle w, \dots, x \rangle$  und  $q_2 = \langle y, \dots, z \rangle$  aufgespalten werden
- betrachte Pfad von Wurzel zum Blatt  $y$
- spalte auf diesem Pfad jeden Knoten  $v$  in zwei Knoten  $v_\ell$  und  $v_r$
- $v_\ell$  bekommt Kinder links vom Pfad,  
 $v_r$  bekommt Kinder rechts vom Pfad  
(evt. gibt es Knoten ohne Kinder)

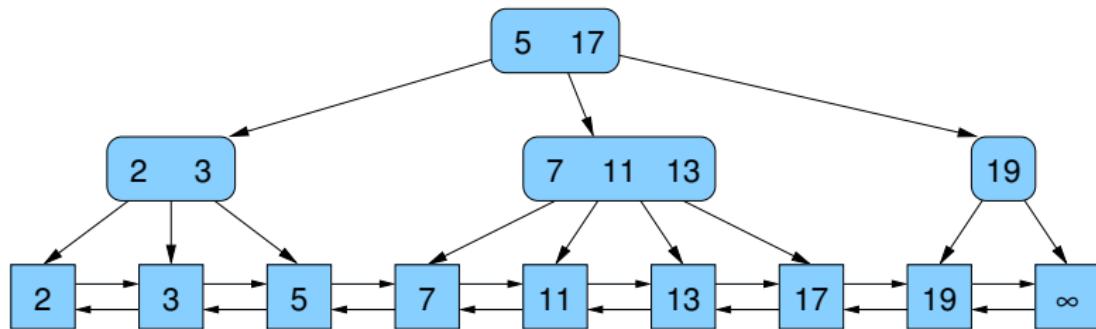
# Aufspaltung eines (a, b)-Baums

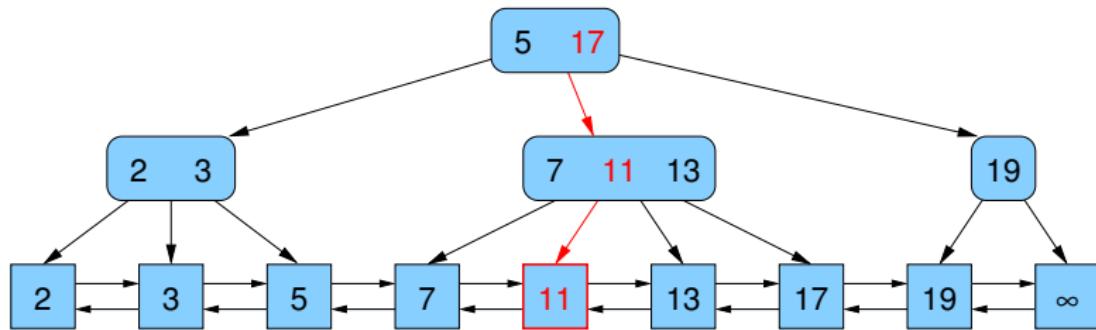
- Sequenz  $q = \langle w, \dots, x, y, \dots, z \rangle$  soll bei Schlüssel  $y$  in Teile  $q_1 = \langle w, \dots, x \rangle$  und  $q_2 = \langle y, \dots, z \rangle$  aufgespalten werden
- betrachte Pfad von Wurzel zum Blatt  $y$
- spalte auf diesem Pfad jeden Knoten  $v$  in zwei Knoten  $v_\ell$  und  $v_r$
- $v_\ell$  bekommt Kinder links vom Pfad,  
 $v_r$  bekommt Kinder rechts vom Pfad  
(evt. gibt es Knoten ohne Kinder)
- Knoten mit Kind(er) werden als Wurzeln von (a, b)-Bäumen interpretiert
- Konkatenation der linken Bäume zusammen mit einem neuen  $\infty$ -Dummy ergibt einen Baum für die Elemente bis  $x$
- Konkatenation von  $\langle y \rangle$  zusammen mit den rechten Bäumen ergibt einen Baum für die Elemente ab  $y$

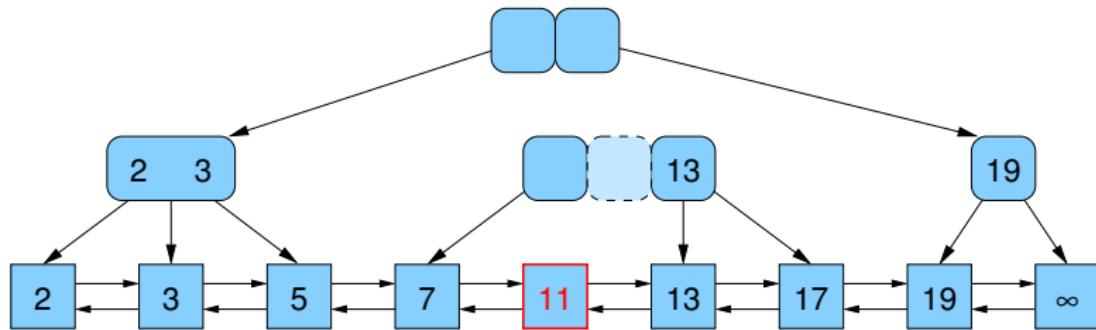
# Aufspaltung eines $(a, b)$ -Baums

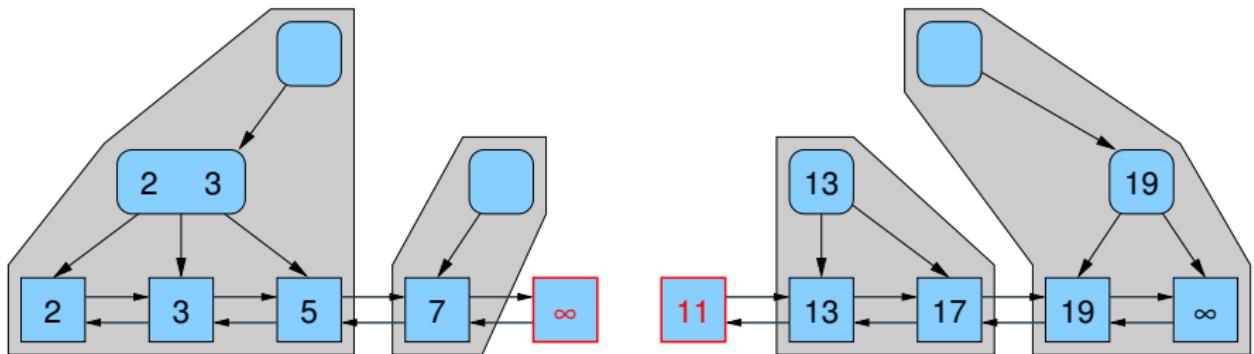
- diese  $O(\log n)$  Konkatenationen können in Gesamtzeit  $O(\log n)$  erledigt werden
- Grund: die linken Bäume haben echt monoton fallende, die rechten echt monoton wachsende Höhe
- Seien z.B.  $r_1, r_2, \dots, r_k$  die Wurzeln der linken Bäume und  $h_1 > h_2 > \dots > h_k$  deren Höhen
- verbinde zuerst  $r_{k-1}$  und  $r_k$  in Zeit  $O(1 + h_{k-1} - h_k)$ ,  
dann  $r_{k-2}$  mit dem Ergebnis in Zeit  $O(1 + h_{k-2} - h_{k-1})$ ,  
dann  $r_{k-3}$  mit dem Ergebnis in Zeit  $O(1 + h_{k-3} - h_{k-2})$  usw.
- Gesamtzeit:

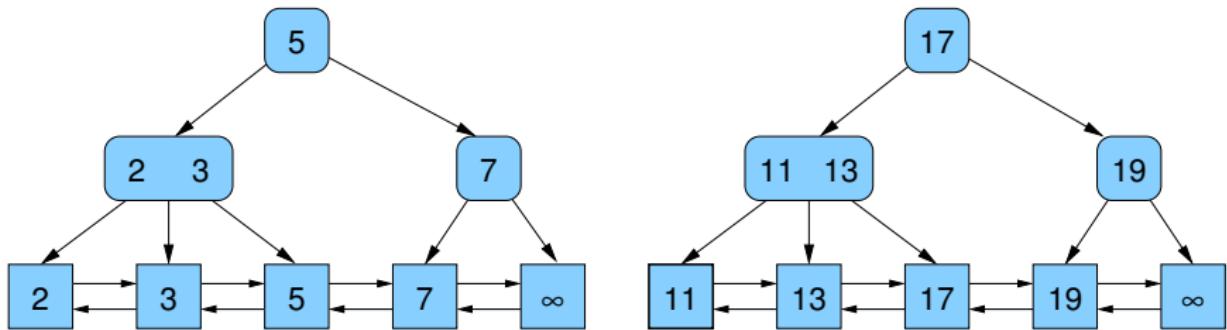
$$O\left(\sum_{1 \leq i < k} (1 + h_i - h_{i+1})\right) = O(k + h_1 - h_k) \in O(\log n)$$

Aufspaltung eines  $(a, b)$ -Baums

Aufspaltung eines  $(a, b)$ -Baums

Aufspaltung eines  $(a, b)$ -Baums

Aufspaltung eines  $(a, b)$ -Baums

Aufspaltung eines  $(a, b)$ -Baums

# Effizienz von insert/remove-Folgen

## Satz

Es gibt eine Folge von  $n$  insert- und remove-Operationen auf einem anfangs leeren  $(2, 3)$ -Baum, so dass die Gesamtanzahl der Knotenaufspaltungen und -verschmelzungen in  $\Omega(n \log n)$  ist.

Beweis: siehe Übung

# Effizienz von insert/remove-Folgen

## Satz

Für  $(a, b)$ -Bäume, die die erweiterte Bedingung  $b \geq 2a$  erfüllen, gilt:

Für jede Folge von  $n$  insert- und remove-Operationen auf einem anfangs leeren  $(a, b)$ -Baum ist die Gesamtanzahl der Knotenaufspaltungen und -verschmelzungen in  $O(n)$ .

Beweis: amortisierte Analyse, nicht in dieser Vorlesung

# Netzwerk

Objekt bestehend aus

- Elementen und
- Interaktionen bzw. Verbindungen zwischen den Elementen

eher *informelles* Konzept

- keine exakte Definition
- Elemente und ihre Verbindungen können ganz unterschiedlichen Charakter haben
- manchmal manifestiert in real existierenden Dingen, manchmal nur gedacht (virtuell)

# Beispiele für Netzwerke

- Kommunikationsnetze: Internet, Telefonnetz
- Verkehrsnetze: Straßen-, Schienen-, Flug-, Nahverkehrsnetz
- Versorgungsnetzwerke: Strom, Wasser, Gas, Erdöl
- wirtschaftliche Netzwerke: Geld- und Warenströme, Handel
- biochemische Netzwerke: Metabolische und Interaktionsnetzwerke
- biologische Netzwerke: Gehirn, Ökosysteme
- soziale / berufliche Netzwerke: virtuell oder explizit (Communities)
- Publikationsnetzwerke: Zitationsnetzwerk, Koautor-Netzwerk

# Graph

formales / abstraktes Objekt bestehend aus

- Menge von **Knoten  $V$**  (engl. vertices, nodes)
- Menge von **Kanten  $E$**  (engl. edges, lines, links), die jeweils ein Paar von Knoten verbinden
- Menge von Eigenschaften der Knoten und / oder Kanten

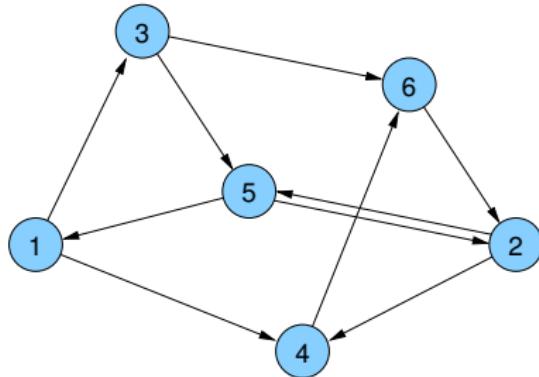
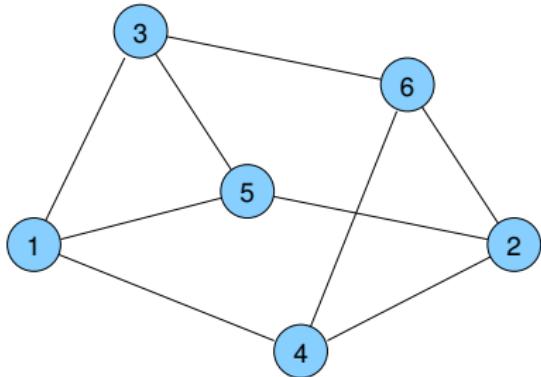
Notation:

- $G = (V, E)$   
manchmal auch  $G = (V, E, w)$  im Fall gewichteter Graphen
- Anzahl der Knoten:  $n = |V|$   
Anzahl der Kanten:  $m = |E|$

# Gerichtete und ungerichtete Graphen

## Kanten bzw. Graphen

- ungerichtet:  $E \subseteq \{\{v, w\} : v \in V, w \in V\}$   
(ungeordnetes Paar von Knoten bzw. 2-elementige Teilmenge)
- gerichtet:  $E \subseteq \{(v, w) : v \in V, w \in V\}$ , also  $E \subseteq V \times V$   
(geordnetes Paar von Knoten)



# Gerichtete und ungerichtete Graphen

Anwendungen:

- Ungerichtete Graphen:  
**symmetrische** Beziehungen (z.B.  $\{v, w\} \in E$  genau dann, wenn Person  $v$  und Person  $w$  verwandt sind)
- Gerichtete Graphen:  
**asymmetrische** Beziehungen (z.B.  $(v, w) \in E$  genau dann, wenn Person  $v$  Person  $w$  mag)  
**kreisfreie** Beziehungen (z.B.  $(v, w) \in E$  genau dann, wenn Person  $v$  Vorgesetzter von Person  $w$  ist)

hier:

- Modellierung von ungerichteten durch gerichtete Graphen
- Ersetzung ungerichteter Kanten durch je zwei antiparallele gerichtete Kanten

# Nachbarn: Adjazenz, Inzidenz, Grad

- Sind zwei Knoten  $v$  und  $w$  durch eine Kante  $e$  verbunden, dann nennt man
  - ▶  $v$  und  $w$  adjazent bzw. benachbart
  - ▶  $v$  und  $e$  inzident (ebenso  $w$  und  $e$ )
- Anzahl der Nachbarn eines Knotens  $v$ : **Grad**  $\deg(v)$   
bei gerichteten Graphen:
  - ▶ Eingangsgrad:  $\deg^-(v) = |\{(w, v) \in E\}|$
  - ▶ Ausgangsgrad:  $\deg^+(v) = |\{(v, w) \in E\}|$

# Annahmen

- Graph (also Anzahl der Knoten und Kanten) ist **endlich**
- Graph ist **einfach**, d.h.  $E$  ist eine Menge und keine Multimenge (anderenfalls heißt  $G$  Multigraph)
- Graph enthält **keine Schleifen** (Kanten von  $v$  nach  $v$ )

# Gewichtete Graphen

In Abhangigkeit vom betrachteten Problem wird Kanten und / oder Knoten oft eine Eigenschaft (z.B. eine Farbe oder ein numerischer Wert, das **Gewicht**) zugeordnet (evt. auch mehrere), z.B.

- Distanzen (in Langen- oder Zeiteinheiten)
- Kosten
- Kapazitaten / Bandbreite
- Ahnlichkeiten
- Verkehrsdichte

Wir nennen den Graphen dann

- **knotengewichtet** bzw.
- **kantengewichtet**

Beispiel:  $w : E \mapsto \mathbb{R}$

Schreibweise:  $w(e)$  fur das Gewicht einer Kante  $e \in E$

# Wege, Pfade und Kreise

- **Weg** (engl. *walk*) in einem Graphen  $G = (V, E)$ : alternierende Folge von Knoten und Kanten  $x_0, e_1, \dots, e_k, x_k$ , so dass
  - ▶  $\forall i \in [0, k] : x_i \in V$  und
  - ▶  $\forall i \in [1, k] : e_i = \{x_{i-1}, x_i\}$  bzw.  $e_i = (x_{i-1}, x_i) \in E$ .
- *Länge* eines Weges: Anzahl der enthaltenen Kanten
- Ein Weg ist ein **Pfad**, falls er (in sich) kantendisjunkt ist, falls also gilt:  $e_i \neq e_j$  für  $i \neq j$ .
- Ein Pfad ist ein **einfacher Pfad**, falls er (in sich) knotendisjunkt ist, falls also gilt:  $x_i \neq x_j$  für  $i \neq j$ .
- Ein Weg heißt *Kreis* (engl. *cycle*), falls  $x_0 = x_k$ .

# Operationen

**Graph** G: Datenstruktur (Typ / Klasse, Variable / Objekt) für Graphen

**Node**: Datenstruktur für Knoten,      **Edge**: Datenstruktur für Kanten

Operationen:

- $G.\text{insert}(\text{Edge } e)$ :  $E := E \cup \{e\}$
- $G.\text{remove}(\text{Key } i, \text{Key } j)$ :  $E := E \setminus \{e\}$   
für Kante  $e = (v, w)$  mit  $\text{key}(v) = i$  und  $\text{key}(w) = j$
- $G.\text{insert}(\text{Node } v)$ :  $V := V \cup \{v\}$
- $G.\text{remove}(\text{Key } i)$ : sei  $v \in V$  der Knoten mit  $\text{key}(v) = i$   
 $V := V \setminus \{v\}$ ,  $E := E \setminus \{(x, y) : x = v \vee y = v\}$
- $G.\text{find}(\text{Key } i)$ : gib Knoten  $v$  mit  $\text{key}(v) = i$  zurück
- $G.\text{find}(\text{Key } i, \text{Key } j)$ : gib Kante  $(v, w)$  mit  $\text{key}(v) = i$  und  
 $\text{key}(w) = j$  zurück

# Operationen

Anzahl der Knoten **konstant**

$$\Rightarrow V = \{0, \dots, n - 1\}$$

- (Knotenschlüssel durchnummeriert)

Anzahl der Knoten **variabel**

- Hashing kann verwendet werden für ein Mapping der  $n$  Knoten in den Bereich  $\{0, \dots, O(n)\}$
- $\Rightarrow$  nur konstanter Faktor der Vergrößerung gegenüber statischer Datenstruktur

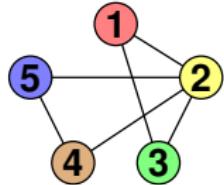
# Graphrepräsentation

Darstellung von Graphen im Computer?

Vor- und Nachteile bei z.B. folgenden Fragen:

- Sind zwei gegebene Knoten  $v$  und  $w$  adjazent?
- Was sind die Nachbarn eines Knotens?
- Welche Knoten sind (direkte oder indirekte) Vorgänger bzw. Nachfolger eines Knotens  $v$  in einem gerichteten Graphen?
- Wie aufwendig ist das Einfügen oder Löschen eines Knotens bzw. einer Kante?

# Kantenliste



$\{1, 2\}, \{1, 3\}, \{2, 3\}, \{2, 4\}, \{2, 5\}, \{4, 5\}$

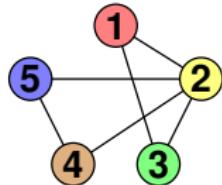
Vorteil:

- Speicherbedarf  $O(m + n)$
- Einfügen von Knoten und Kanten in  $O(1)$
- Löschen von Kanten per Handle in  $O(1)$

Nachteil:

- G.**find**(Key  $i$ , Key  $j$ ): im worst case  $\Theta(m)$
- G.**remove**(Key  $i$ , Key  $j$ ): im worst case  $\Theta(m)$
- Nachbarn nur in  $O(m)$  feststellbar

# Adjazenzmatrix



$$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

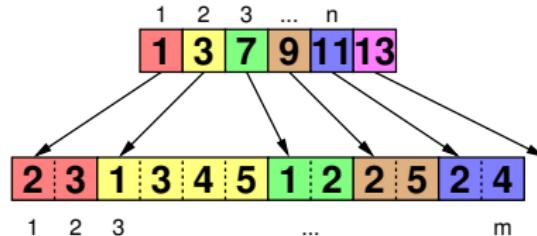
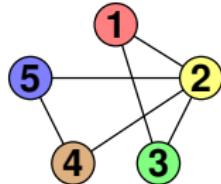
Vorteil:

- in  $O(1)$  feststellbar, ob zwei Knoten Nachbarn sind
- ebenso Einfügen und Löschen von Kanten

Nachteil:

- kostet  $\Theta(n^2)$  Speicher, auch bei Graphen mit  $o(n^2)$  Kanten
- Finden aller Nachbarn eines Knotens kostet  $O(n)$
- Hinzufügen neuer Knoten ist schwierig

# Adjazenzarrays



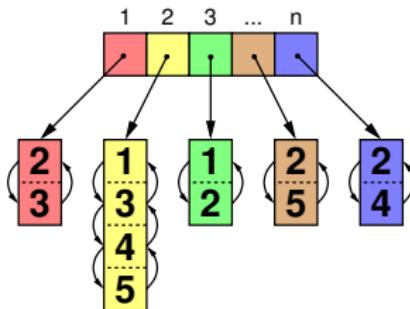
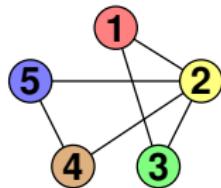
Vorteil:

- Speicherbedarf:  
gerichtete Graphen:  $n + m + \Theta(1)$   
(hier noch kompakter als Kantenliste mit  $2m$ )  
ungerichtete Graphen:  $n + 2m + \Theta(1)$

Nachteil:

- Einfügen und Löschen von Kanten ist schwierig,  
deshalb nur für **statische** Graphen geeignet

# Adjazenzlisten



Unterschiedliche Varianten:  
einfach/doppelt verkettet, linear/zirkulär

Vorteil:

- Einfügen von Kanten in  $O(d)$  oder  $O(1)$
- Löschen von Kanten in  $O(d)$  (per Handle in  $O(1)$ )
- mit unbounded arrays etwas cache-effizienter

Nachteil:

- Zeigerstrukturen verbrauchen relativ viel Platz und Zugriffszeit

# Adjazenzliste + Hashtabelle

- speichere Adjazenzliste (Liste von adjazenten Knoten bzw. inzidenten Kanten zu jedem Knoten)
- speichere Hashtabelle, die zwei Knoten auf einen Zeiger abbildet, der dann auf die ggf. vorhandene Kante verweist

Zeitaufwand:

- $G.\text{find}(\text{Key } i, \text{ Key } j)$ :  $O(1)$  (worst case)
- $G.\text{insert}(\text{Edge } e)$ :  $O(1)$  (im Mittel)
- $G.\text{remove}(\text{Key } i, \text{ Key } j)$ :  $O(1)$  (im Mittel)

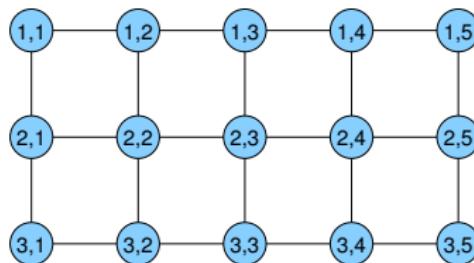
Speicheraufwand:  $O(n + m)$

# Implizite Repräsentation

Beispiel: **Gitter-Graph** (grid graph)

- definiert durch zwei Parameter  $k$  und  $\ell$

$$\begin{aligned} V &= [1, \dots, k] \times [1, \dots, \ell] \\ E &= \left\{ ((i, j), (i, j')) \in V^2 : |j - j'| = 1 \right\} \cup \\ &\quad \left\{ ((i, j), (i', j)) \in V^2 : |i - i'| = 1 \right\} \end{aligned}$$



- Kantengewichte könnten in 2 zweidimensionalen Arrays gespeichert werden:  
eins für waagerechte und eins für senkrechte Kanten

# Graphtraversierung

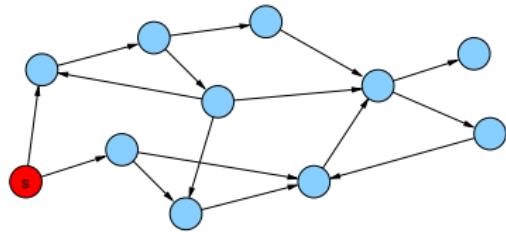
Problem:

Wie kann man die Knoten eines Graphen **systematisch durchlaufen**?

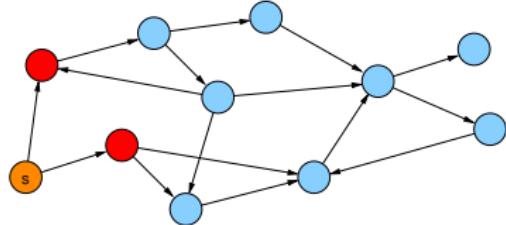
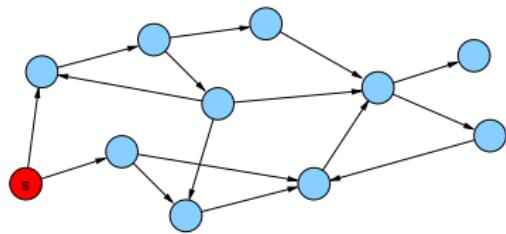
Grundlegende Strategien:

- Breitensuche (breadth-first search, BFS)
- Tiefensuche (depth-first search, DFS)

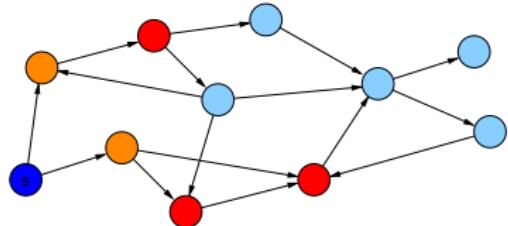
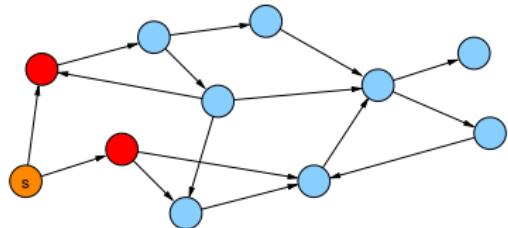
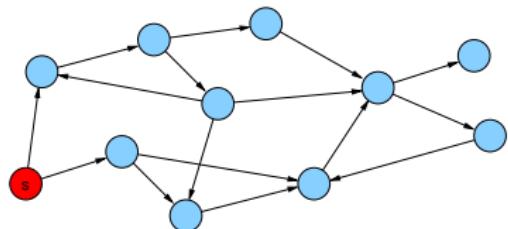
# Breitensuche



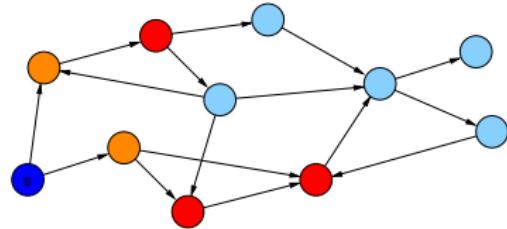
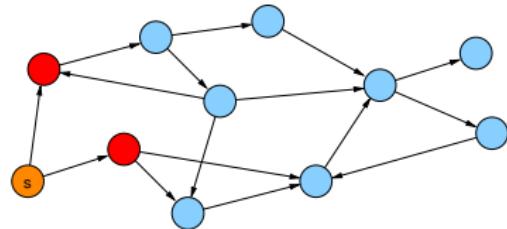
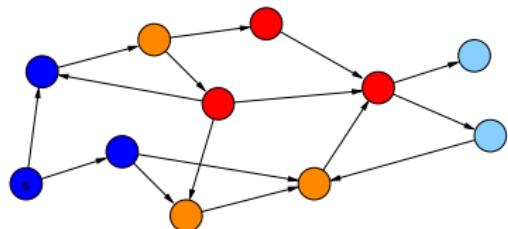
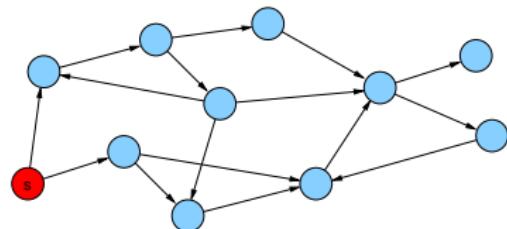
# Breitensuche



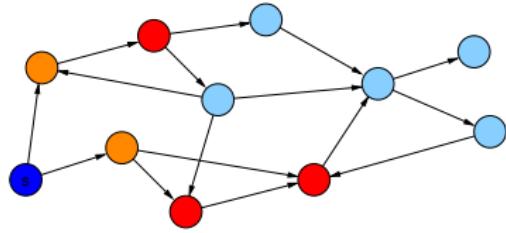
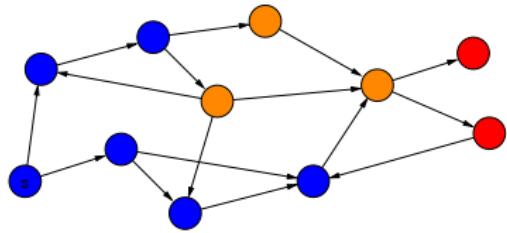
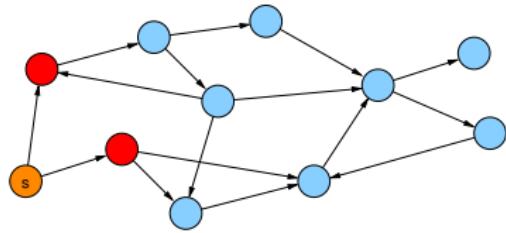
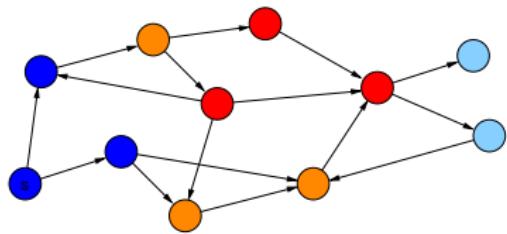
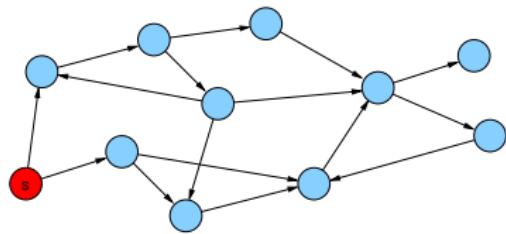
# Breitensuche



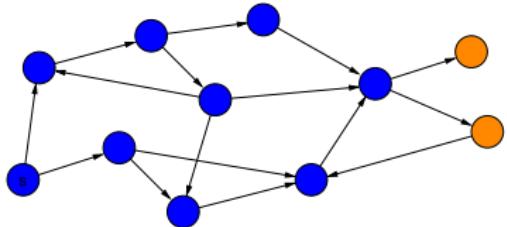
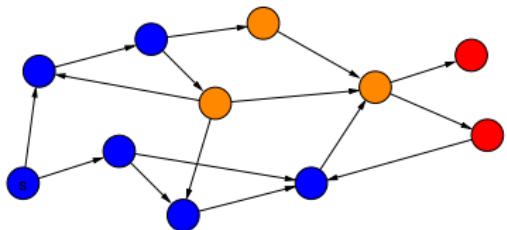
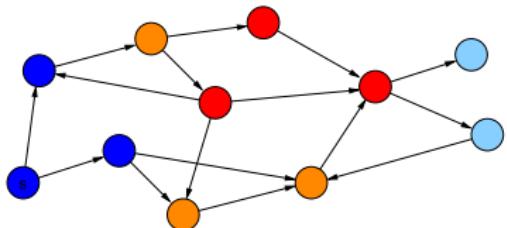
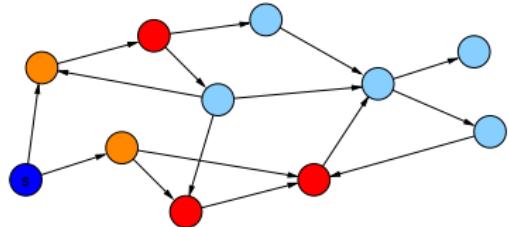
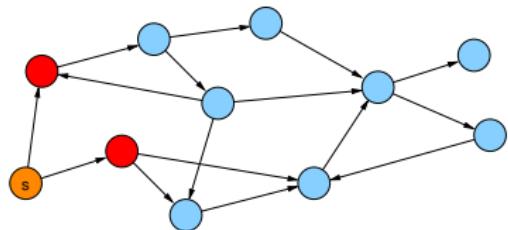
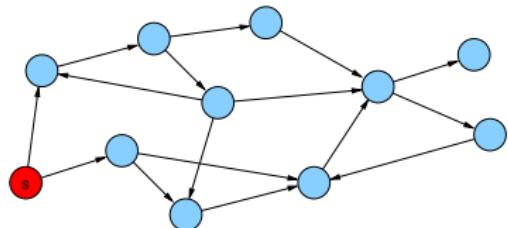
# Breitensuche



# Breitensuche

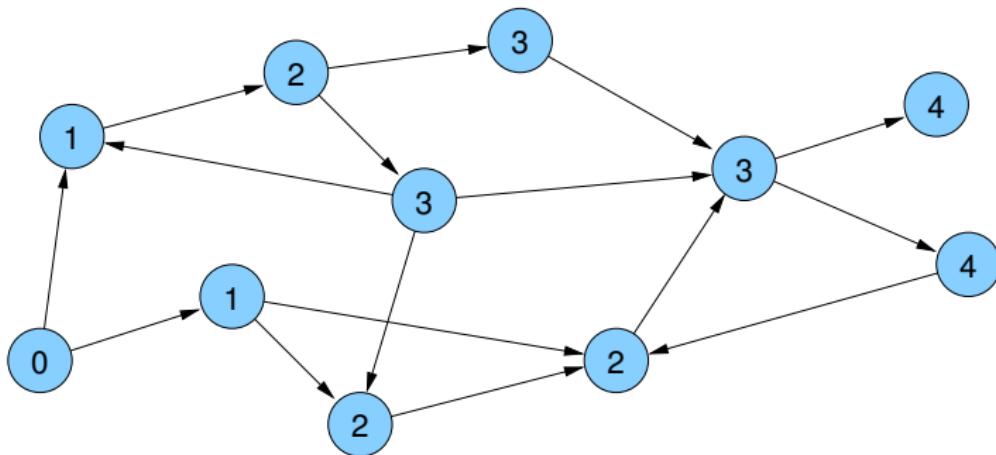


# Breitensuche



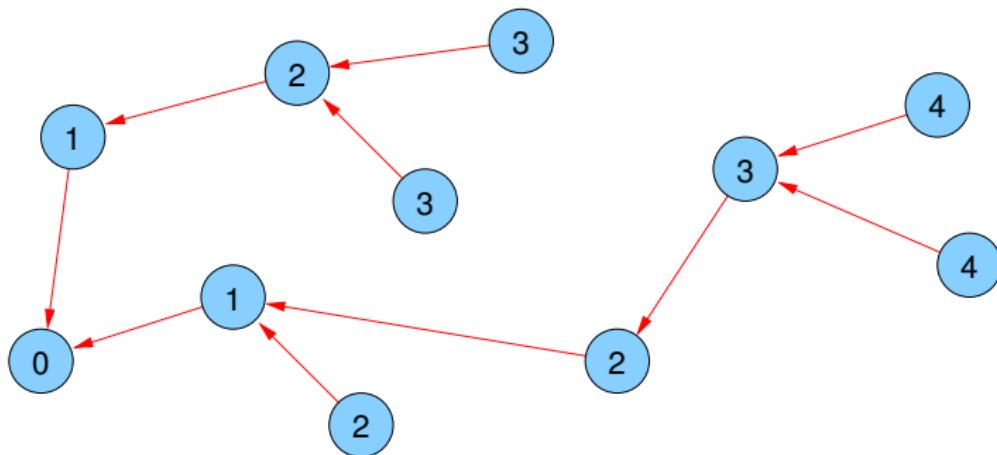
# Breitensuche

- $d(v)$ : Distanz von Knoten  $v$  zu  $s$  ( $d(s) = 0$ )



# Breitensuche

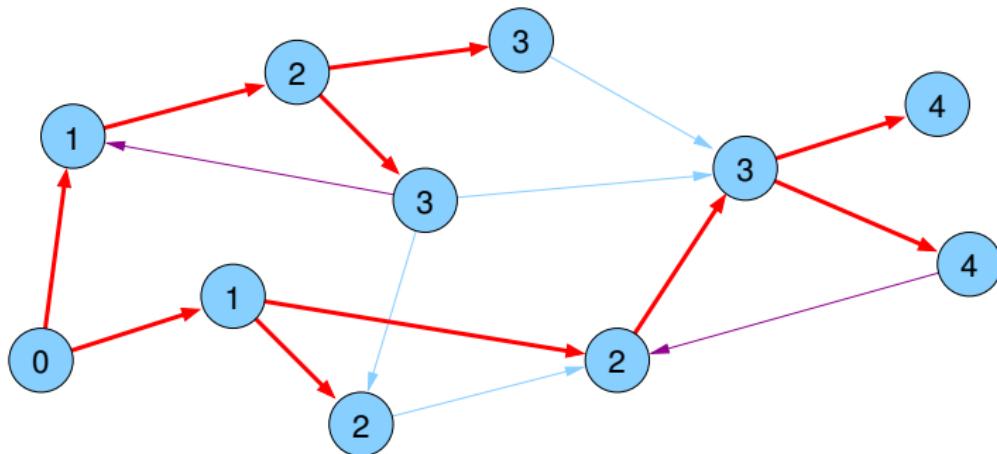
- $\text{parent}(v)$ : Knoten, von dem  $v$  entdeckt wurde
- $\text{parent}$  wird beim ersten Besuch von  $v$  gesetzt ( $\Rightarrow$  eindeutig)



# Breitensuche

Kantentypen:

- **Baumkanten:** zum Kind
- **Rückwärtskanten:** zu einem Vorfahren
- **Kreuzkanten:** sonstige

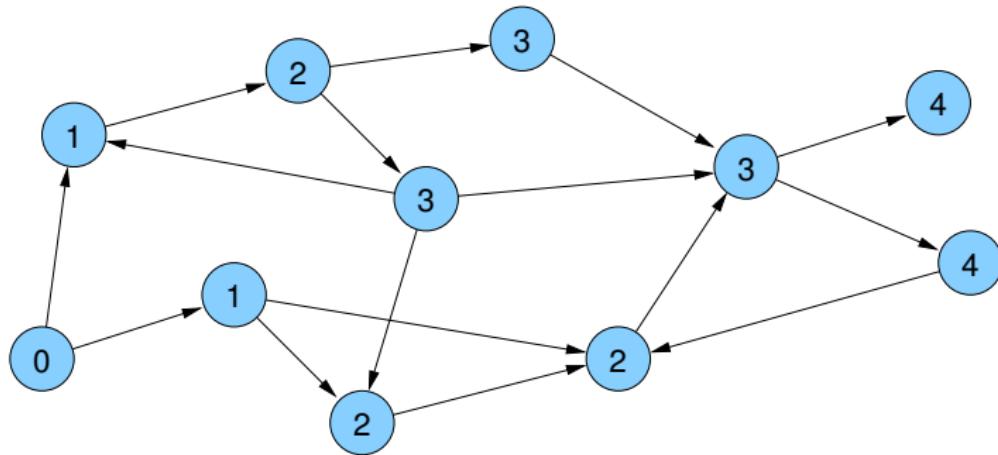


# Breitensuche

```
BFS(Node s) {  
    d[s] = 0;  
    parent[s] = s;  
    List<Node> q = {s};  
    while ( !q.empty() ) {  
        u = q.popFront();  
        foreach ((u, v) ∈ E) {  
            if (parent[v] == null) {  
                q.pushBack(v);  
                d[v] = d[u]+1;  
                parent[v] = u;  
            }  
        }  
    }  
}
```

# Breitensuche

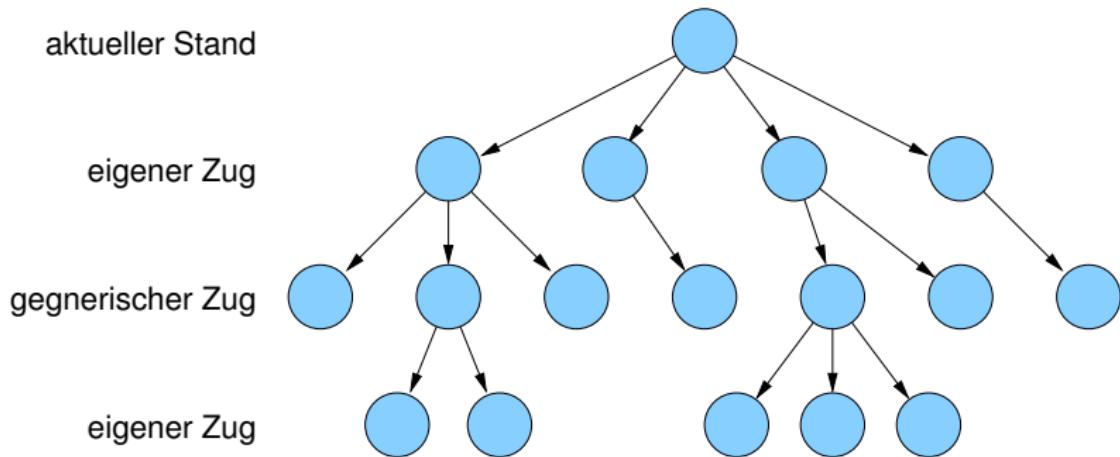
Anwendung: Single Source Shortest Path (SSSP) Problem  
in **ungewichteten** Graphen



# Breitensuche

Anwendung: Bestimmung des nächsten Zugs bei Spielen

Exploration des Spielbaums



Problem: halte Aufwand zur Suche eines guten Zuges in Grenzen

# Breitensuche

Anwendung: Bestimmung des nächsten Zugs bei Spielen

- Standard-BFS: verwendet **FIFO-Queue**

ebenenweise Erkundung

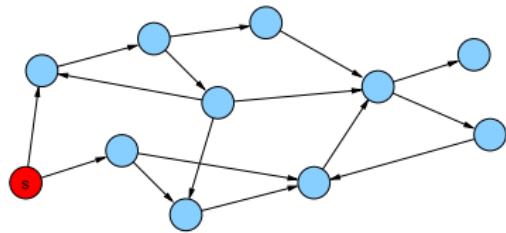
aber: zu teuer!

- **Best-First Search:** verwendet **Priority Queue**

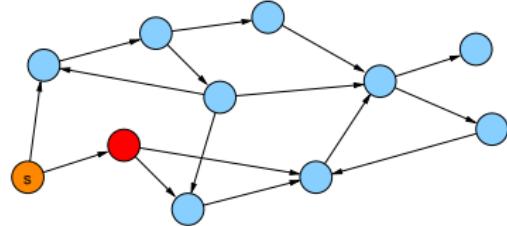
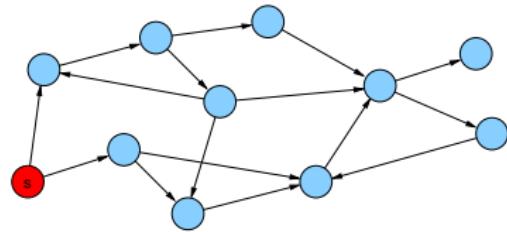
(z.B. realisiert durch binären Heap)

Priorität eines Knotens wird durch eine Güte-Heuristik des  
repräsentierten Spielzustands gegeben

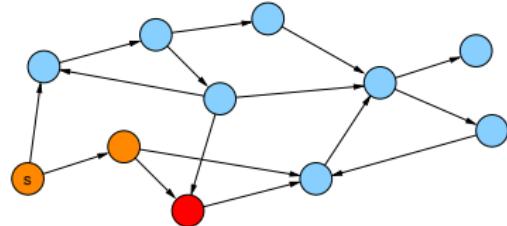
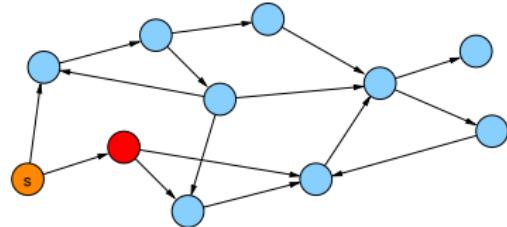
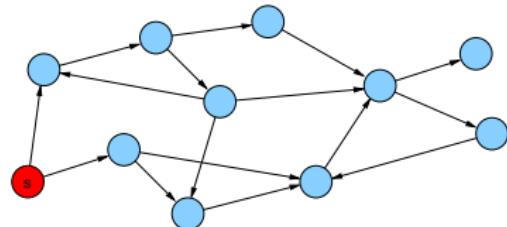
# Tiefensuche



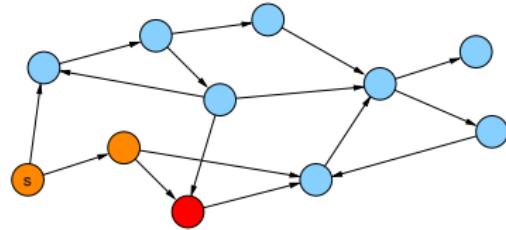
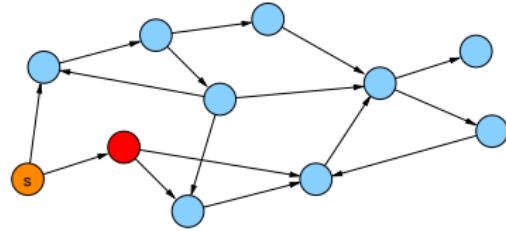
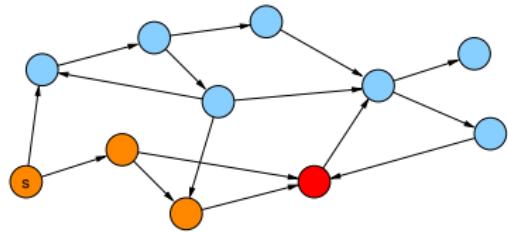
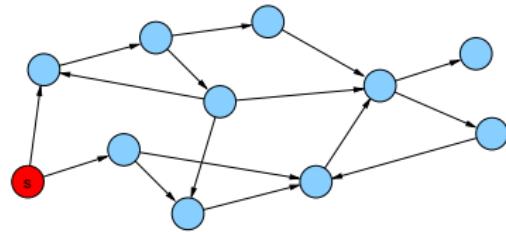
# Tiefensuche



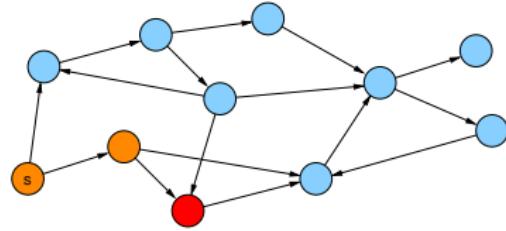
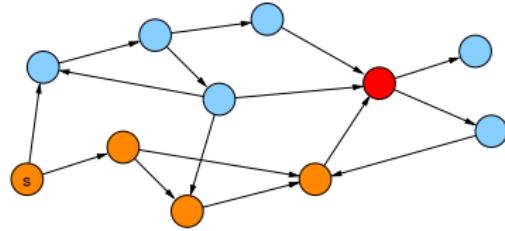
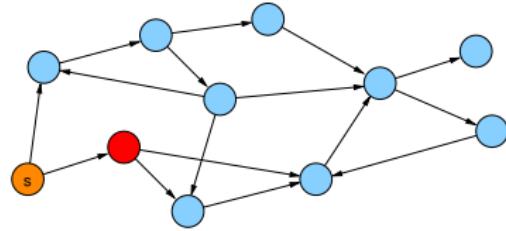
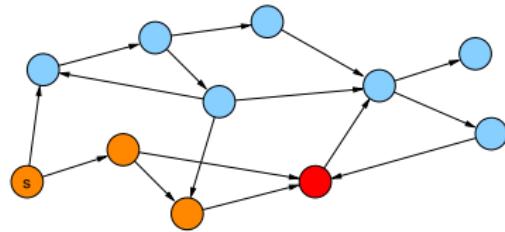
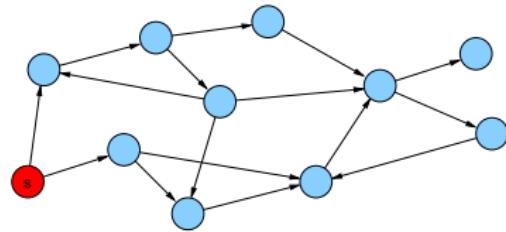
# Tiefensuche



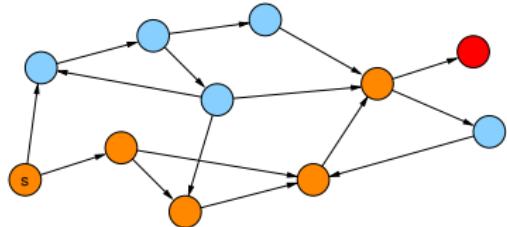
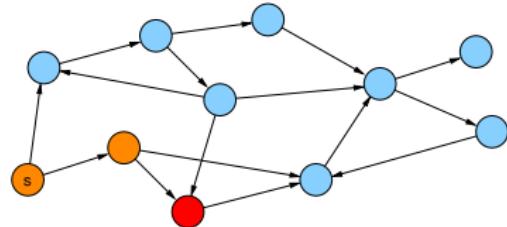
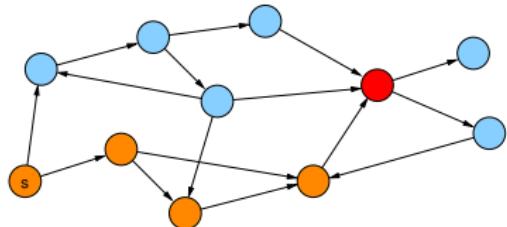
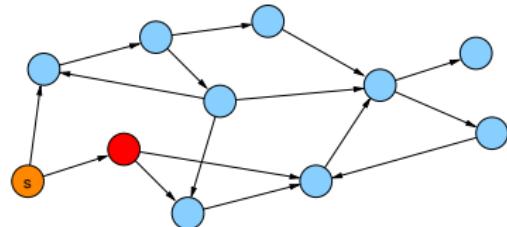
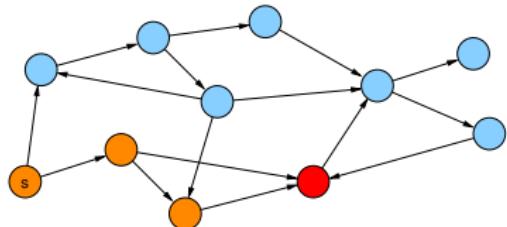
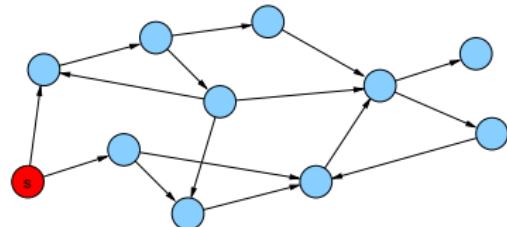
# Tiefensuche



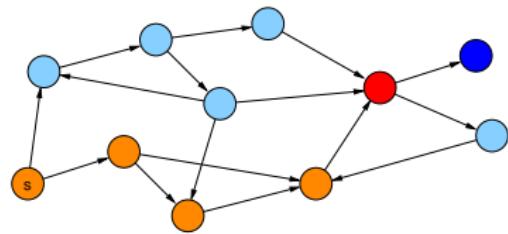
# Tiefensuche



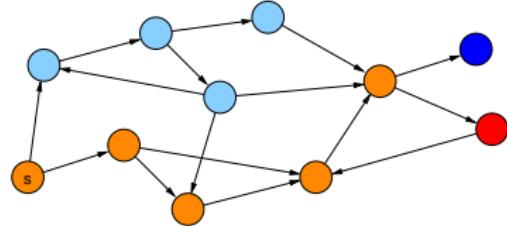
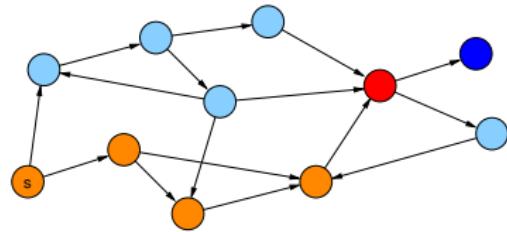
# Tiefensuche



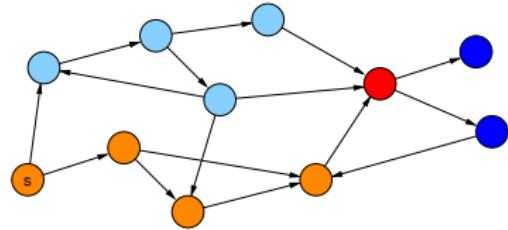
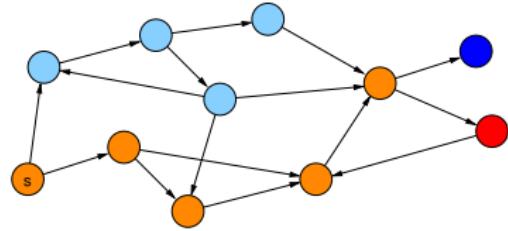
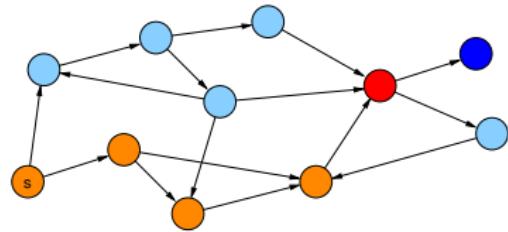
# Tiefensuche



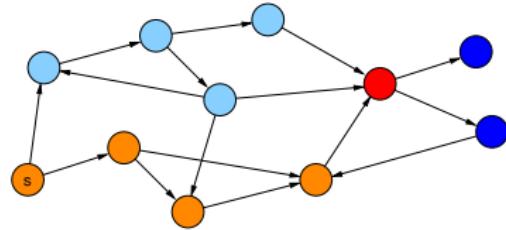
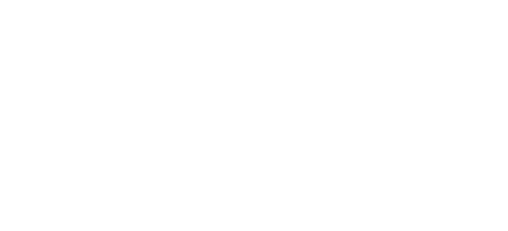
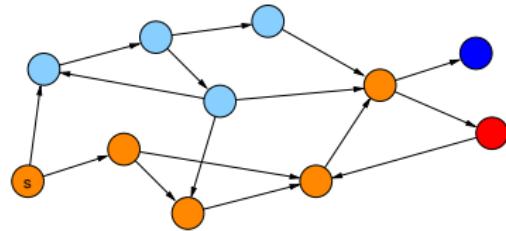
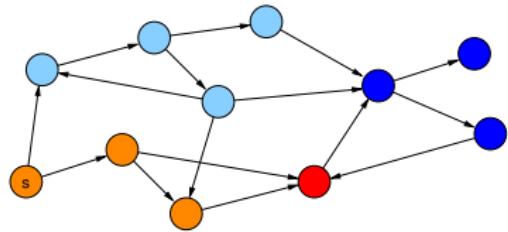
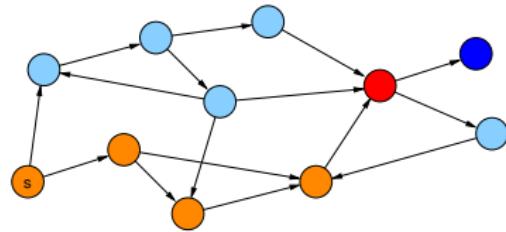
# Tiefensuche



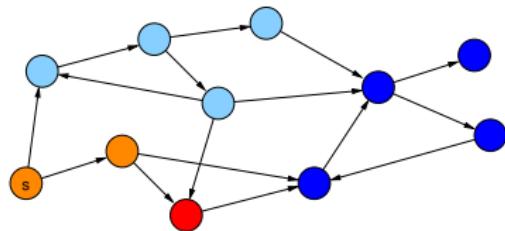
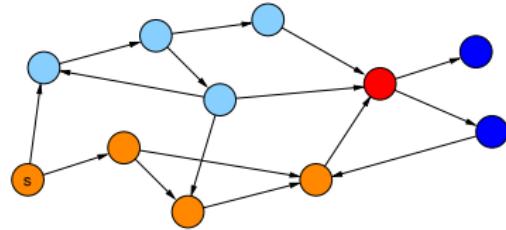
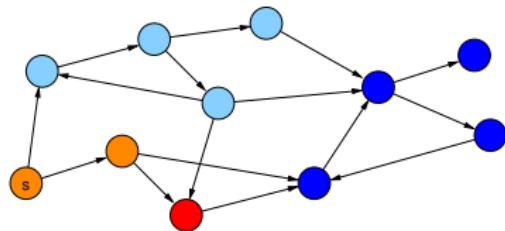
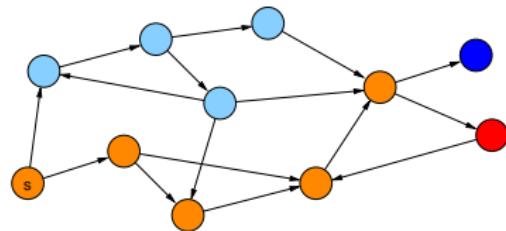
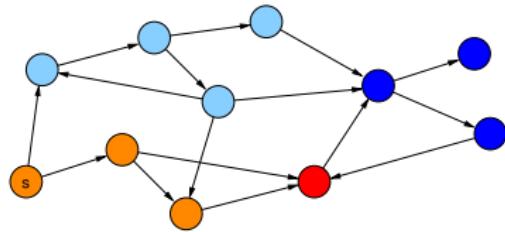
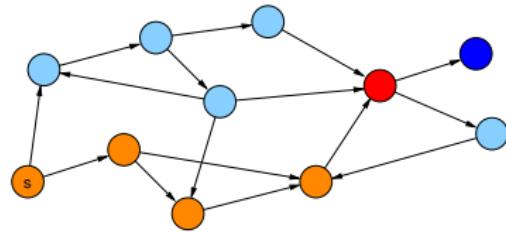
# Tiefensuche



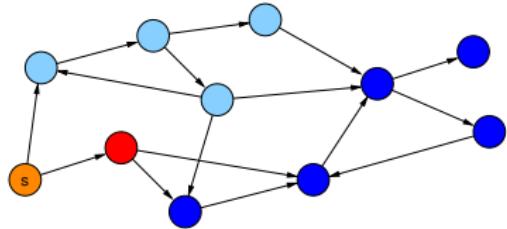
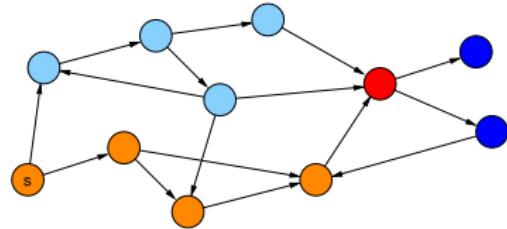
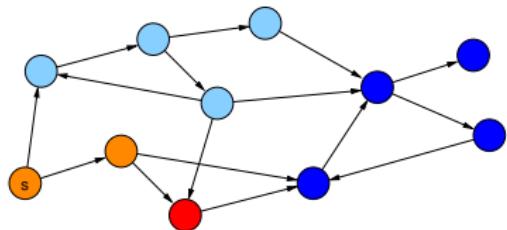
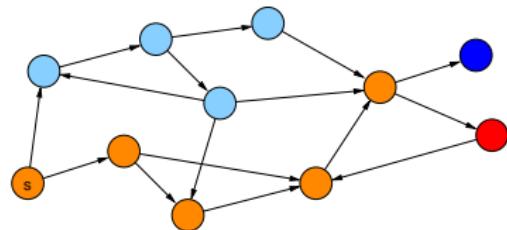
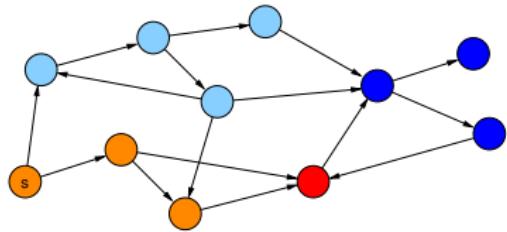
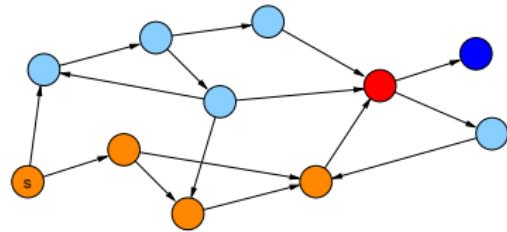
# Tiefensuche



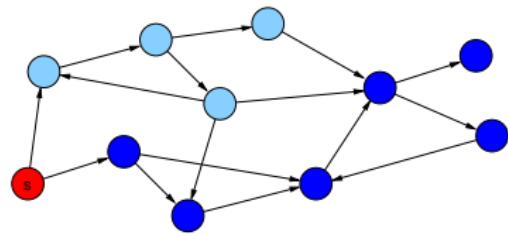
# Tiefensuche



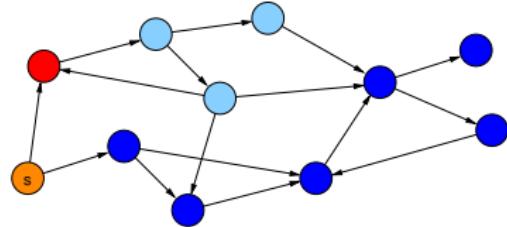
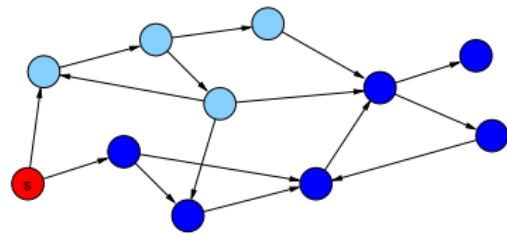
# Tiefensuche



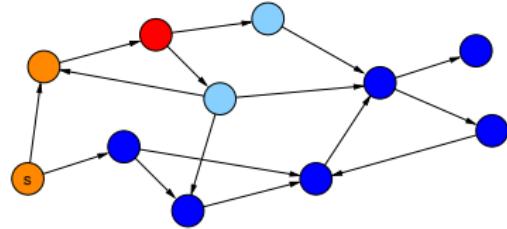
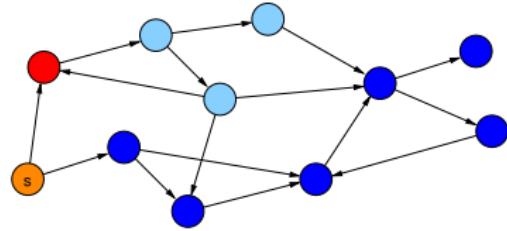
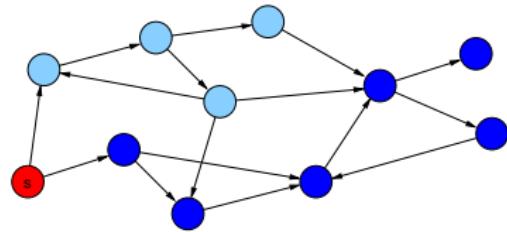
# Tiefensuche



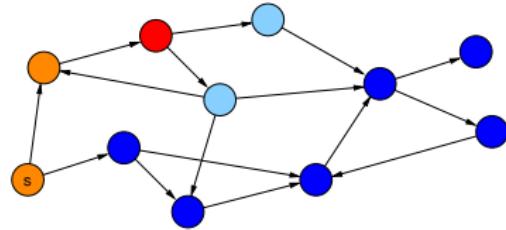
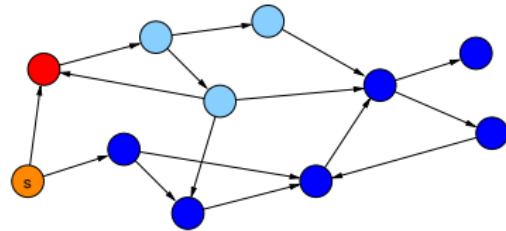
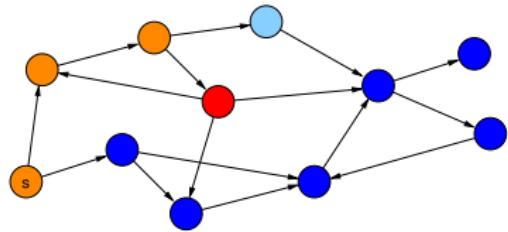
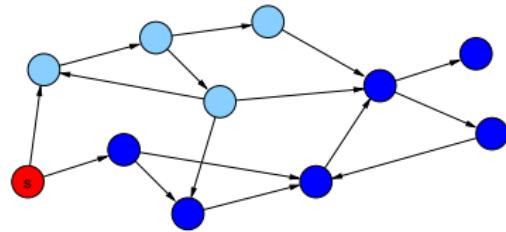
# Tiefensuche



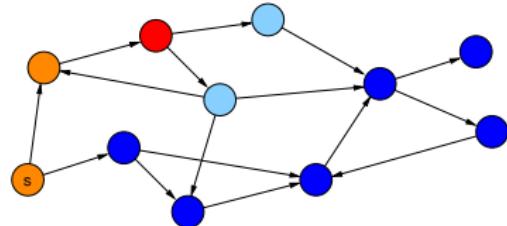
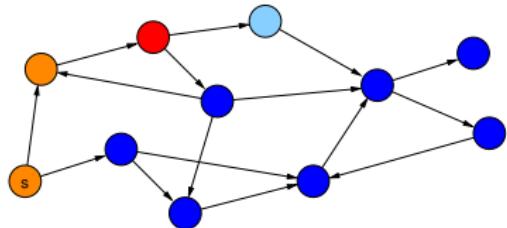
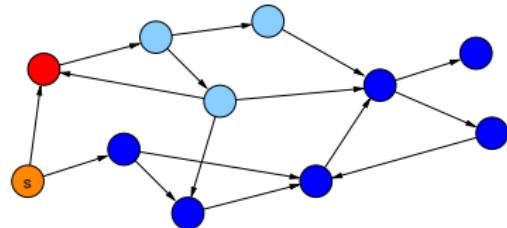
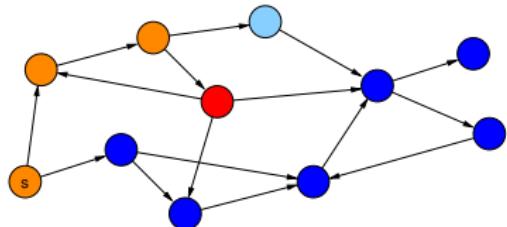
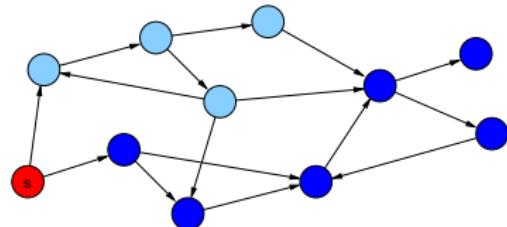
# Tiefensuche



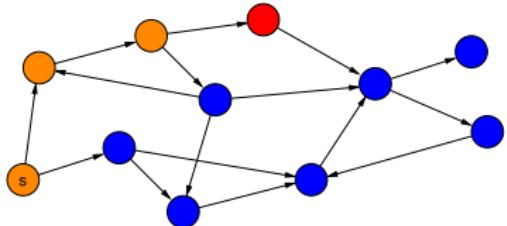
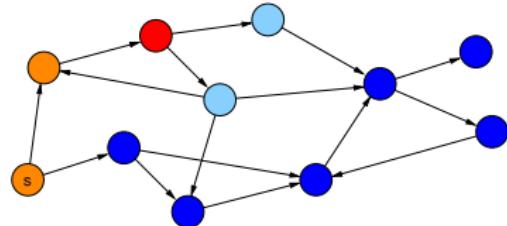
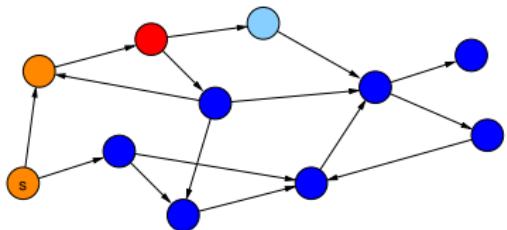
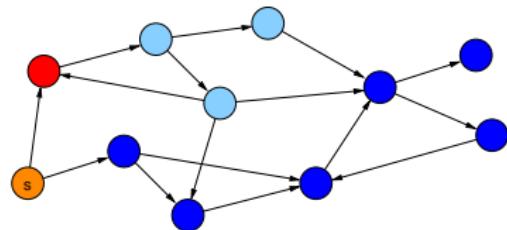
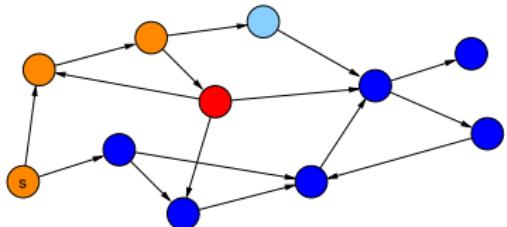
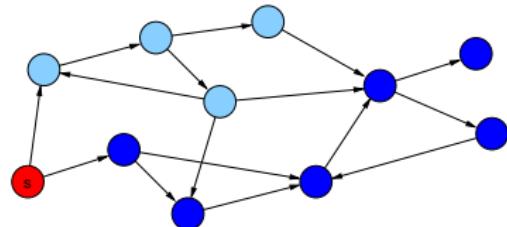
# Tiefensuche



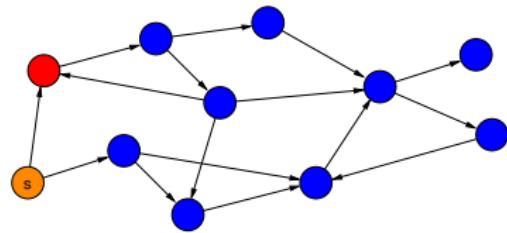
# Tiefensuche



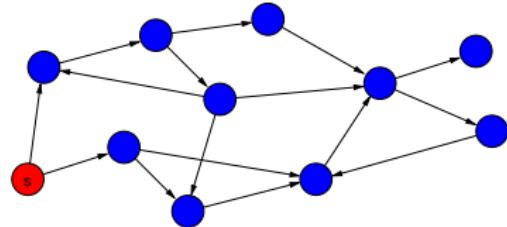
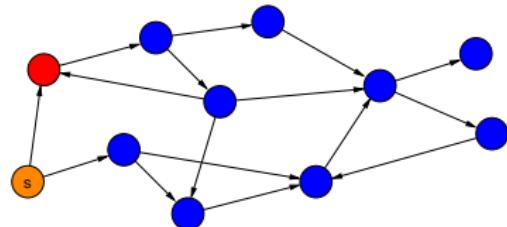
# Tiefensuche



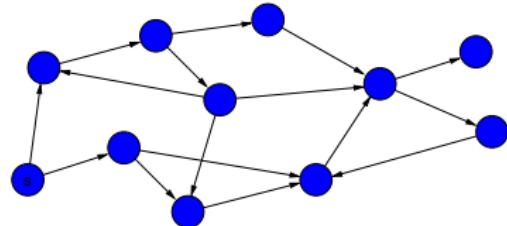
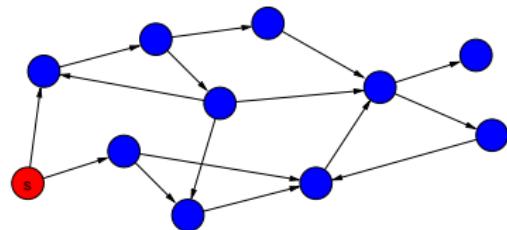
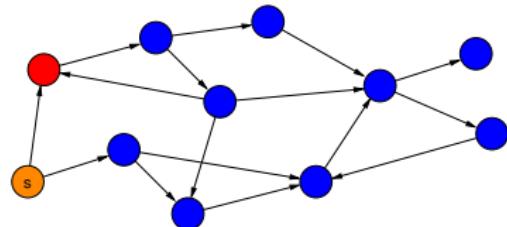
# Tiefensuche



# Tiefensuche



# Tiefensuche



# Tiefensuche

Übergeordnete Methode:

```

foreach ( $v \in V$ )
    Setze  $v$  auf nicht markiert;
init();
foreach ( $s \in V$ )
    if ( $s$  nicht markiert) {
        markiere  $s$ ;
        root( $s$ );
        DFS( $s,s$ );
    }
}

```

```

DFS(Node  $u$ , Node  $v$ ) {
    foreach ( $((v,w) \in E)$ 
        if ( $w$  ist markiert)
            traverseNonTreeEdge( $v,w$ );
        else {
            traverseTreeEdge( $v,w$ );
            markiere  $w$ ;
            DFS( $v,w$ );
        }
    }
    backtrack( $u,v$ );
}

```

# Tiefensuche

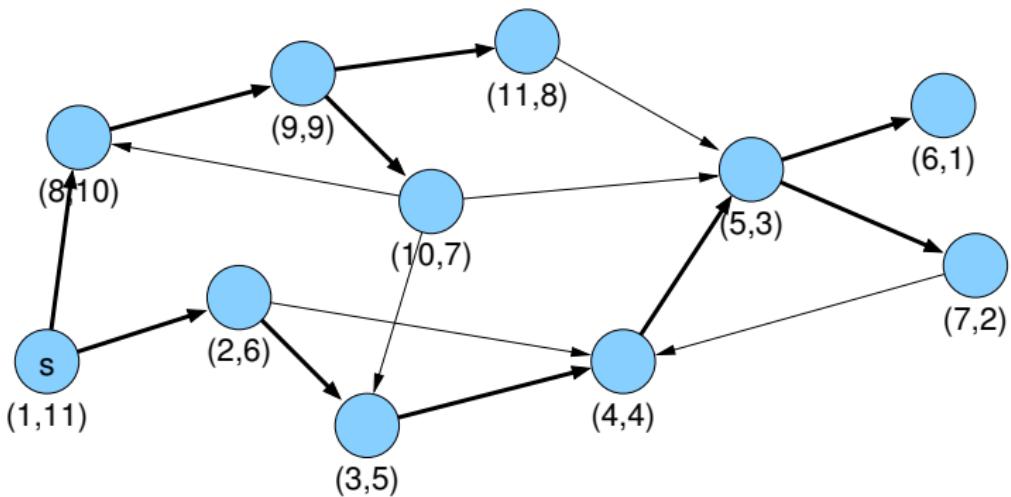
Variablen:

- int[] **dfsNum**; // Explorationsreihenfolge
- int[] **finishNum**; // Fertigstellungsreihenfolge
- int **dfsCount**, **finishCount**; // Zähler

Methoden:

- **init()** { **dfsCount** = 1; **finishCount** = 1; }
- **root**(Node s) { **dfsNum**[s] = **dfsCount**; **dfsCount**++; }
- **traverseTreeEdge**(Node v, Node w)  
  { **dfsNum**[w] = **dfsCount**; **dfsCount**++; }
- **traverseNonTreeEdge**(Node v, Node w) { }
- **backtrack**(Node u, Node v)  
  { **finishNum**[v] = **finishCount**; **finishCount**++; }

# Tiefensuche



# DFS-Numerierung

Beobachtung:

- Knoten im DFS-Rekursionsstack (aktiven Knoten) sind bezüglich `dfsNum` aufsteigend sortiert

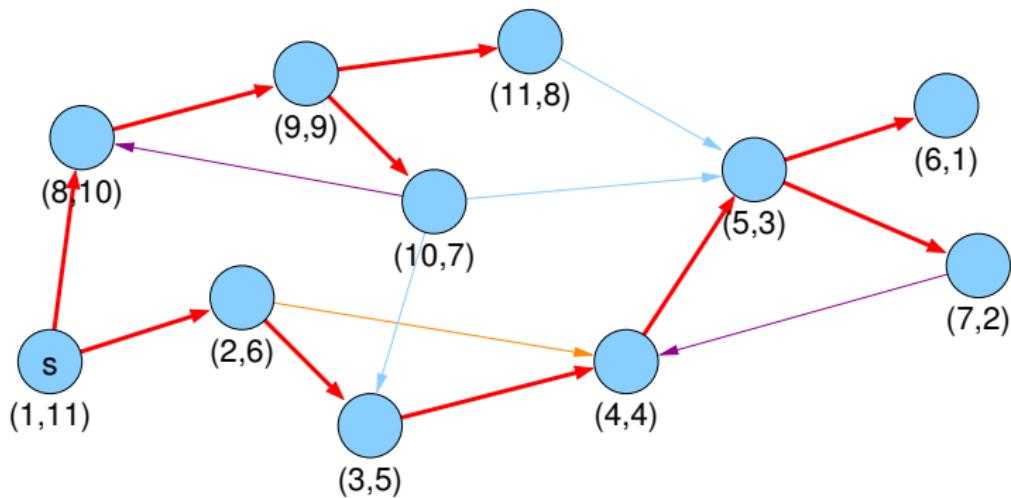
Begründung:

- `dfsCount` wird nach jeder Zuweisung von `dfsNum` inkrementiert
- neue aktive Knoten haben also immer die höchste `dfsNum`

# DFS-Nummerierung

Kantentypen:

- **Baumkanten**: zum Kind
- **Vorwärtskanten**: zu einem Nachfahren
- **Rückwärtskanten**: zu einem Vorfahren
- **Kreuzkanten**: sonstige



# DFS-Numerierung

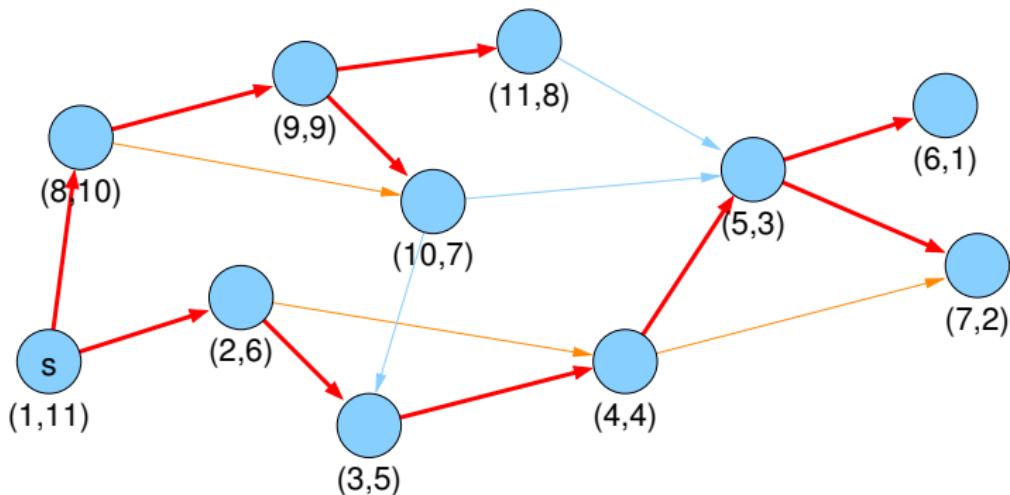
Beobachtung für Kante  $(v, w)$ :

| Kantentyp       | $\text{dfsNum}[v] < \text{dfsNum}[w]$ | $\text{finishNum}[v] > \text{finishNum}[w]$ |
|-----------------|---------------------------------------|---|
| Baum & Vorwärts | ja                                    | ja  |
| Rückwärts       | nein                                  | nein (umgekehrt)                            |
| Kreuz           | nein                                  | ja  |

# DAG-Erkennung per DFS

Anwendung:

- Erkennung von azyklischen gerichteten Graphen  
(engl. directed acyclic graph / DAG)



- keine gerichteten Kreise

# DAG-Erkennung per DFS

## Lemma

Folgende Aussagen sind äquivalent:

- ① Graph  $G$  ist ein DAG.
- ② DFS in  $G$  enthält keine **Rückwärtskante**.
- ③  $\forall (v, w) \in E : \text{finishNum}[v] > \text{finishNum}[w]$

# DAG-Erkennung per DFS

## Lemma

Folgende Aussagen sind äquivalent:

- ① Graph  $G$  ist ein DAG.
- ② DFS in  $G$  enthält keine Rückwärtskante.
- ③  $\forall (v, w) \in E : \text{finishNum}[v] > \text{finishNum}[w]$

## Beweis.

- (2) $\Rightarrow$ (3): Wenn (2), dann gibt es nur **Baum-**, **Vorwärts-** und **Kreuz-**Kanten. Für alle gilt (3).
- (3) $\Rightarrow$ (2): Für **Rückwärtskanten** gilt sogar die umgekehrte Relation  $\text{finishNum}[v] < \text{finishNum}[w]$ .  
Wenn (3), dann kann es also keine **Rückwärtskanten** geben (2).

# DAG-Erkennung per DFS

## Lemma

Folgende Aussagen sind äquivalent:

- ① Graph  $G$  ist ein DAG.
- ② DFS in  $G$  enthält keine Rückwärtskante.
- ③  $\forall (v, w) \in E : \text{finishNum}[v] > \text{finishNum}[w]$

## Beweis.

- $\neg(2) \Rightarrow \neg(1)$ : Wenn Rückwärtskante  $(v, w)$  existiert, gibt es einen gerichteten Kreis ab Knoten  $w$  (und  $G$  ist kein DAG).
- $\neg(1) \Rightarrow \neg(2)$ : Wenn es einen gerichteten Kreis gibt, ist mindestens eine von der DFS besuchte Kante dieses Kreises eine Rückwärtskante (Kante zu einem schon besuchten Knoten, dieser muss Vorfahr sein)).



# Zusammenhang in Graphen

## Definition

Ein ungerichteter Graph heißt **zusammenhängend**, wenn es von jedem Knoten einen Pfad zu jedem anderen Knoten gibt.

Ein maximaler zusammenhängender induzierter Teilgraph wird als **Zusammenhangskomponente** bezeichnet.

Die Zusammenhangskomponenten eines ungerichteten Graphen können mit DFS oder BFS in  $O(n + m)$  bestimmt werden.

# Knoten-Zusammenhang

## Definition

Ein ungerichteter Graph  $G = (V, E)$  heißt  **$k$ -fach zusammenhängend** (oder genauer gesagt  $k$ -knotenzusammenhängend), falls

- $|V| > k$  und
- für jede echte Knotenteilmenge  $X \subset V$  mit  $|X| < k$  der Graph  $G - X$  zusammenhängend ist.

# Knoten-Zusammenhang

## Definition

Ein ungerichteter Graph  $G = (V, E)$  heißt ***k-fach zusammenhängend*** (oder genauer gesagt ***k-knotenzusammenhängend***), falls

- $|V| > k$  und
- für jede echte Knotenteilmenge  $X \subset V$  mit  $|X| < k$  der Graph  $G - X$  zusammenhängend ist.

Bemerkung:

- “zusammenhängend” ist im wesentlichen gleichbedeutend mit “1-knotenzusammenhängend”

Ausnahme: Graph mit nur einem Knoten ist zusammenhängend, aber nicht 1-zusammenhängend

# Artikulationsknoten und Blöcke

## Definition

Ein Knoten  $v$  eines Graphen  $G$  heißt **Artikulationsknoten** (engl. *cut-vertex*), wenn sich die Anzahl der Zusammenhangskomponenten von  $G$  durch das Entfernen von  $v$  erhöht.

# Artikulationsknoten und Blöcke

## Definition

Ein Knoten  $v$  eines Graphen  $G$  heißt **Artikulationsknoten** (engl. *cut-vertex*), wenn sich die Anzahl der Zusammenhangskomponenten von  $G$  durch das Entfernen von  $v$  erhöht.

## Definition

Die **Zweifachzusammenhangskomponenten** eines Graphen sind die maximalen Teilgraphen, die 2-fach zusammenhängend sind.

Ein **Block** ist ein maximaler zusammenhängender Teilgraph, der keinen Artikulationsknoten enthält.

Die Menge der Blöcke besteht aus den Zweifachzusammenhangskomponenten, den Brücken (engl. *cut edges*), sowie den isolierten Knoten.

# Blöcke und DFS

Modifizierte DFS nach R. E. Tarjan:

- $\text{num}[v]$ : DFS-Nummer von  $v$
- $\text{low}[v]$ : minimale Nummer  $\text{num}[w]$  eines Knotens  $w$ , der von  $v$  aus über **beliebig viele ( $\geq 0$ ) Baumkanten** (abwärts), evtl. gefolgt von **einer einzigen Rückwärtskante** (aufwärts) erreicht werden kann
- $\text{low}[v]$ : Minimum von
  - ▶  $\text{num}[v]$
  - ▶  $\text{low}[w]$ , wobei  $w$  ein Kind von  $v$  im DFS-Baum ist (**Baumkante**)
  - ▶  $\text{num}[w]$ , wobei  $\{v, w\}$  eine **Rückwärtskante** ist

# Artikulationsknoten und DFS

## Lemma

Sei  $G = (V, E)$  ein ungerichteter, zusammenhängender Graph und  $T$  ein DFS-Baum in  $G$ .

Ein Knoten  $a \in V$  ist genau dann ein Artikulationsknoten, wenn

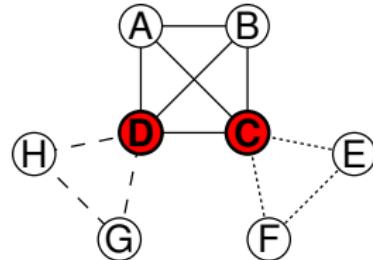
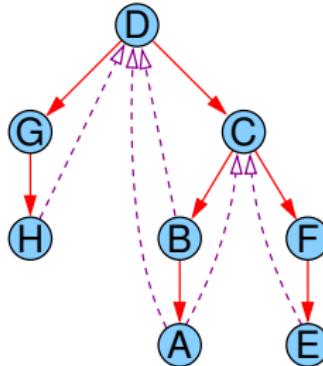
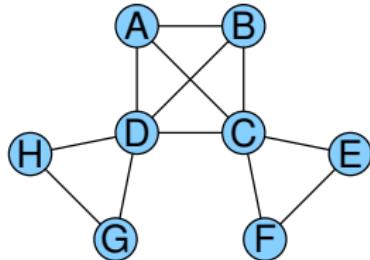
- $a$  die Wurzel von  $T$  ist und mindestens 2 Kinder hat, oder
- $a$  nicht die Wurzel von  $T$  ist und es ein Kind  $b$  von  $a$  mit  $low[b] \geq num[a]$  gibt.

## Beweisidee

Der Algorithmus beruht auf der Tatsache, dass in Zweifach(knoten)zusammenhangskomponenten zwischen jedem Knotenpaar mindestens zwei (knoten-)disjunkte Wege existieren. Das entspricht einem Kreis.

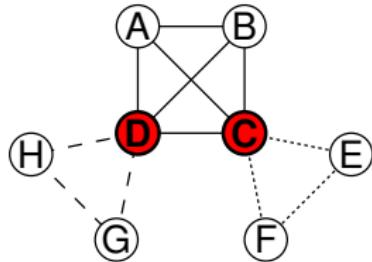
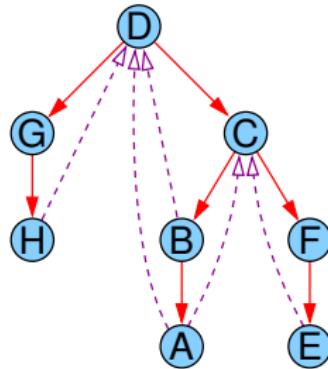
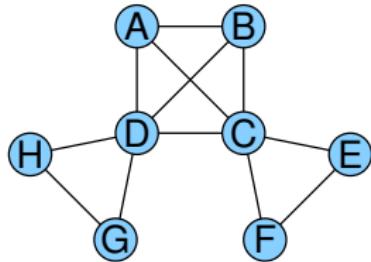
# Artikulationsknoten und Blöcke per DFS

- bei Aufruf der DFS für Knoten  $v$  wird  $\text{num}[v]$  bestimmt und  $\text{low}[v]$  mit  $\text{num}[v]$  initialisiert
- nach Besuch eines Nachbarknotens  $w$ :  
Update von  $\text{low}[v]$  durch Vergleich mit
  - ▶  $\text{low}[w]$  nach Rückkehr vom rekursiven Aufruf, falls  $(v, w)$  eine **Baumkante** war
  - ▶  $\text{num}[w]$ , falls  $(v, w)$  eine **Rückwärtskante** war



# Artikulationsknoten und Blöcke per DFS

- Kanten werden auf einem anfangs leeren Stack gesammelt
- Rückwärtskanten kommen direkt auf den Stack (ohne rek. Aufruf)
- Baumkanten kommen vor dem rekursiven Aufruf auf den Stack
- nach Rückkehr von einem rekursiven Aufruf werden im Fall  $\text{low}[w] \geq \text{num}[v]$  die obersten Kanten vom Stack bis einschließlich der Baumkante  $\{v, w\}$  entfernt und bilden den nächsten Block



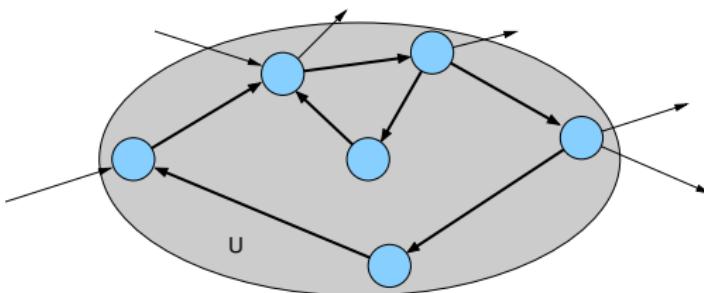
# Starke Zusammenhangskomponenten

## Definition

Sei  $G = (V, E)$  ein gerichteter Graph.

Knotenteilmenge  $U \subseteq V$  heißt **stark zusammenhängend** genau dann, wenn für alle  $u, v \in U$  ein gerichteter Pfad von  $u$  nach  $v$  in  $G$  existiert.

Für Knotenteilmenge  $U \subseteq V$  heißt der induzierte Teilgraph  $G[U]$  **starke Zusammenhangskomponente** von  $G$ , wenn  $U$  stark zusammenhängend und (inklusions-)maximal ist.



# Starke Zusammenhangskomponenten

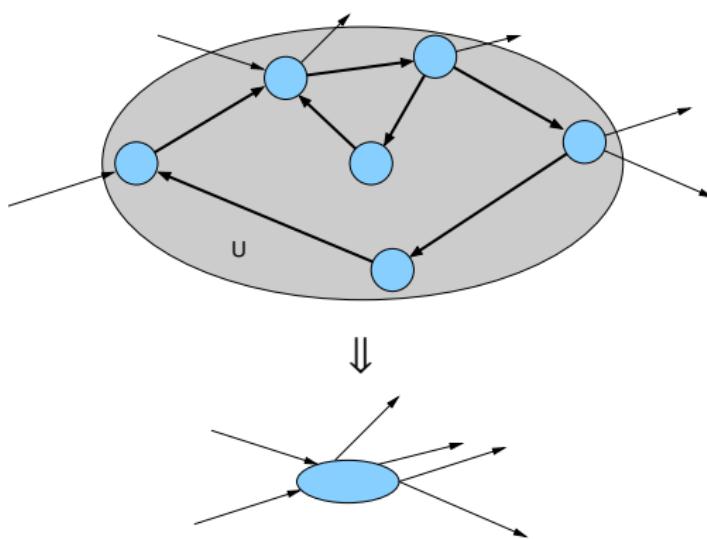
Beobachtungen:

- Knoten  $x, y \in V$  sind stark zusammenhängend, falls beide Knoten auf einem gemeinsamen gerichteten Kreis liegen (oder  $x = y$ ).
- Die starken Zusammenhangskomponenten bilden eine Partition der Knotenmenge.  
(im Gegensatz zu 2-Zhk. bei ungerichteten Graphen, wo nur die Kantenmenge partitioniert wird, sich aber zwei verschiedene 2-Zhk. in einem Knoten überlappen können)

# Starke Zusammenhangskomponenten

Beobachtungen:

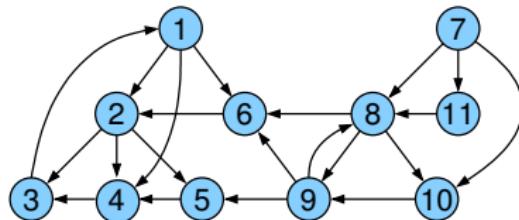
- Schrumpft man alle starken Zusammenhangskomponenten zu einzelnen (Super-)Knoten, ergibt sich ein DAG.



# Starke Zkh. und DFS

Idee:

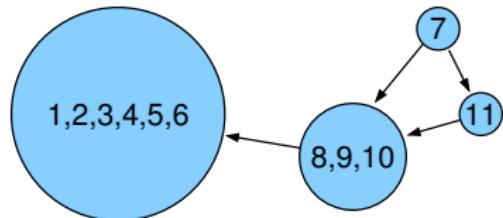
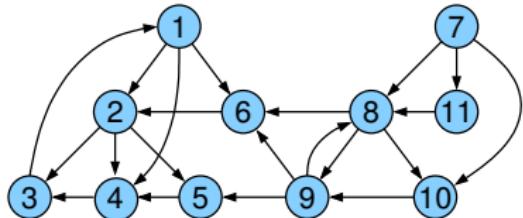
- beginne mit Graph ohne Kanten, jeder Knoten ist eigene SCC
  - füge nach und nach einzelne Kanten ein
- ⇒ aktueller (current) Graph  $G_c = (V, E_c)$
- Update der starken Zusammenhangskomponenten (SCCs)



# Starke Zkh. und DFS

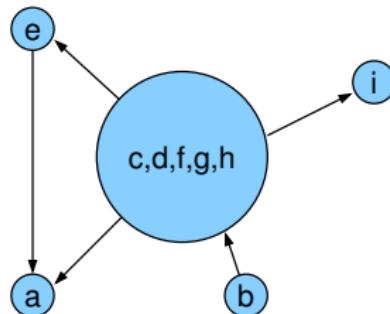
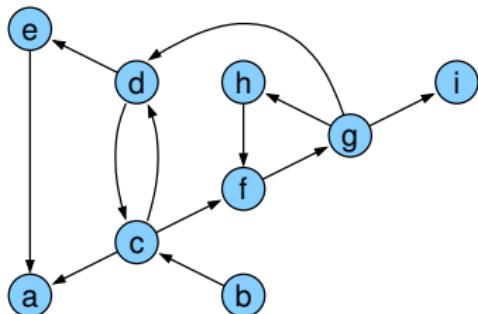
Idee:

- betrachte geschrumpften (shrunken) Graph  $G_c^s$ : Knoten entsprechen SCCs von  $G_c$ , Kante  $(C, D)$  genau dann, wenn es Knoten  $u \in C$  und  $v \in D$  mit  $(u, v) \in E_c$  gibt
- geschrumpfter Graph  $G_c^s$  ist ein DAG
- Ziel: Aktualisierung des geschrumpften Graphen beim Einfügen



# Starke Zhk. und DFS

Geschrumpfter Graph  
(Beispiel aus Mehlhorn / Sanders)



# Starke Zhk. und DFS

Update des geschrumpften Graphen nach Einfügen einer Kante:

3 Möglichkeiten:

- beide Endpunkte gehören zu derselben SCC  
⇒ geschrumpfter Graph unverändert
  
- Kante verbindet Knoten aus zwei verschiedenen SCCs, aber schließt keinen Kreis  
⇒ SCCs im geschrumpften Graph unverändert, aber eine Kante wird im geschrumpften Graph eingefügt (falls nicht schon vorhanden)
  
- Kante verbindet Knoten aus zwei verschiedenen SCCs und schließt einen oder mehrere Kreise  
⇒ alle SCCs, die auf einem der Kreise liegen, werden zu einer einzigen SCC verschmolzen

# Starke Zkh. und DFS

Prinzip:

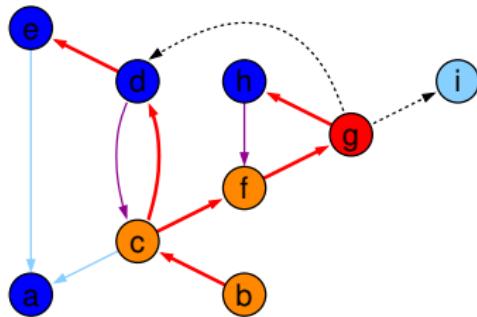
- Tiefensuche
  - $V_c$  schon markierte (entdeckte) Knoten
  - $E_c$  schon gefundene Kanten
- 3 Arten von SCC: unentdeckt, offen, geschlossen
- unentdeckte Knoten haben Ein- / Ausgangsgrad Null in  $G_c$   
⇒ zunächst bildet jeder Knoten eine eigene **unentdeckte** SCC, andere SCCs enthalten nur markierte Knoten
- SCCs mit mindestens einem aktiven Knoten (ohne finishNum) heißen **offen**
- SCC heißt **geschlossen**, falls sie nur fertige Knoten (mit finishNum) enthält
- Knoten in offenen / geschlossenen SCCs heißen **offen / geschlossen**

# Starke Zhk. und DFS

- Knoten in geschlossenen SCCs sind immer fertig (mit finishNum)
- Knoten in offenen SCCs können fertig oder noch aktiv (ohne finishNum) sein
- **Repräsentant** einer SCC: Knoten mit kleinster dfsNum

# Starke Zkh. und DFS

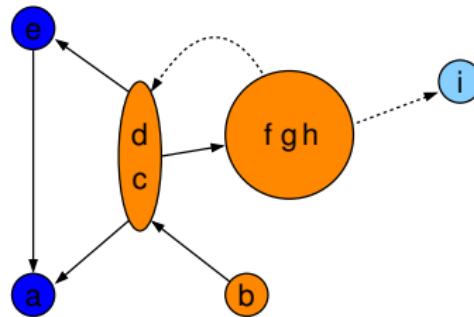
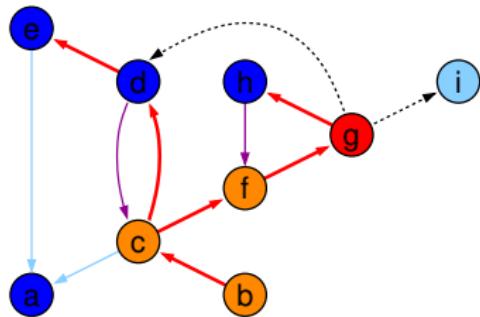
DFS-Snapshot:



- erste DFS startete bei Knoten  $a$ , zweite bei  $b$
- aktueller Knoten ist  $g$ , auf dem Rekursionsstack liegen  $b, c, f, g$
- $(g, d)$  und  $(g, i)$  wurden noch nicht exploriert
- $(d, c)$  und  $(h, f)$  sind Rückwärtskanten
- $(c, a)$  und  $(e, a)$  sind Querkanten
- $(b, c), (c, d), (d, e), (c, f), (f, g)$  und  $(g, h)$  sind Baumkanten

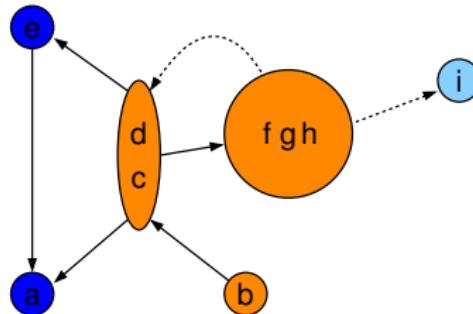
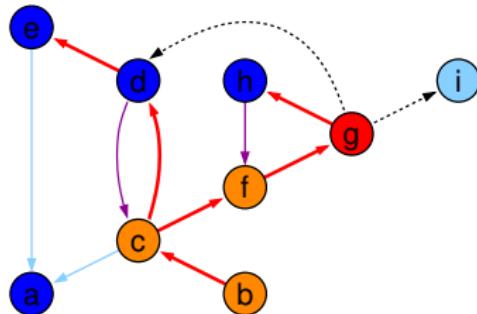
# Starke Zkh. und DFS

DFS-Snapshot mit geschrumpftem Graph:



- unentdeckt: {i}    offen: {b}, {c, d}, {f, g, h}    geschlossen: {a}, {e}
- offene SCCs bilden Pfad im geschrumpften Graph
- aktueller Knoten gehört zur letzten SCC
- offene Knoten wurden in Reihenfolge  $b, c, d, f, g, h$  erreicht und werden von den Repräsentanten  $b, c$  und  $f$  genau in die offenen SCCs partitioniert

# Starke Zkh. und DFS



Beobachtungen (Invarianten für  $G_c$ ):

- ① Pfade aus **geschlossenen** SCCs führen immer zu **geschlossenen** SCCs
- ② Pfad zum aktuellen Knoten enthält die **Repräsentanten** aller **offenen** SCCs  
offene Komponenten bilden **Pfad** im geschrumpften Graph
- ③ Knoten der offenen SCCs in Reihenfolge der DFS-Nummern werden durch Repräsentanten in die offenen SCCs **partitioniert**

# Starke Zkh. und DFS

Geschlossene SCCs von  $G_c$  sind auch SCCs in  $G$ :

- Sei  $v$  geschlossener Knoten und  $S / S_c$  seine SCC in  $G / G_c$ .
- zu zeigen:  $S = S_c$
- $G_c$  ist Subgraph von  $G$ , also  $S_c \subseteq S$
- somit zu zeigen:  $S \subseteq S_c$
- Sei  $w$  ein Knoten in  $S$ .  
 $\Rightarrow \exists$  Kreis  $C$  durch  $v$  und  $w$ .
- Invariante 1: alle Knoten von  $C$  sind geschlossen und somit erledigt (alle ausgehenden Kanten exploriert)
- $C$  ist in  $G_c$  enthalten, also  $w \in S_c$
- damit gilt  $S \subseteq S_c$ , also  $S = S_c$

# Starke Zhk. und DFS

Vorgehen:

- Invarianten 2 und 3 helfen bei Verwaltung der offenen SCCs
- Knoten in offenen SCCs auf Stack **oNodes**  
(in Reihenfolge steigender dfsNum)
- Repräsentanten der offenen SCCs auf Stack **oReps**
- zu Beginn Invarianten gültig (alles leer)
- vor Markierung einer neuen Wurzel sind alle markierten Knoten erledigt, also keine offenen SCCs, beide Stacks leer  
dann: neue offene SCC für neue Wurzel  $s$ ,  
 $s$  kommt auf beide Stacks

## Starke Zkh. und DFS

Prinzip: betrachte Kante  $e = (v, w)$

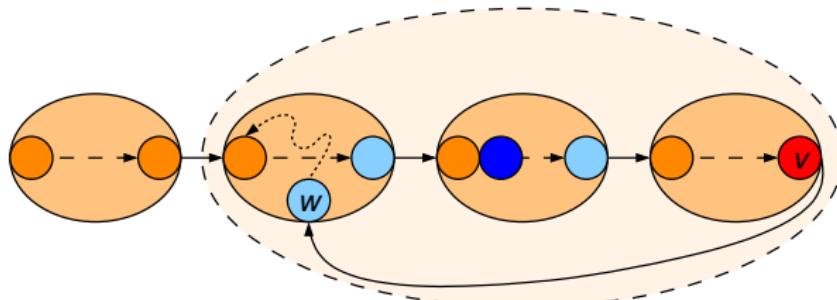
- Kante zu unbekanntem Knoten  $w$  (Baumkante):  
neue eigene offene SCC für  $w$  ( $w$  kommt auf oNodes und oReps)
- Kante zu Knoten  $w$  in geschlossener SCC (Nicht-Baumkante):  
von  $w$  gibt es keinen Weg zu  $v$ , sonst wäre die SCC von  $w$  noch nicht geschlossen (geschlossene SCCs sind bereits komplett),  
also SCCs unverändert
- Kante zu Knoten  $w$  in offener SCC (Nicht-Baumkante):  
falls  $v$  und  $w$  in unterschiedlichen SCCs liegen, müssen diese mit allen SCCs dazwischen zu einer einzigen SCC verschmolzen werden (durch Löschen der Repräsentanten)

Wenn Knoten keine ausgehenden Kanten mehr hat:

- Knoten fertig
- wenn Knoten Repräsentant seiner SCC ist, dann SCC schließen

# Starke Zkh. und DFS

Vereinigung offener SCCs im Kreisfall:



- offene SCC entsprechen Ovalen, Knoten sortiert nach `dfsNum`
- alle Repräsentanten offener SCCs liegen auf Baumpfad zum aktuellen Knoten  $v$  in SCC  $S_k$
- Nicht-Baumkante  $(v, w)$  endet an Knoten  $w$  in offener SCC  $S_i$  mit Repräsentant  $r_i$
- Pfad von  $w$  nach  $r_i$  muss existieren (innerhalb SCC  $S_i$ )
- ⇒ Kante  $(v, w)$  vereinigt  $S_i, \dots, S_k$

# Starke Zhk. und DFS

- **init()** {  
    component = new int[n];  
    oReps = < >;  
    oNodes = < >;  
    dfsCount = 1;  
}
- **root(Node w) / traverseTreeEdge(Node v, Node w)** {  
    oReps.push(w); // Repräsentant einer neuen SCC  
    oNodes.push(w); // neuer offener Knoten  
    dfsNum[w] = dfsCount;  
    dfsCount++;  
}

# Starke Zkh. und DFS

- **traverseNonTreeEdge**(Node v, Node w) {  
    if ( $w \in oNodes$ ) // verschmelze SCCs  
        while ( $dfsNum[w] < dfsNum[oReps.top()]$ )  
            oReps.pop();  
    }  
  
• **backtrack**(Node u, Node v) {  
    if ( $v == oReps.top()$ ) { // v Repräsentant?  
        oReps.pop(); // ja: entferne v  
        do { // und offene Knoten bis v  
            w = oNodes.pop();  
            component[w] = v;  
        } while ( $w \neq v$ );  
    }  
}

# Starke Zkh. und DFS

Zeit:  $O(n + m)$

Begründung:

- **init, root:**  $O(1)$
- **traverseTreeEdge:**  $(n - 1) \times O(1)$
- **backtrack, traverseNonTreeEdge:**  
da jeder Knoten höchstens einmal in oReps und oNodes landet,  
insgesamt  $O(n + m)$
- **DFS-Gerüst:**  $O(n + m)$
- gesamt:  $O(n + m)$

# Kürzeste Wege

Zentrale Frage: Wie kommt man am schnellsten von A nach B?

Fälle:

- Kantenkosten 1
- DAG, beliebige Kantenkosten
- beliebiger Graph, positive Kantenkosten
- beliebiger Graph, beliebige Kantenkosten

# Kürzeste-Wege-Problem

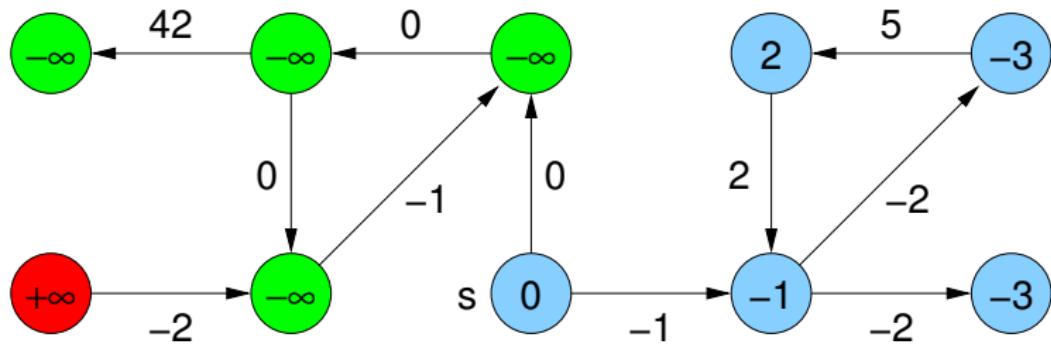
gegeben:

- gerichteter Graph  $G = (V, E)$
- Kantenkosten  $c : E \mapsto \mathbb{R}$

2 Varianten:

- SSSP (single source shortest paths):  
kürzeste Wege von einer Quelle zu allen anderen Knoten
- APSP (all pairs shortest paths):  
kürzeste Wege zwischen allen Paaren

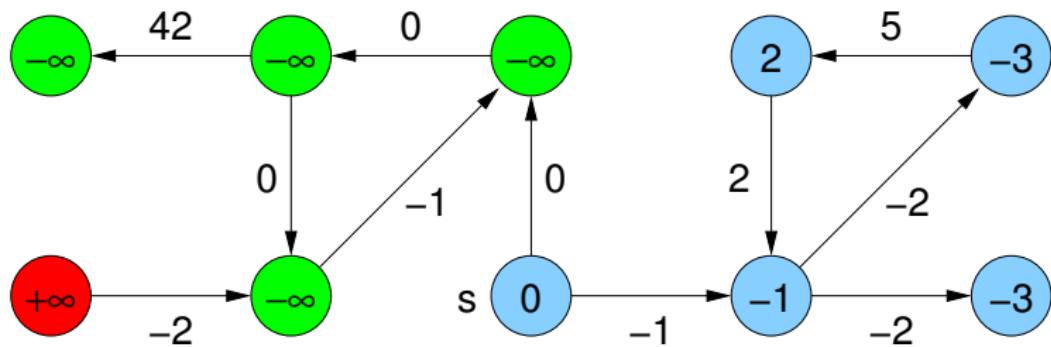
# Distanzen



$\mu(s, v)$ : Distanz von  $s$  nach  $v$

$$\mu(s, v) = \begin{cases} +\infty & \text{kein Weg von } s \text{ nach } v \\ -\infty & \text{Weg beliebig kleiner Kosten von } s \text{ nach } v \\ \min\{c(p) : p \text{ ist Weg von } s \text{ nach } v\} & \end{cases}$$

# Distanzen



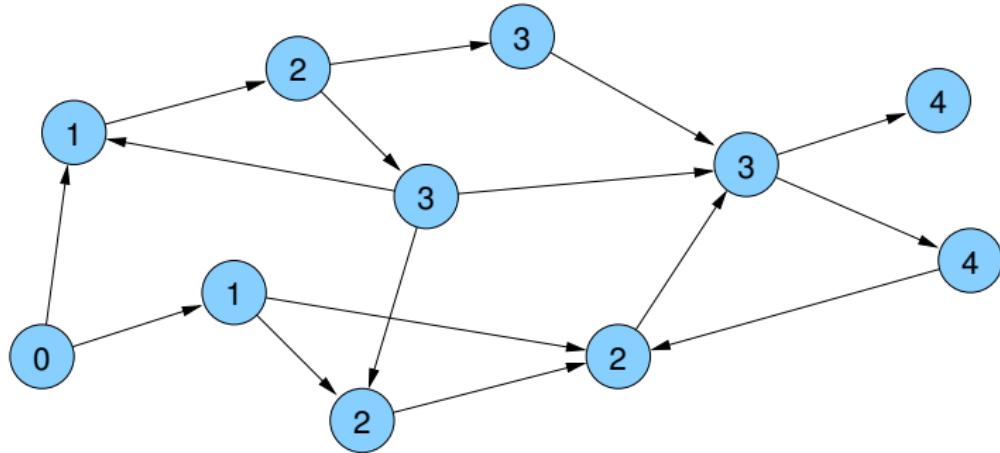
Wann sind die Kosten  $-\infty$ ?

wenn es einen **Kreis mit negativer Gewichtssumme** gibt  
(hinreichende und notwendige Bedingung)

# Kürzeste Wege bei uniformen Kantenkosten

Graph mit Kantenkosten 1:

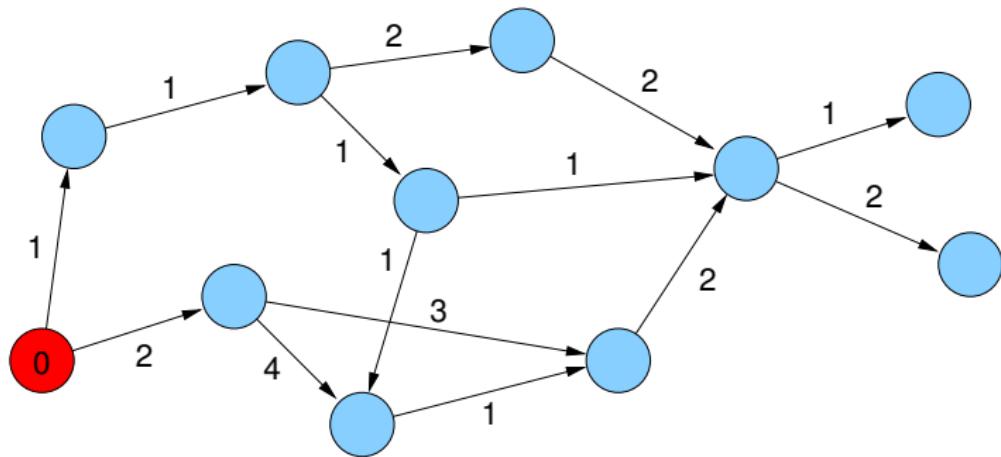
⇒ Breitensuche (BFS)



# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

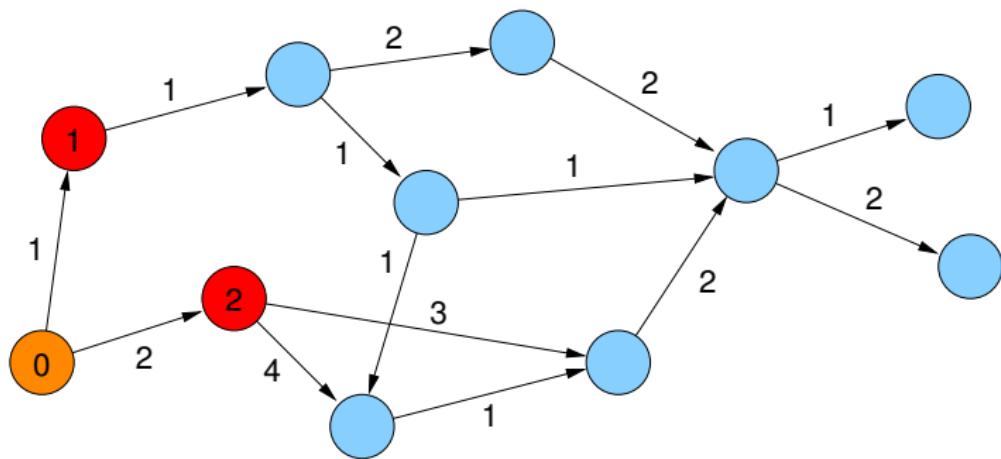
Einfache Breitensuche funktioniert nicht.



# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

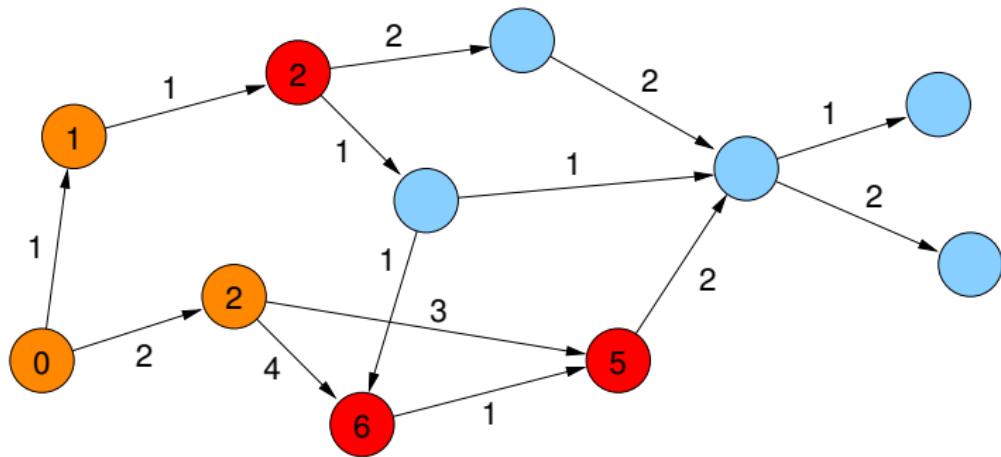
Einfache Breitensuche funktioniert nicht.



# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

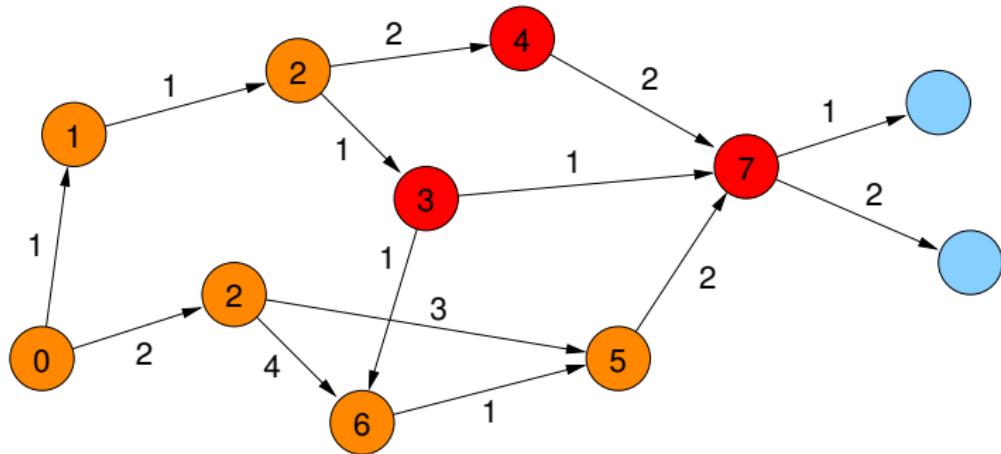
Einfache Breitensuche funktioniert nicht.



# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

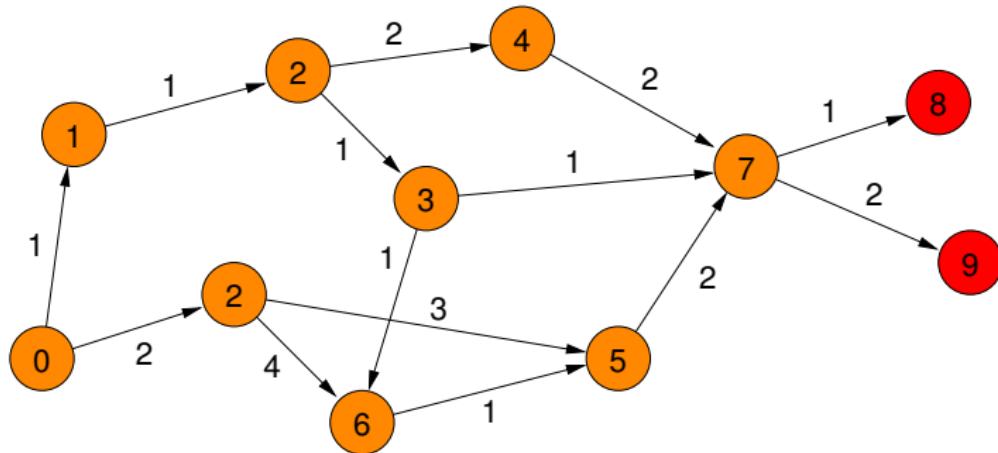
Einfache Breitensuche funktioniert nicht.



# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

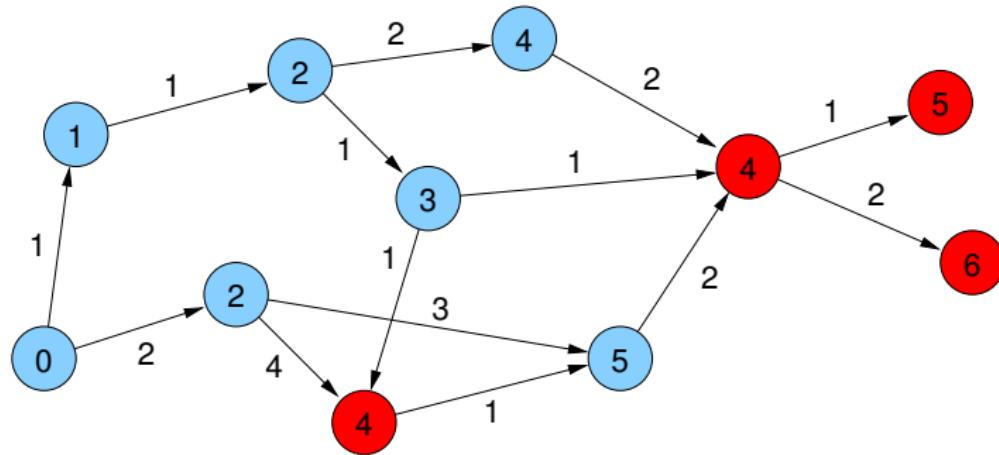
Einfache Breitensuche funktioniert nicht.



# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Einfache Breitensuche funktioniert nicht.

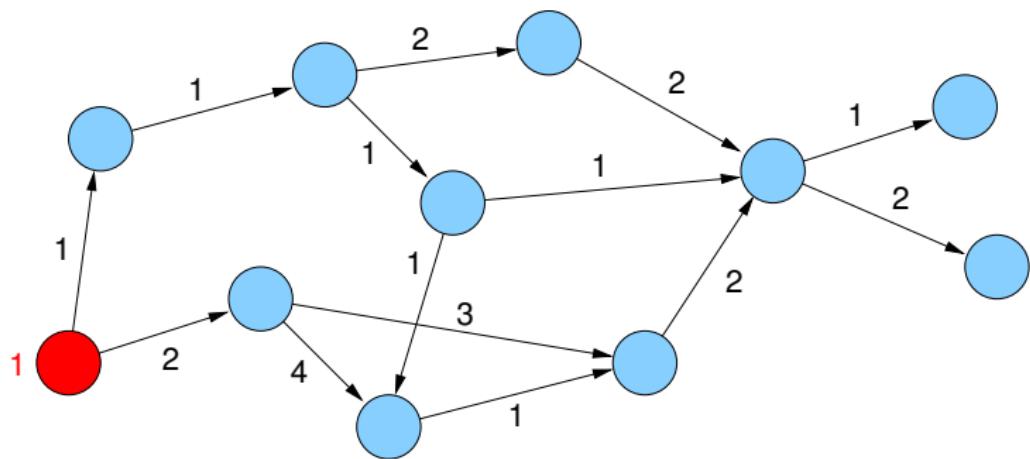


# Topologische Sortierung in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie: in DAGs gibt es **topologische Sortierung**

(für alle Kanten  $e=(v,w)$  gilt  $\text{topoNum}(v) < \text{topoNum}(w)$ )

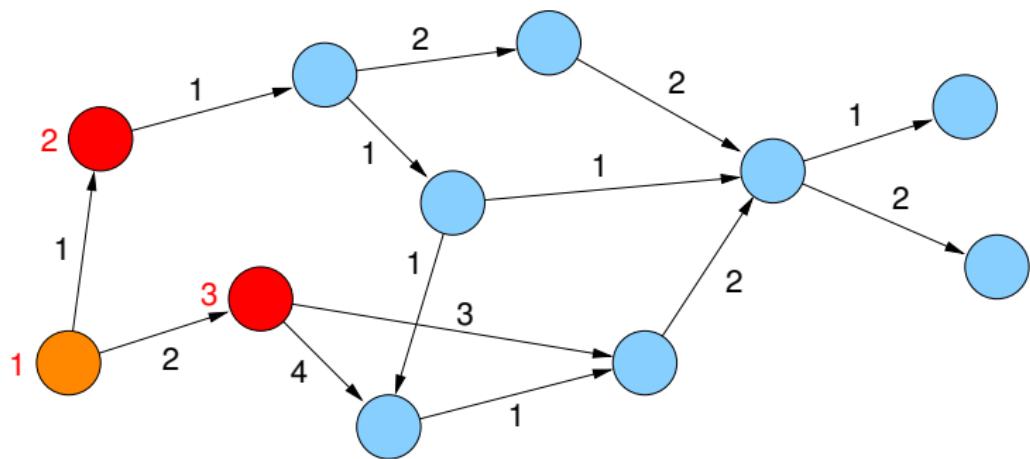


# Topologische Sortierung in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie: in DAGs gibt es topologische Sortierung

(für alle Kanten  $e=(v,w)$  gilt  $\text{topoNum}(v) < \text{topoNum}(w)$ )

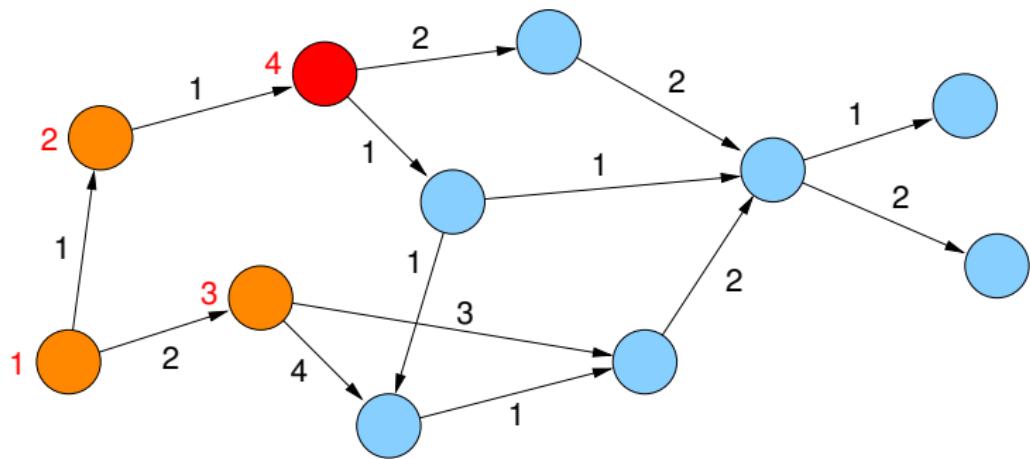


# Topologische Sortierung in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie: in DAGs gibt es topologische Sortierung

(für alle Kanten  $e=(v,w)$  gilt  $\text{topoNum}(v) < \text{topoNum}(w)$ )

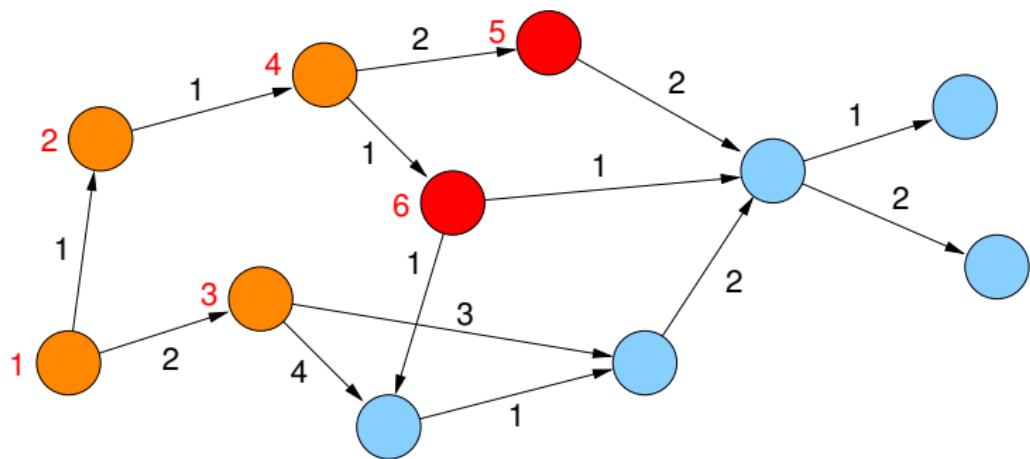


# Topologische Sortierung in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie: in DAGs gibt es topologische Sortierung

(für alle Kanten  $e=(v,w)$  gilt  $\text{topoNum}(v) < \text{topoNum}(w)$ )

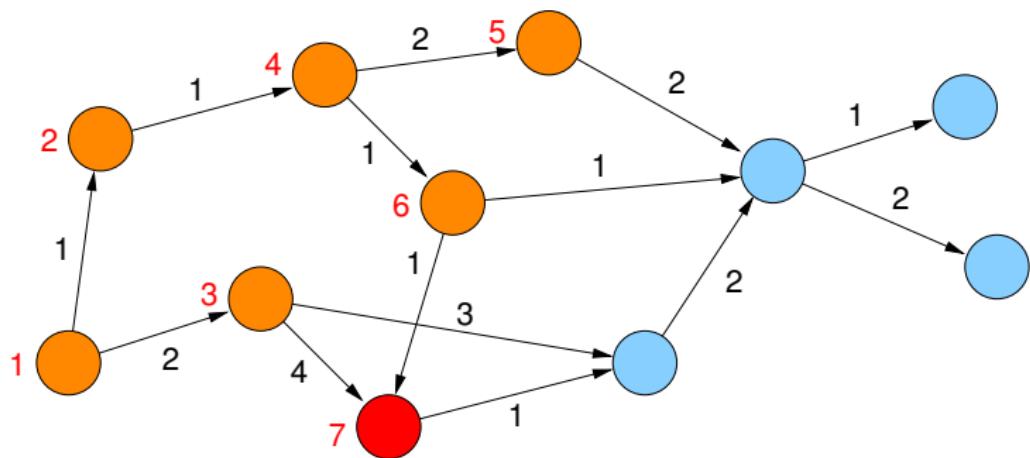


# Topologische Sortierung in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie: in DAGs gibt es topologische Sortierung

(für alle Kanten  $e=(v,w)$  gilt  $\text{topoNum}(v) < \text{topoNum}(w)$ )

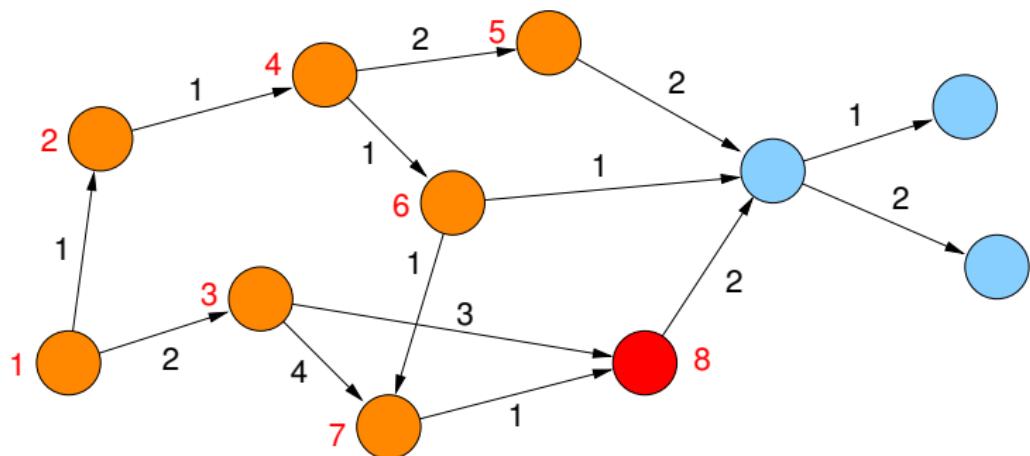


# Topologische Sortierung in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie: in DAGs gibt es topologische Sortierung

(für alle Kanten  $e=(v,w)$  gilt  $\text{topoNum}(v) < \text{topoNum}(w)$ )

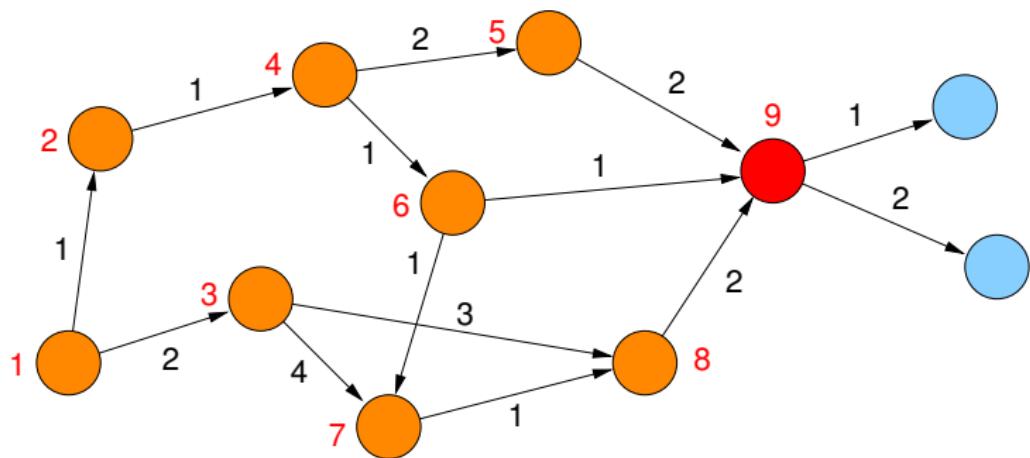


# Topologische Sortierung in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie: in DAGs gibt es topologische Sortierung

(für alle Kanten  $e=(v,w)$  gilt  $\text{topoNum}(v) < \text{topoNum}(w)$ )

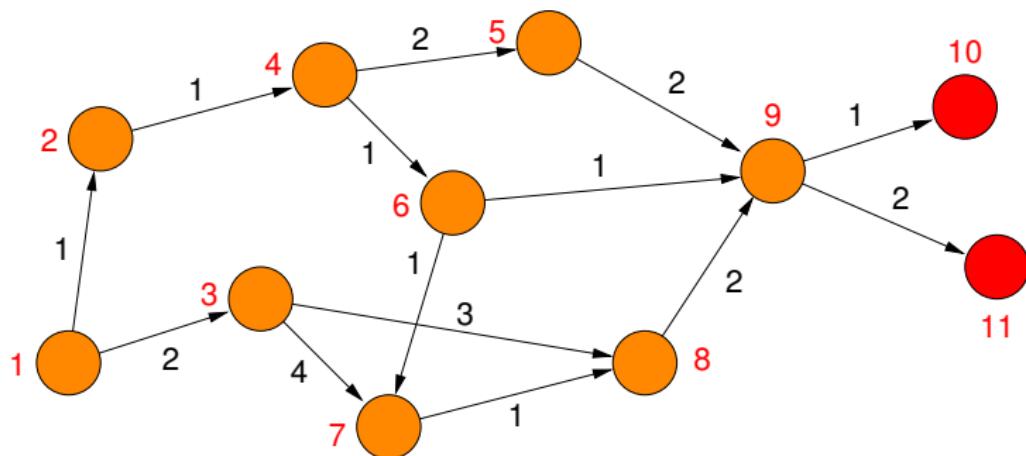


# Topologische Sortierung in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie: in DAGs gibt es topologische Sortierung

(für alle Kanten  $e=(v,w)$  gilt  $\text{topoNum}(v) < \text{topoNum}(w)$ )

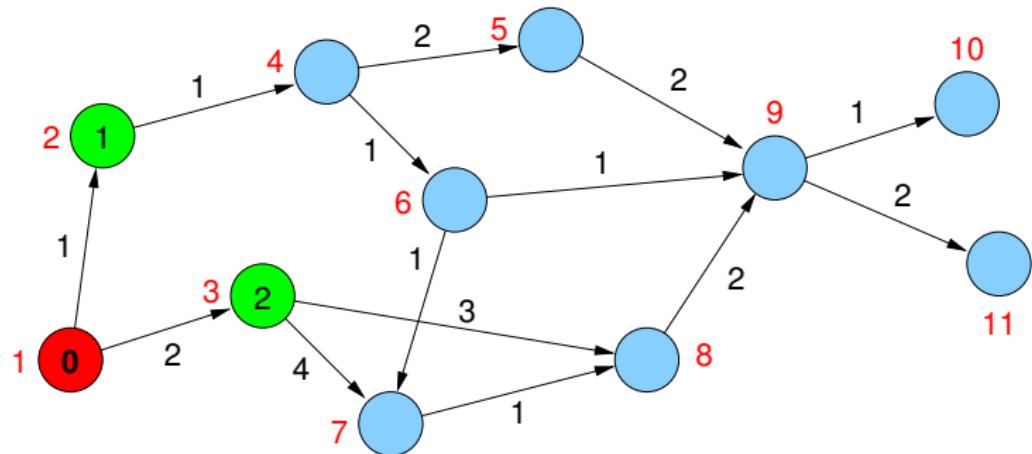


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

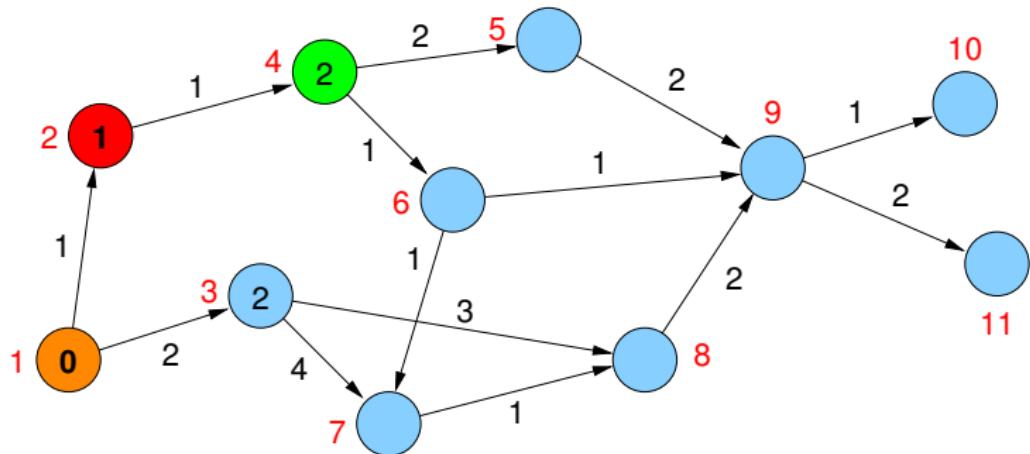


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

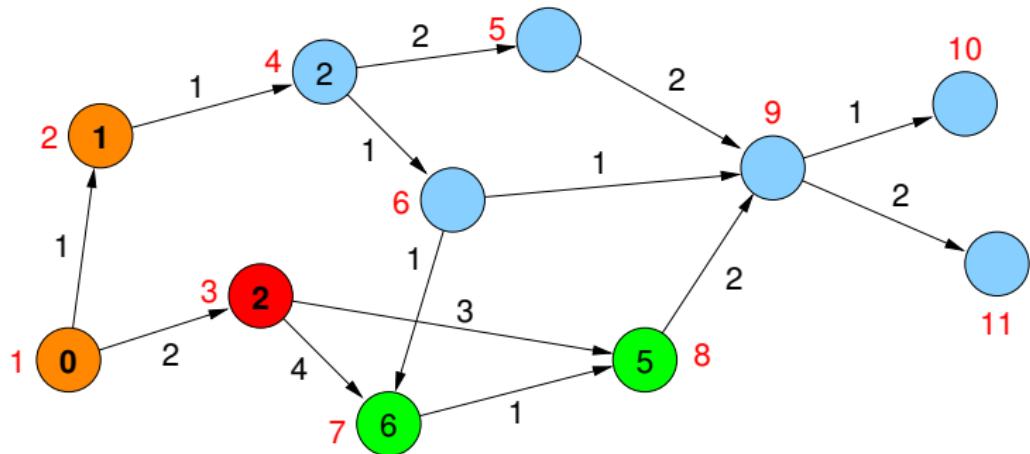


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

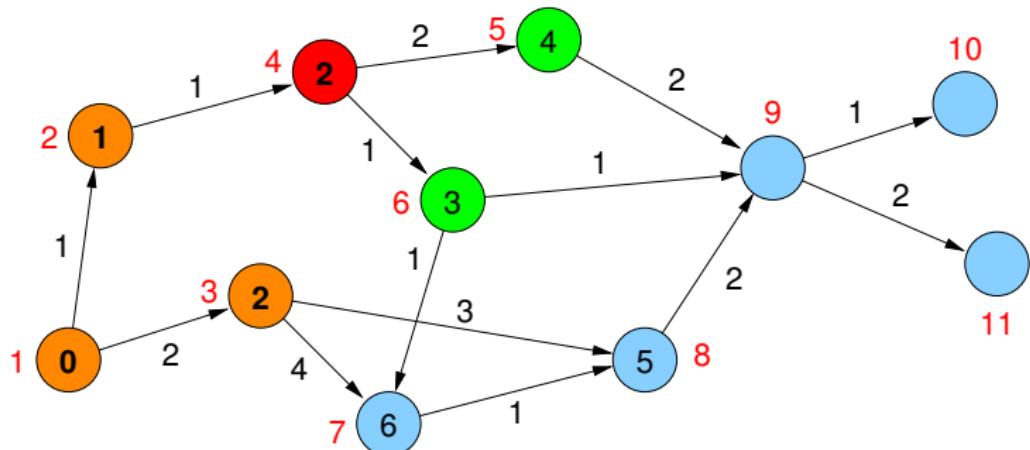


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

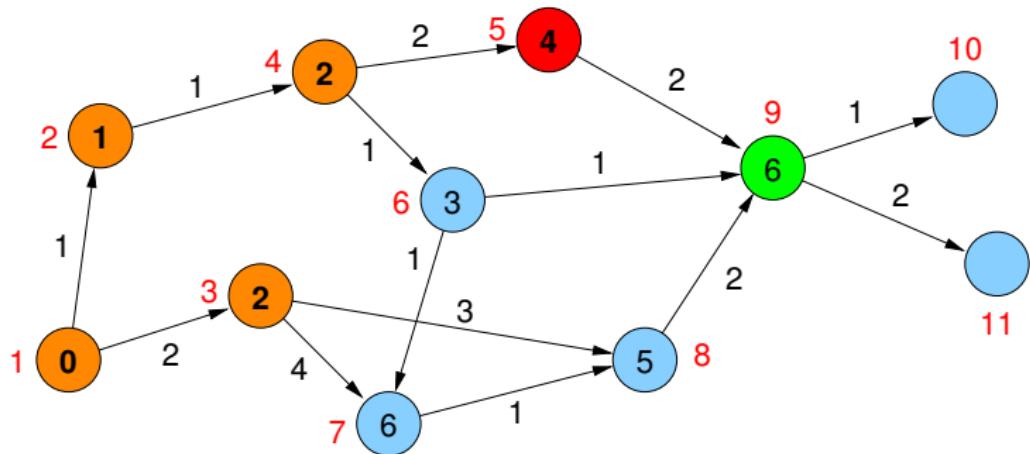


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

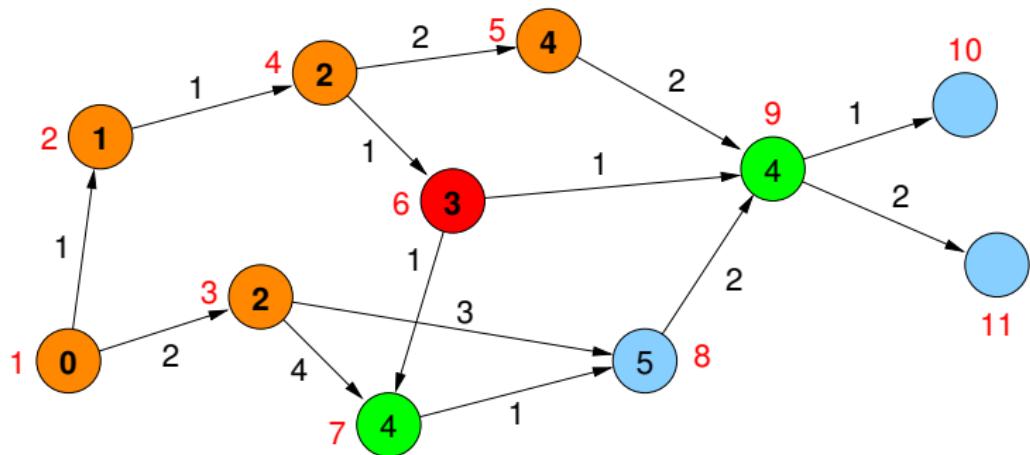


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

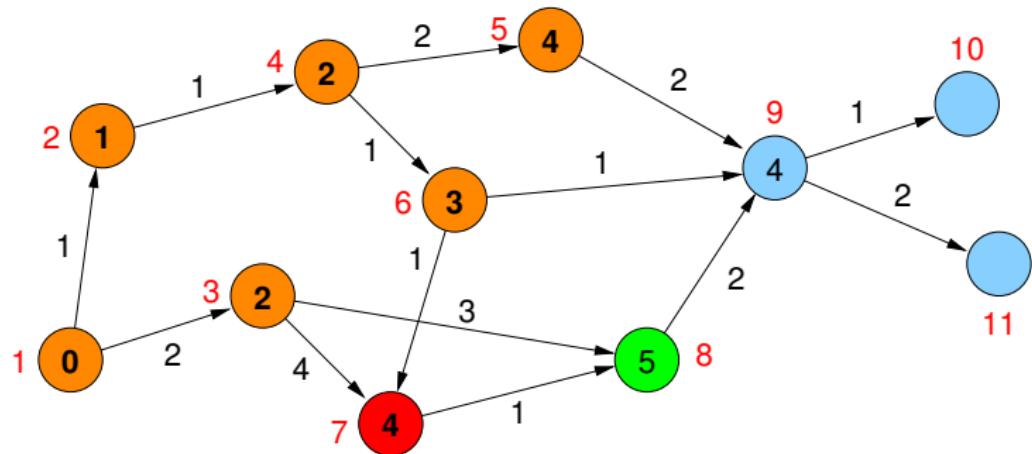


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

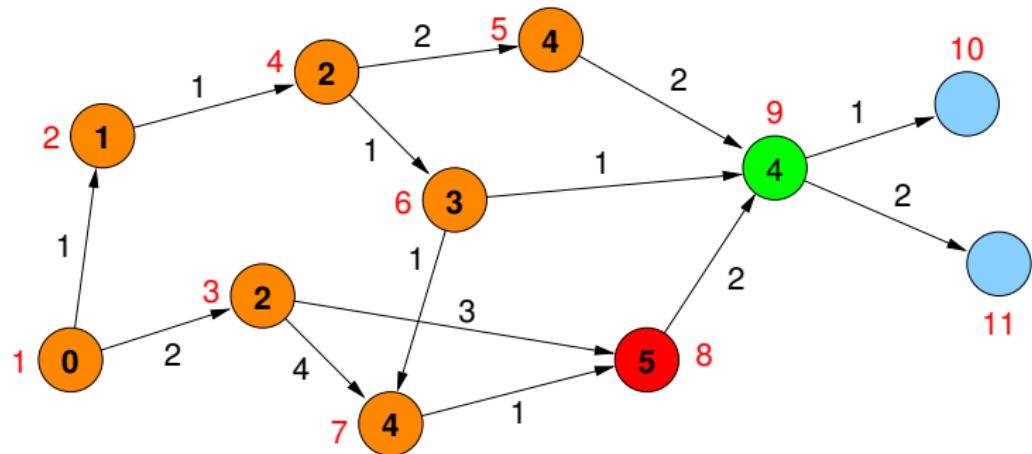


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

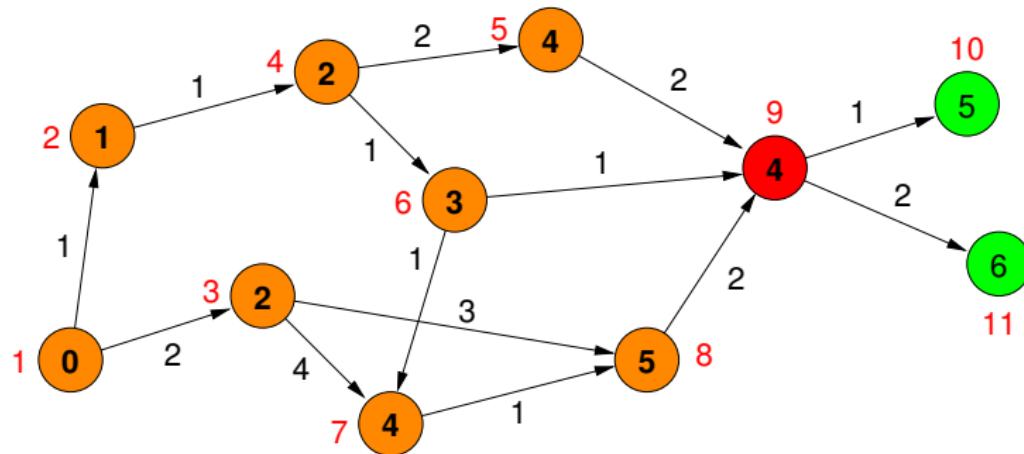


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

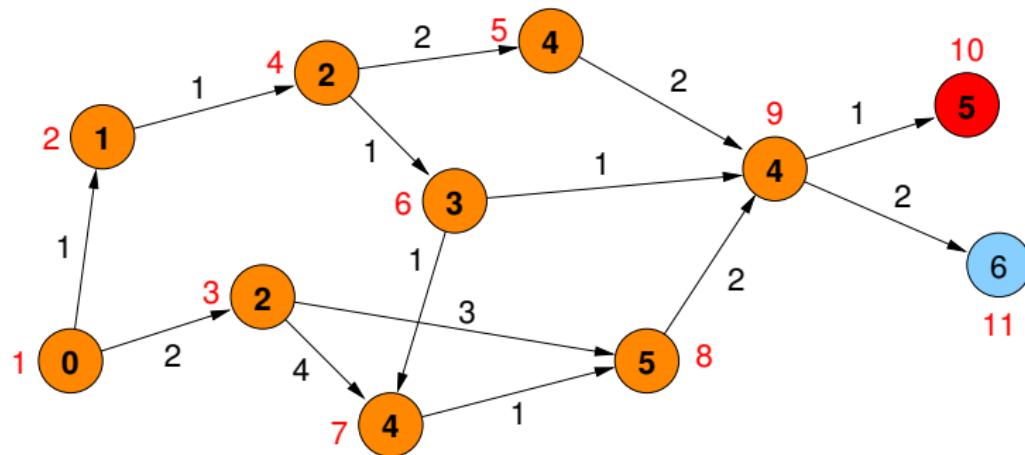


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte

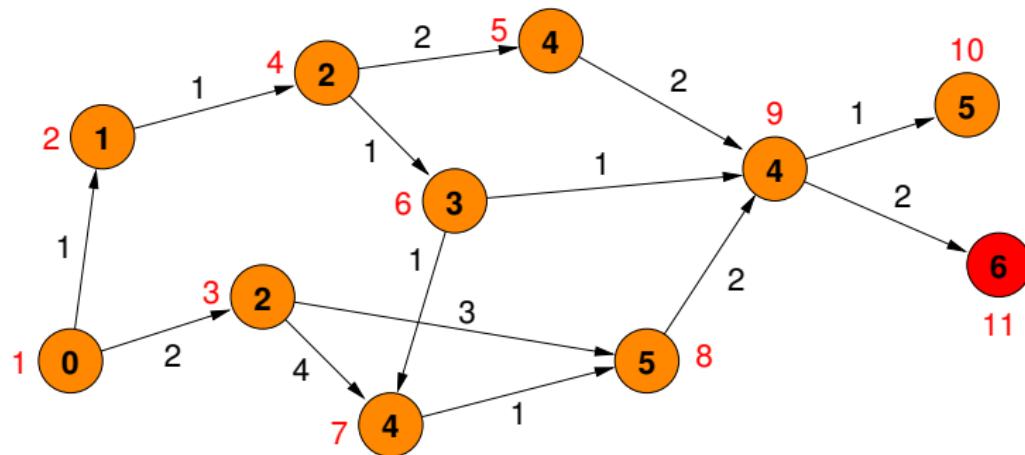


# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Strategie:

- betrachte Knoten in Reihenfolge der topologischen Sortierung
- aktualisiere Distanzwerte



# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Topologische Sortierung – warum funktioniert das?

- betrachte einen kürzesten Weg von  $s$  nach  $v$
- der ganze Pfad beachtet die topologische Sortierung
- d.h., die Distanzen werden in der Reihenfolge der Knoten vom Anfang des Pfades zum Ende hin betrachtet
- damit ergibt sich für  $v$  der richtige Distanzwert
- ein Knoten  $x$  kann auch nie einen Wert erhalten, der echt kleiner als seine Distanz zu  $s$  ist
- die Kantenfolge von  $s$  zu  $x$ , die jeweils zu den Distanzwerten an den Knoten geführt hat, wäre dann ein kürzerer Pfad  
(Widerspruch)

# Kürzeste Wege in DAGs

Beliebige Kantengewichte in DAGs

Allgemeine Strategie:

- Anfang: setze  $d(s) = 0$  und für alle anderen Knoten  $v$  setze  $d(v) = \infty$
- besuche Knoten in einer Reihenfolge, die sicherstellt, dass **mindestens ein** kürzester Weg von  $s$  zu jedem  $v$  in der Reihenfolge seiner Knoten besucht wird
- für jeden besuchten Knoten  $v$  aktualisiere die Distanzen der Knoten  $w$  mit  $(v, w) \in E$ , d.h. setze

$$d(w) = \min\{ d(w), d(v) + c(v, w) \}$$

# Kürzeste Wege in DAGs

## Topologische Sortierung

- verwende **FIFO-Queue  $q$**
- verwalte für jeden Knoten einen **Zähler für die noch nicht markierten eingehenden Kanten**
- initialisiere  $q$  mit allen Knoten, die keine eingehende Kante haben (Quellen)
- nimm nächsten Knoten  $v$  aus  $q$  und markiere alle  $(v, w) \in E$ , d.h. dekrementiere Zähler für  $w$
- falls der Zähler von  $w$  dabei Null wird, füge  $w$  in  $q$  ein
- wiederhole das, bis  $q$  leer wird

# Kürzeste Wege in DAGs

## Topologische Sortierung

### Korrektheit

- Knoten wird erst dann nummeriert, wenn alle Vorgänger nummeriert sind

### Laufzeit

- für die Anfangswerte der Zähler muss der Graph einmal traversiert werden  $O(n + m)$
  - danach wird jede Kante genau einmal betrachtet
- ⇒ gesamt:  $O(n + m)$

### Test auf DAG-Eigenschaft

- topologische Sortierung erfasst genau dann **alle** Knoten, wenn der Graph ein **DAG** ist
- bei gerichteten Kreisen erhalten diese Knoten keine Nummer

# Kürzeste Wege in DAGs

## DAG-Strategie

- ① Topologische Sortierung der Knoten

Laufzeit  $O(n + m)$

- ② Aktualisierung der Distanzen gemäß der topologischen Sortierung

Laufzeit  $O(n + m)$

Gesamtlaufzeit:  $O(n + m)$

# Beliebige Graphen mit nicht-negativen Gewichten

Gegeben:

- beliebiger Graph  
(gerichtet oder ungerichtet, muss diesmal kein DAG sein)
  - mit nicht-negativen Kantengewichten
- ⇒ keine Knoten mit Distanz  $-\infty$

Problem:

- besuche Knoten eines kürzesten Weges in der richtigen Reihenfolge
- wie bei Breitensuche, jedoch diesmal auch mit Distanzen  $\neq 1$

Lösung:

- besuche Knoten in der Reihenfolge der kürzesten Distanz zum Startknoten s

# Kürzeste Pfade: SSSP / Dijkstra

**Algorithmus Dijkstra1:** löst SSSP-Problem

**Eingabe :**  $G = (V, E)$ ,  $c : E \mapsto \mathbb{R}$ ,  $s \in V$

**Ausgabe :** Distanzen  $d(s, v)$  zu allen  $v \in V$

$P = \emptyset$ ;  $T = V$ ;

**forall**  $v \in V \setminus \{s\}$  **do**

$\lfloor d(s, v) = \infty$

;

$d(s, s) = 0$ ;  $pred(s) = \perp$ ;

**while** ( $P \neq V$ ) **do**

$v = \operatorname{argmin}_{v \in T} \{d(s, v)\}$ ;

$P = P \cup v$ ;  $T = T \setminus v$ ;

**forall**  $(v, w) \in E$  **do**

**if**  $d(s, w) > d(s, v) + c(v, w)$  **then**

$d(s, w) = d(s, v) + c(v, w)$ ;

$pred(w) = v$ ;

## Algorithmus Dijkstra2: löst SSSP-Problem

**Eingabe** :  $G = (V, E)$ ,  $c : E \mapsto \mathbb{R}_{\geq 0}$ ,  $s \in V$

**Ausgabe** : Distanzen  $d[v]$  von  $s$  zu allen  $v \in V$

**forall**  $v \in V \setminus s$  **do**

$d[v] = \infty$

;

$d[s] = 0$ ;  $\text{pred}[s] = \perp$ ;

$pq = \langle \rangle$ ;  $pq.\text{insert}(s, 0)$ ;

**while** ( $\neg pq.\text{empty}()$ ) **do**

$v = pq.\text{deleteMin}()$ ;

**forall**  $(v, w) \in E$  **do**

$\text{newDist} = d[v] + c(v, w)$ ;

**if** ( $\text{newDist} < d[w]$ ) **then**

$\text{pred}[w] = v$ ;

**if** ( $d[w] == \infty$ ) **then**  $pq.\text{insert}(w, \text{newDist})$  ;

**else**  $pq.\text{decreaseKey}(w, \text{newDist})$  ;

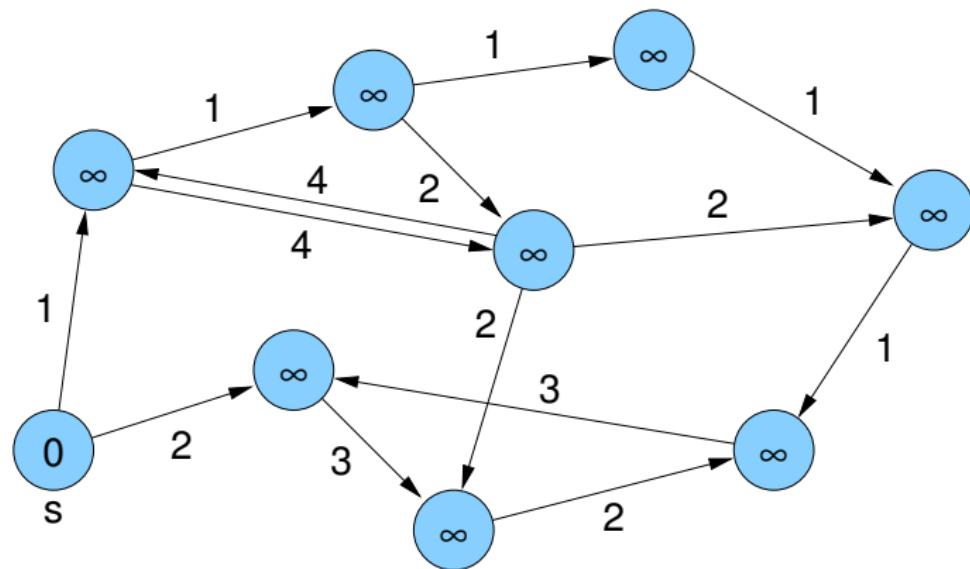
$d[w] = \text{newDist}$ ;

# Dijkstra-Algorithmus

- setze Startwert  $d(s, s) = 0$  und zunächst  $d(s, v) = \infty$
- verwende **Prioritätswarteschlange**, um die Knoten zusammen mit ihren aktuellen Distanzen zuseichern
- am Anfang nur Startknoten (mit Distanz 0) in Priority Queue
- dann immer nächsten Knoten  $v$  (mit kleinster Distanz) entnehmen, endgültige Distanz dieses Knotens  $v$  steht nun fest
- betrachte alle Nachbarn von  $v$ ,  
füge sie ggf. in die PQ ein bzw.  
aktualisiere deren Priorität in der PQ

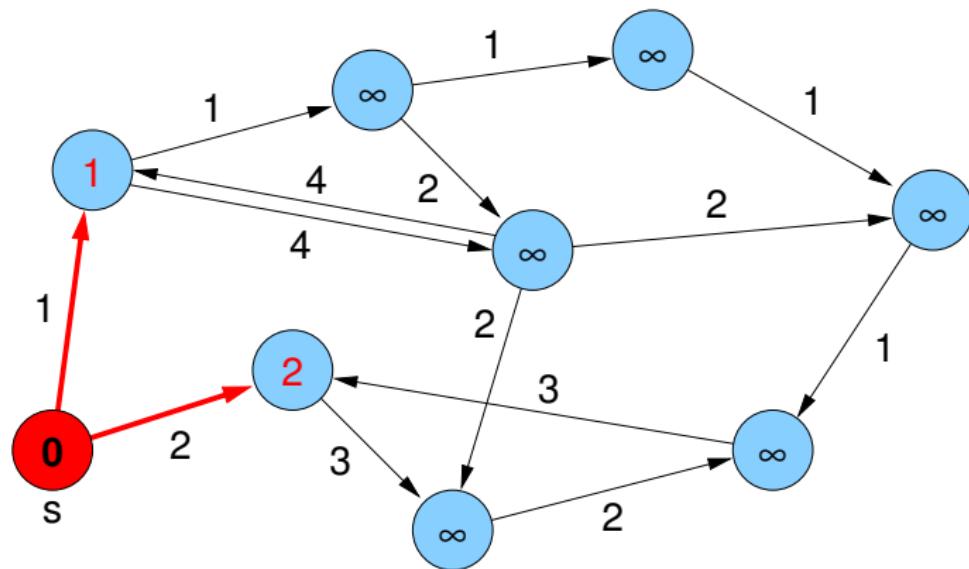
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



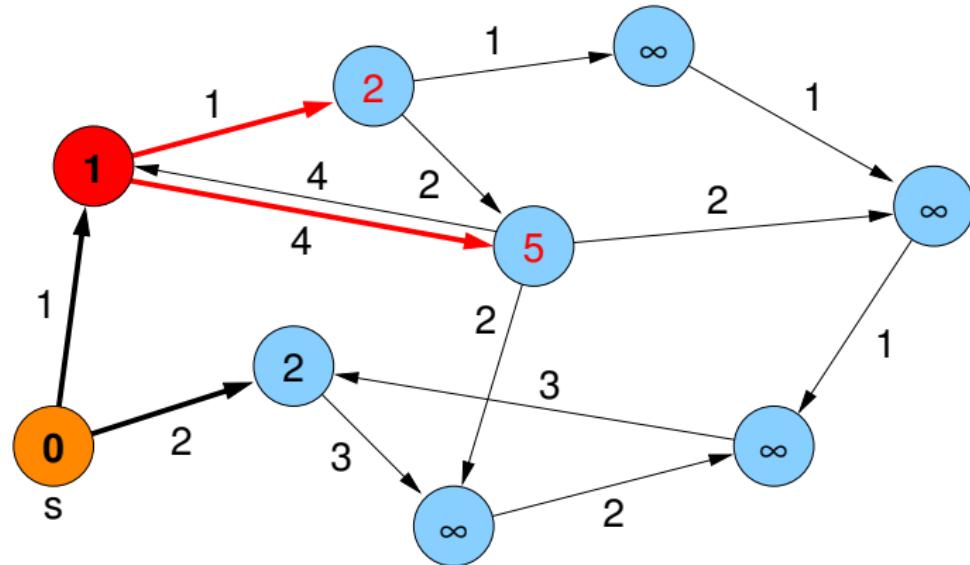
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



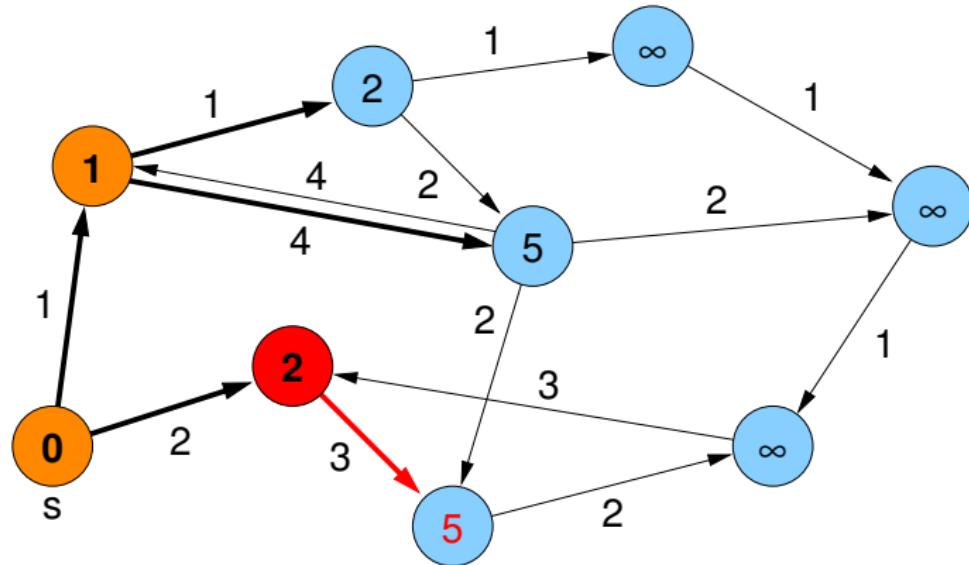
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



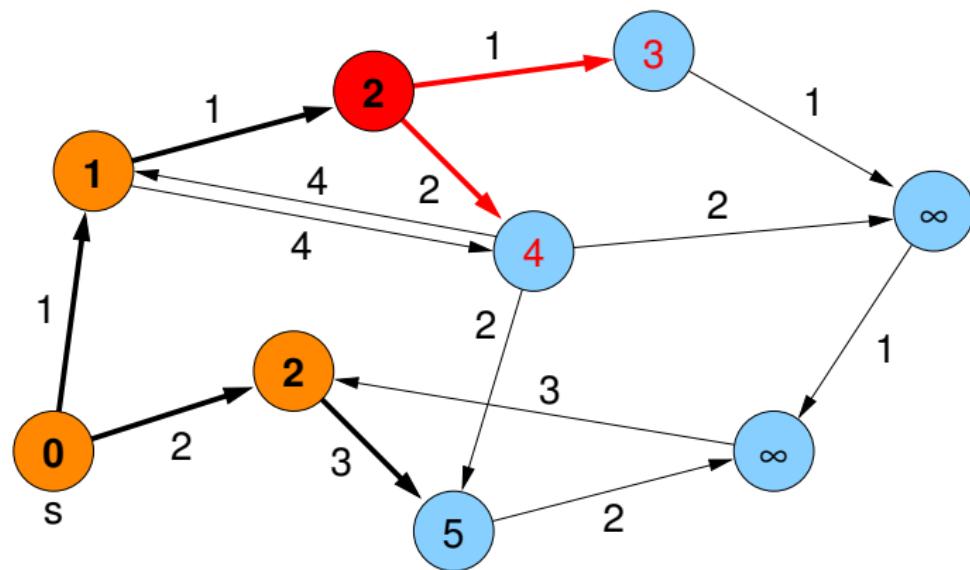
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



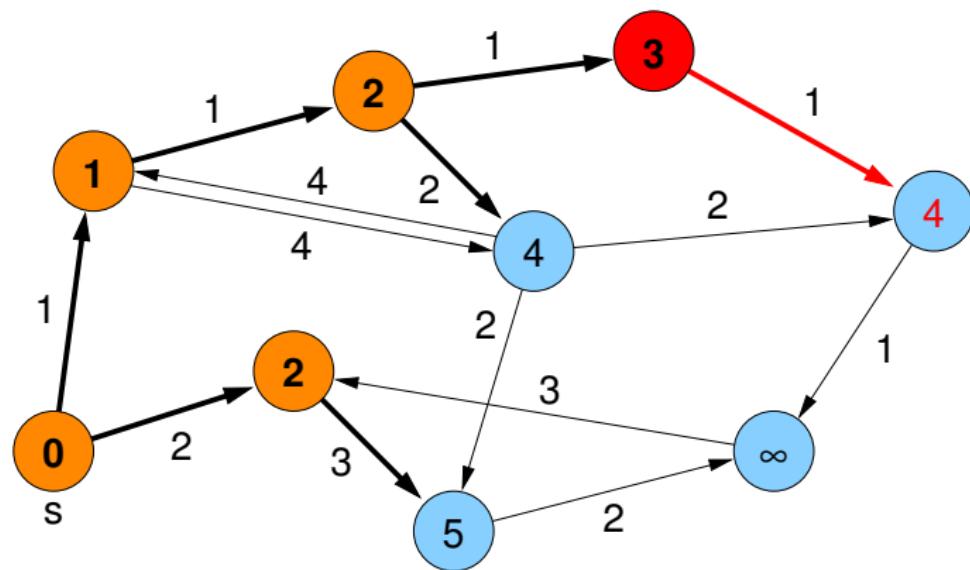
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



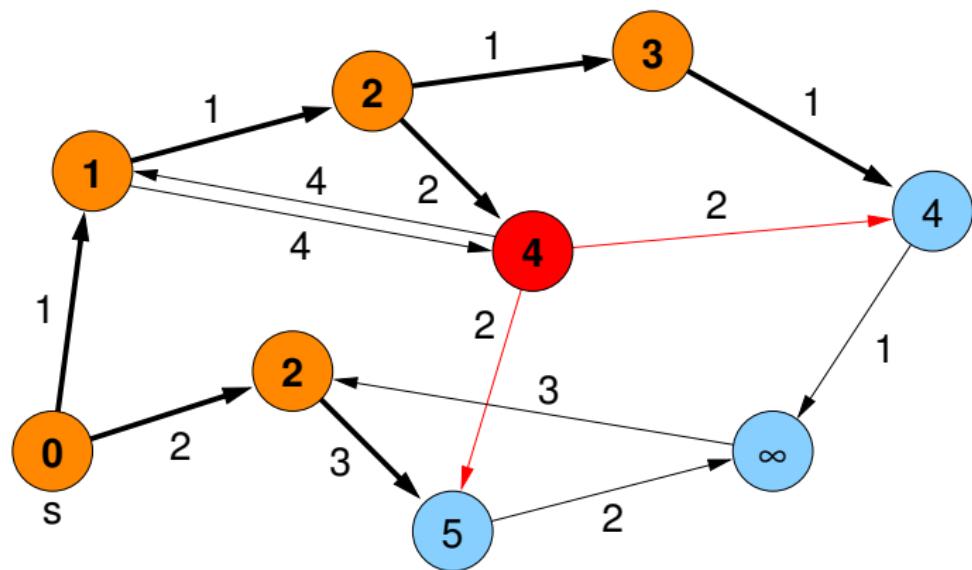
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



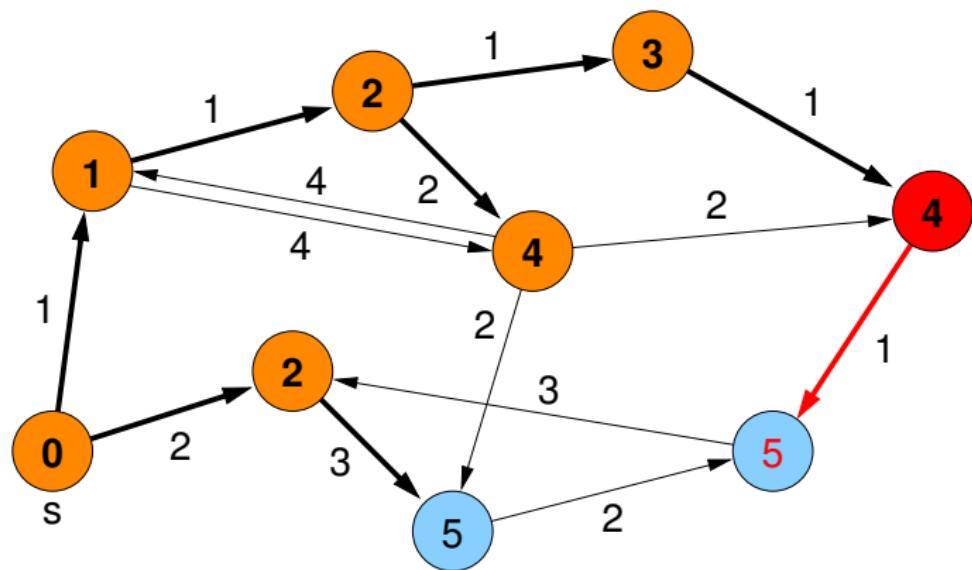
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



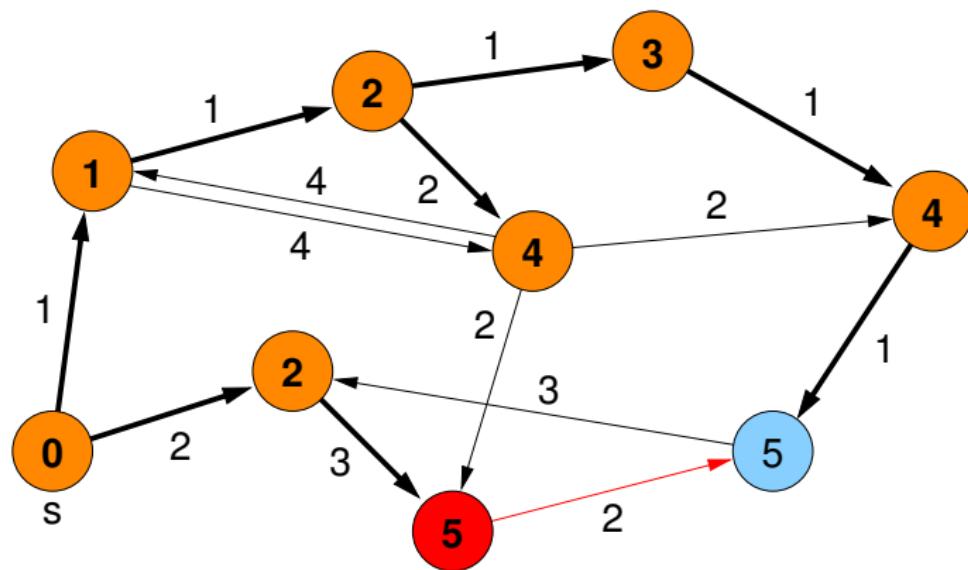
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



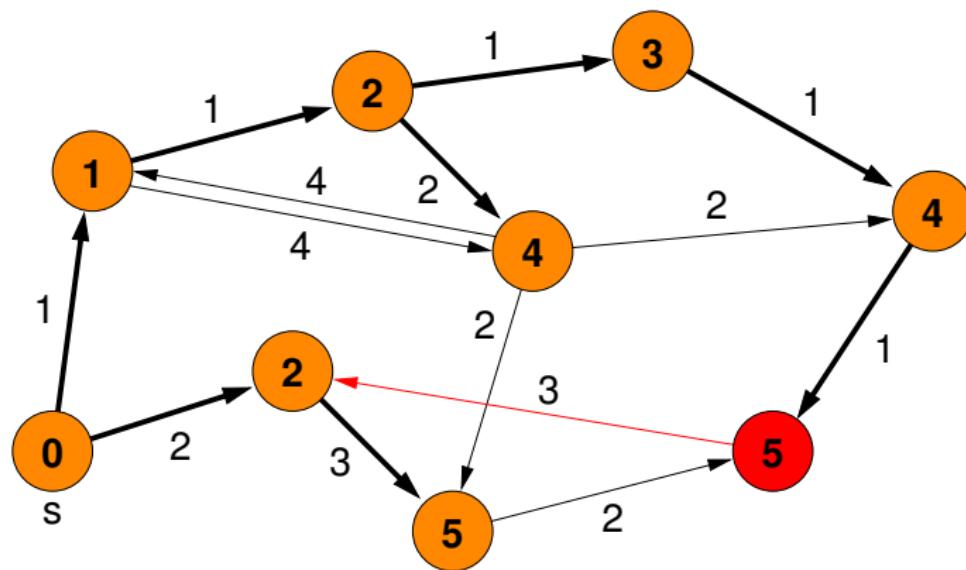
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



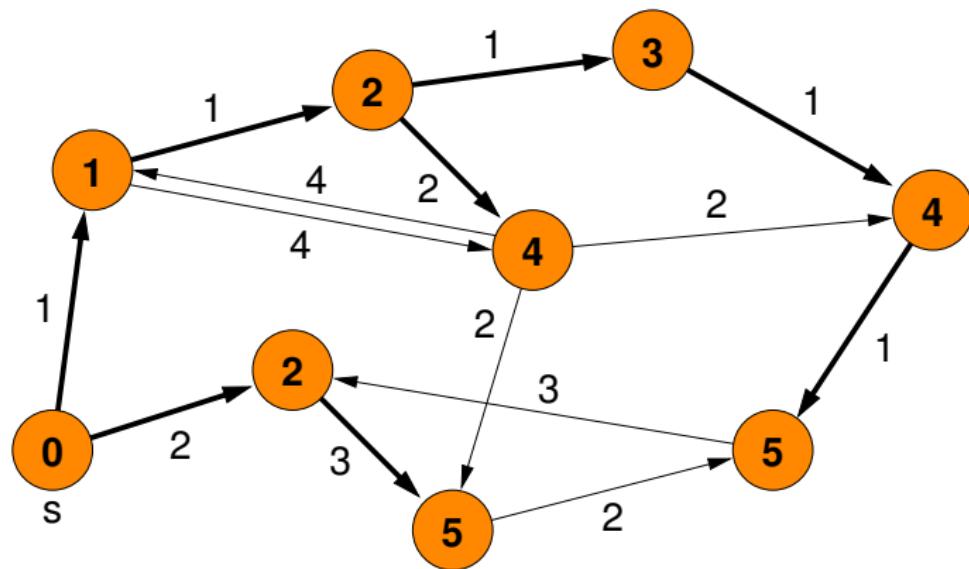
# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



# Dijkstra-Algorithmus

Beispiel:



# Dijkstra-Algorithmus

Korrektheit:

- Annahme: Algorithmus liefert für  $w$  einen **zu kleinen** Wert  $d(s, w)$
- sei  $w$  der erste Knoten, für den die Distanz falsch festgelegt wird (kann nicht  $s$  sein, denn die Distanz  $d(s, s)$  bleibt immer 0)
- kann nicht sein, weil  $d(s, w)$  **nur dann** aktualisiert wird, wenn man über einen von  $s$  schon erreichten Knoten  $v$  mit Distanz  $d(s, v)$  den Knoten  $w$  über die Kante  $(v, w)$  mit Distanz  $d(s, v) + c(v, w)$  erreichen kann
- d.h.  $d(s, v)$  müsste schon falsch gewesen sein (Widerspruch zur Annahme, dass  $w$  der erste Knoten mit falscher Distanz war)

## Dijkstra-Algorithmus

- Annahme: Algorithmus liefert für  $w$  einen **zu großen** Wert  $d(s, w)$
- sei  $w$  der Knoten mit der kleinsten (wirklichen) Distanz, für den der Wert  $d(s, w)$  falsch festgelegt wird (wenn es davon mehrere gibt, der Knoten, für den die Distanz zuletzt festgelegt wird)
- kann nicht sein, weil  $d(s, w)$  **immer** aktualisiert wird, wenn man über einen von  $s$  schon erreichten Knoten  $v$  mit Distanz  $d(s, v)$  den Knoten  $w$  über die Kante  $(v, w)$  mit Distanz  $d(s, v) + c(v, w)$  erreichen kann (dabei steht  $d(s, v)$  immer schon fest, so dass auch die Länge eines kürzesten Wegs über  $v$  zu  $w$  richtig berechnet wird)
- d.h., entweder wurde auch der Wert von  $v$  falsch berechnet (Widerspruch zur Def. von  $w$ ) oder die Distanz von  $v$  wurde noch nicht festgesetzt
- weil die berechneten Distanzwerte monoton wachsen, kann letzteres nur passieren, wenn  $v$  die gleiche Distanz hat wie  $w$  (auch Widerspruch zur Def. von  $w$ )

# Dijkstra-Algorithmus

- Datenstruktur: Prioritätswarteschlange  
(z.B. Fibonacci Heap: amortisierte Komplexität  $O(1)$  für insert und decreaseKey,  $O(\log n)$  deleteMin)
- Komplexität:
  - ▶  $n \times O(1)$  insert
  - ▶  $n \times O(\log n)$  deleteMin
  - ▶  $m \times O(1)$  decreaseKey $\Rightarrow O(m + n \log n)$
- aber: nur für nichtnegative Kantengewichte(!)

# Monotone Priority Queues

Beobachtung:

- aktuelles Distanz-Minimum der verbleibenden Knoten ist beim Dijkstra-Algorithmus **monoton wachsend**

## Monotone Priority Queue

- Folge der entnommenen Elemente hat monoton steigende Werte
- effizientere Implementierung möglich, falls Kantengewichte **ganzzahlig**

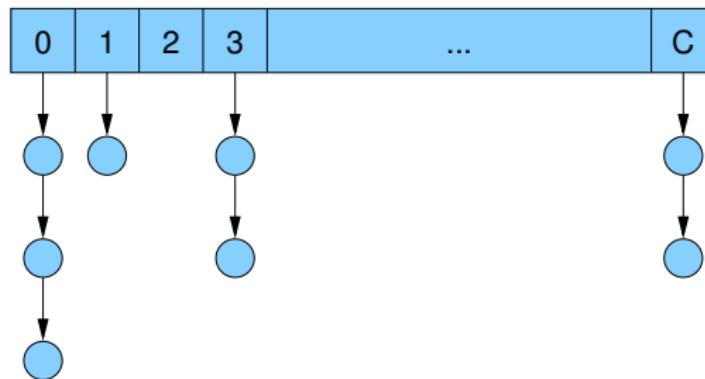
Annahme: alle **Kantengewichte** im Bereich  $[0, C]$

Konsequenz für Dijkstra-Algorithmus:

⇒ enthaltene Distanzwerte immer im Bereich  $[d, d + C]$

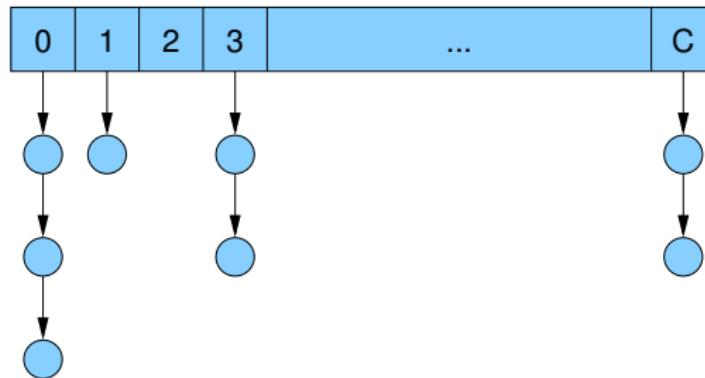
# Bucket Queue

- Array  $B$  aus  $C + 1$  Listen
- Variable  $d_{\min}$  für aktuelles Distanzminimum  $\text{mod}(C + 1)$



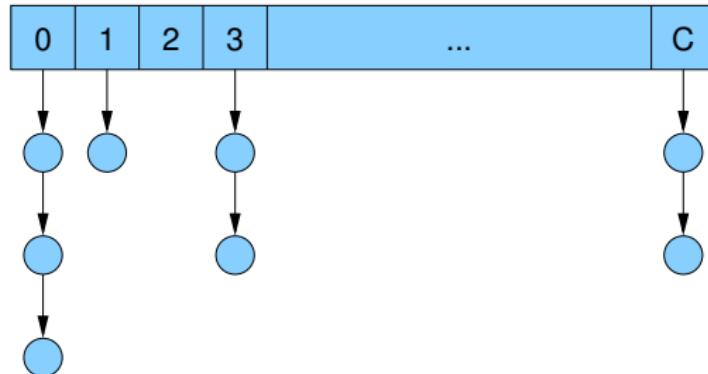
# Bucket Queue

- jeder Knoten  $v$  mit aktueller Distanz  $d[v]$  in Liste  $B[d[v] \bmod (C + 1)]$
- alle Knoten in Liste  $B[d]$  haben dieselbe Distanz, weil alle aktuellen Distanzen im Bereich  $[d, d + C]$  liegen



# Bucket Queue / Operationen

- **insert( $v$ ):** fügt  $v$  in Liste  $B[d[v] \bmod (C + 1)]$  ein ( $O(1)$ )
- **decreaseKey( $v$ ):** entfernt  $v$  aus momentaner Liste  
( $O(1)$  falls Handle auf Listenelement in  $v$  gespeichert) und fügt  $v$  in Liste  $B[d[v] \bmod (C + 1)]$  ein ( $O(1)$ )
- **deleteMin():** solange  $B[d_{\min}] = \emptyset$ , setze  
 $d_{\min} = (d_{\min} + 1) \bmod (C + 1)$ .  
Nimm dann einen Knoten  $u$  aus  $B[d_{\min}]$  heraus ( $O(C)$ )



# Dijkstra mit Bucket Queue

- insert, decreaseKey:  $O(1)$
- deleteMin:  $O(C)$
- Dijkstra:  $O(m + C \cdot n)$
- lässt sich mit **Radix Heaps** noch verbessern
- verwendet exponentiell wachsende Bucket-Größen
- Details in der Vorlesung Effiziente Algorithmen und Datenstrukturen
- Laufzeit ist dann  $O(m + n \log C)$

# Beliebige Graphen mit beliebigen Gewichten

Gegeben:

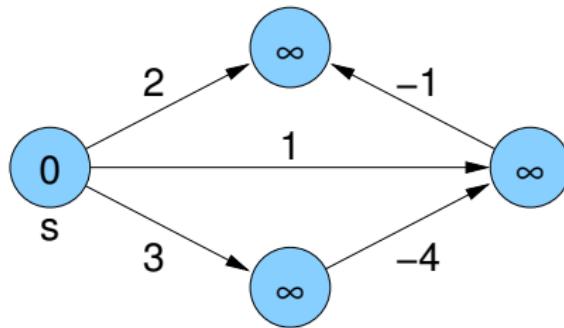
- beliebiger Graph mit beliebigen Kantengewichten
- ⇒ Anhängen einer Kante an einen Weg kann zur Verkürzung des Weges (Kantengewichtssumme) führen (wenn Kante negatives Gewicht hat)
- ⇒ es kann negative Kreise und Knoten mit Distanz  $-\infty$  geben

Problem:

- besuche Knoten eines kürzesten Weges in der richtigen Reihenfolge
- Dijkstra kann nicht mehr verwendet werden, weil Knoten nicht unbedingt in der Reihenfolge der kürzesten Distanz zum Startknoten s besucht werden

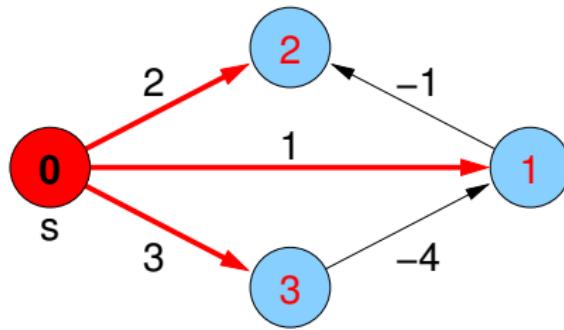
# Beliebige Graphen mit beliebigen Gewichten

Gegenbeispiel für Dijkstra-Algorithmus:



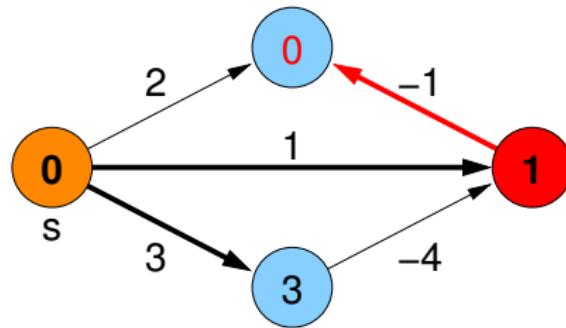
# Beliebige Graphen mit beliebigen Gewichten

Gegenbeispiel für Dijkstra-Algorithmus:



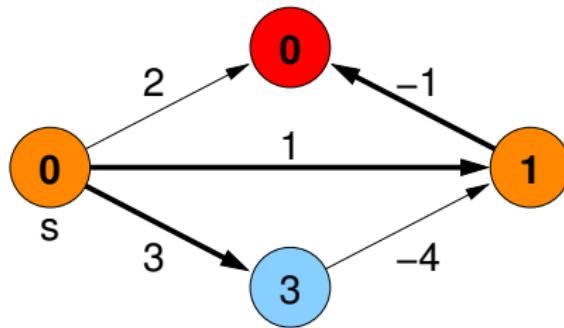
# Beliebige Graphen mit beliebigen Gewichten

Gegenbeispiel für Dijkstra-Algorithmus:



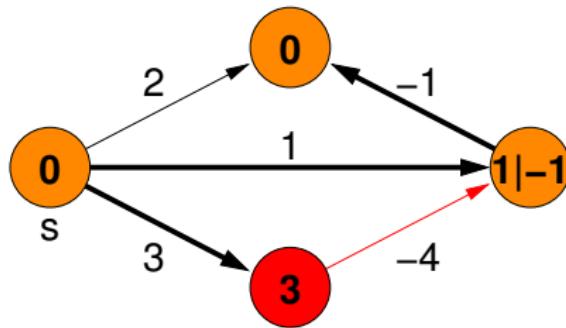
# Beliebige Graphen mit beliebigen Gewichten

Gegenbeispiel für Dijkstra-Algorithmus:



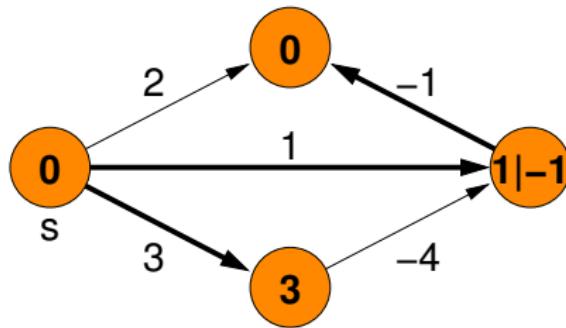
# Beliebige Graphen mit beliebigen Gewichten

Gegenbeispiel für Dijkstra-Algorithmus:



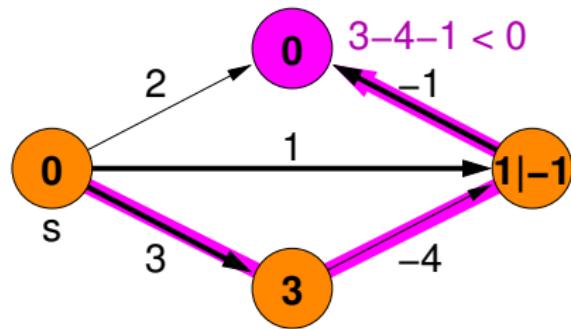
# Beliebige Graphen mit beliebigen Gewichten

Gegenbeispiel für Dijkstra-Algorithmus:



# Beliebige Graphen mit beliebigen Gewichten

Gegenbeispiel für Dijkstra-Algorithmus:



# Beliebige Graphen mit beliebigen Gewichten

## Lemma

Für jeden von  $s$  erreichbaren Knoten  $v$  mit  $d(s, v) > -\infty$  gibt es einen **einfachen** Pfad (ohne Kreis) von  $s$  nach  $v$  der Länge  $d(s, v)$ .

## Beweis.

Betrachte kürzesten Weg mit Kreis(en):

- Kreis mit Kantengewichtssumme  $> 0$  nicht enthalten:  
Entfernen des Kreises würde Kosten verringern
- Kreis mit Kantengewichtssumme  $= 0$ :  
Entfernen des Kreises lässt Kosten unverändert
- Kreis mit Kantengewichtssumme  $< 0$ :  
Distanz von  $s$  ist  $-\infty$



# Bellman-Ford-Algorithmus

## Folgerung

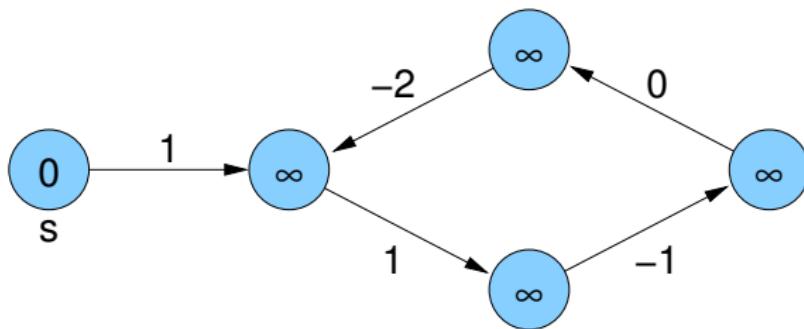
In einem Graph mit  $n$  Knoten gibt es für jeden erreichbaren Knoten  $v$  mit  $d(s, v) > -\infty$  einen kürzesten Weg bestehend aus  $< n$  Kanten zwischen  $s$  und  $v$ .

Strategie:

- anstatt kürzeste Pfade in Reihenfolge wachsender Gewichtssumme zu berechnen, betrachte sie in **Reihenfolge steigender Kantenanzahl**
- durchlaufe **(n-1)-mal alle Kanten** im Graph und aktualisiere die Distanz
- dann alle kürzesten Wege berücksichtigt

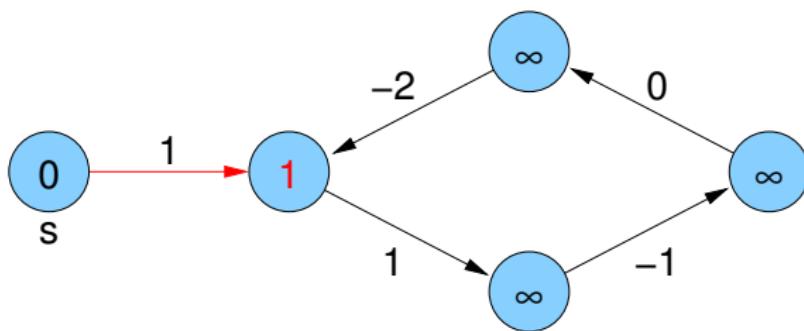
# Bellman-Ford-Algorithmus

Problem: Erkennung negativer Kreise



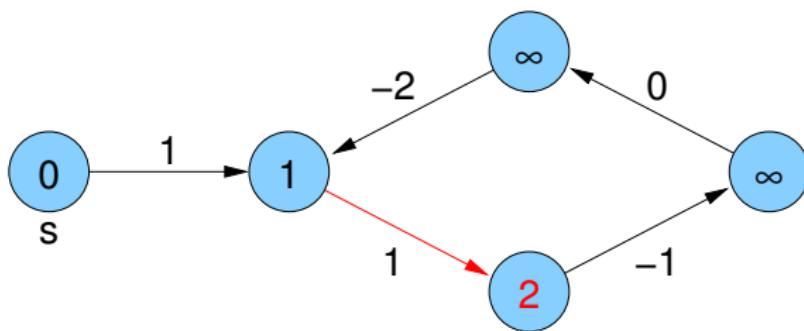
# Bellman-Ford-Algorithmus

Problem: Erkennung negativer Kreise



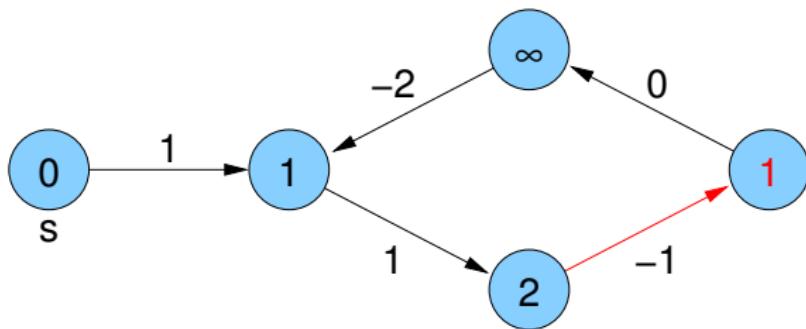
# Bellman-Ford-Algorithmus

Problem: Erkennung negativer Kreise



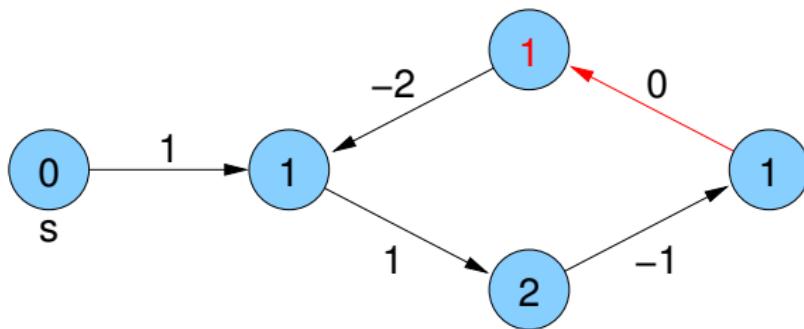
# Bellman-Ford-Algorithmus

Problem: Erkennung negativer Kreise



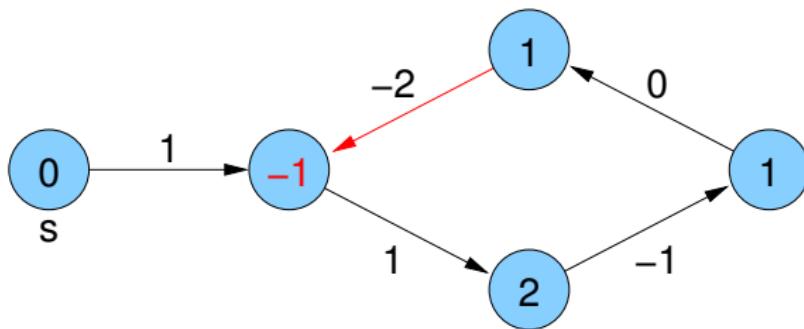
# Bellman-Ford-Algorithmus

Problem: Erkennung negativer Kreise



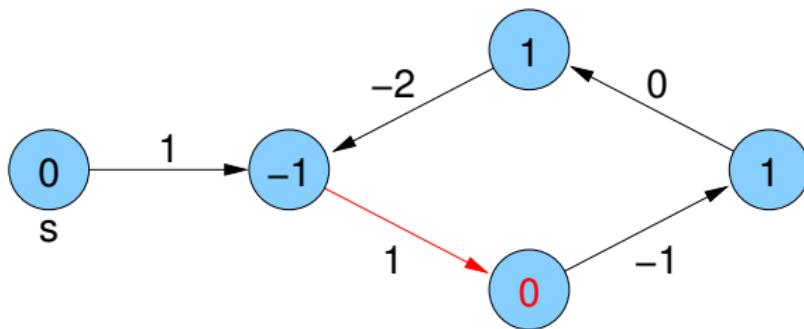
# Bellman-Ford-Algorithmus

Problem: Erkennung negativer Kreise



# Bellman-Ford-Algorithmus

Problem: Erkennung negativer Kreise



# Bellman-Ford-Algorithmus

Keine Distanzverringerung mehr möglich:

- Annahme: zu einem Zeitpunkt gilt für alle Kanten  $(v, w)$   
 $d[v] + c(v, w) \geq d[w]$
- $\Rightarrow$  (per Induktion) für alle Knoten  $w$  und jeden Weg  $p$  von  $s$  nach  $w$  gilt:  
 $d[s] + c(p) \geq d[w]$
- falls sichergestellt, dass zu jedem Zeitpunkt für kürzesten Weg  $p$  von  $s$  nach  $w$  gilt  $d[w] \geq c(p)$ , dann ist  $d[w]$  zum Schluss genau die Länge eines kürzesten Pfades von  $s$  nach  $w$  (also korrekte Distanz)

# Bellman-Ford-Algorithmus

Zusammenfassung:

- **keine Distanzverringerung** mehr möglich  
 $(d[v] + c(v, w) \geq d[w] \text{ für alle } w)$ :  
fertig, alle  $d[w]$  korrekt für alle  $w$
- **Distanzverringerung möglich** selbst noch in  $n$ -ter Runde  
 $(d[v] + c(v, w) < d[w] \text{ für ein } w)$ :  
Es gibt einen negativen Kreis, also Knoten  $w$  mit Distanz  $-\infty$ .

# Bellman-Ford-Algorithmus

```
BellmanFord(Node s) {  
    foreach ( $v \in V$ )  $d[v] = \infty$ ;  
     $d[s] = 0$ ;  $\text{parent}[s] = \perp$ ;  
    for (int  $i = 0$ ;  $i < n - 1$ ;  $i++$ ) { //  $n - 1$  Runden  
        foreach ( $e = (v, w) \in E$ )  
            if ( $d[v] + c(e) < d[w]$ ) { // kürzerer Weg?  
                 $d[w] = d[v] + c(e)$ ;  
                 $\text{parent}[w] = v$ ;  
            }  
    }  
    foreach ( $e = (v, w) \in E$ )  
        if ( $d[v] + c(e) < d[w]$ ) { // kürzerer Weg in  $n$ -ter Runde?  
             $\text{parent}[w] = v$ ;  
            infect( $w$ );  
        }  
}
```

# Bellman-Ford-Algorithmus

```
infect(Node v) { // -∞-Knoten
    if ( $d[v] > -\infty$ ) {
         $d[v] = -\infty$ ;
        foreach ( $e = (v, w) \in E$ )
            infect( $w$ );
    }
}
```

Gesamtlaufzeit:  $O(m \cdot n)$

# Bellman-Ford-Algorithmus

Bestimmung der **Knoten mit Distanz  $-\infty$** :

- betrachte alle Knoten, die in der  $n$ -ten Phase noch Distanzverbesserung erfahren
- aus jedem Kreis mit negativem Gesamtgewicht muss mindestens ein Knoten dabei sein
- jeder von diesen Knoten aus erreichbare Knoten muss Distanz  $-\infty$  bekommen
- das erledigt hier die **infect**-Funktion
- wenn ein Knoten zweimal auftritt (d.h. der Wert ist schon  $-\infty$ ), wird die Rekursion abgebrochen

# Bellman-Ford-Algorithmus

Bestimmung eines **negativen Zyklus**:

- bei den oben genannten Knoten sind vielleicht auch Knoten, die nur an negativen Kreisen über ausgehende Kanten angeschlossen sind, die selbst aber nicht Teil eines negativen Kreises sind
- Rückwärtsverfolgung der **parent**-Werte, bis sich ein Knoten wiederholt
- Kanten vom ersten bis zum zweiten Auftreten bilden **einen** negativen Zyklus

# Bellman-Ford-Algorithmus

Idee der Updates vorläufiger Distanzwerte: Lester R. Ford Jr.

Verbesserung (Richard E. Bellman / Edward F. Moore):

- benutze **Queue** von Knoten, zu denen ein kürzerer Pfad gefunden wurde und deren Nachbarn an ausgehenden Kanten noch auf kürzere Wege geprüft werden müssen
- wiederhole: nimm ersten Knoten aus der Queue und prüfe für jede ausgehende Kante die Distanz des Nachbarn falls kürzerer Weg gefunden, aktualisiere Distanzwert des Nachbarn und hänge ihn an Queue an (falls nicht schon enthalten)
- **Phase** besteht immer aus Bearbeitung der Knoten, die **am Anfang** des Algorithmus (bzw. der Phase) in der Queue sind (dabei kommen während der Phase schon neue Knoten ans Ende der Queue)  $\Rightarrow \leq n - 1$  Phasen

# Kürzeste einfache Pfade bei beliebigen Kantengewichten

Achtung!

## Fakt

Die Suche nach kürzesten **einfachen** Pfaden  
(also ohne Knotenwiederholungen/Kreise)  
in Graphen mit beliebigen Kantengewichten  
(also möglichen negativen Kreisen)  
ist ein **NP-vollständiges Problem**.

(Man könnte Hamilton-Pfad-Suche damit lösen.)

# All Pairs Shortest Paths (APSP)

gegeben:

- Graph mit beliebigen Kantengewichten,  
der aber keine negativen Kreise enthält

gesucht:

- Distanzen / kürzeste Pfade zwischen **allen** Knotenpaaren

Naive Strategie:

- $n$ -mal Bellman-Ford-Algorithmus  
(jeder Knoten einmal als Startknoten)
- $\Rightarrow O(n^2 \cdot m)$

# APSP / Kantengewichte

Bessere Strategie:

- reduziere  $n$  Aufrufe des Bellman-Ford-Algorithmus auf  $n$  Aufrufe des Dijkstra-Algorithmus

Problem:

- Dijkstra-Algorithmus funktioniert nur für **nichtnegative** Kantengewichte

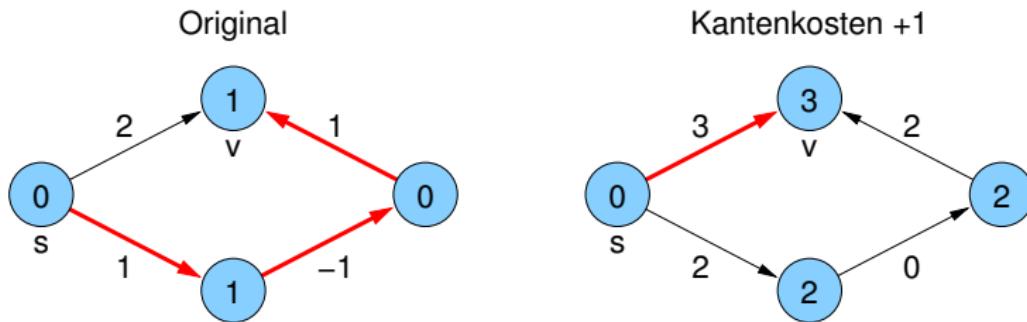
Lösung:

- Umwandlung in nichtnegative Kantenkosten ohne Verfälschung der kürzesten Wege

# Naive Modifikation der Kantengewichte

Naive Idee:

- negative Kantengewichte eliminieren, indem auf jedes Kantengewicht der gleiche Wert  $c$  addiert wird
- ⇒ **verfälscht** kürzeste Pfade



# Knotenpotential

Sei  $\Phi : V \mapsto \mathbb{R}$  eine Funktion, die jedem Knoten ein **Potential** zuordnet.

**Modifizierte Kantenkosten** von  $e = (v, w)$ :

$$\bar{c}(e) = \Phi(v) + c(e) - \Phi(w)$$

## Lemma

Seien  $p$  und  $q$  Wege von  $v$  nach  $w$  in  $G$ .

$c(p)$  und  $c(q)$  bzw.  $\bar{c}(p)$  und  $\bar{c}(q)$  seien die aufsummierten Kosten bzw. modifizierten Kosten der Kanten des jeweiligen Pfads.

Dann gilt für jedes Potential  $\Phi$ :

$$\bar{c}(p) < \bar{c}(q) \Leftrightarrow c(p) < c(q)$$

# Knotenpotential

Beweis.

Sei  $p = (v_1, \dots, v_k)$  beliebiger Weg und  $\forall i : e_i = (v_i, v_{i+1}) \in E$

Es gilt:

$$\begin{aligned}\bar{c}(p) &= \sum_{i=1}^{k-1} \bar{c}(e_i) \\ &= \sum_{i=1}^{k-1} (\Phi(v_i) + c(e_i) - \Phi(v_{i+1})) \\ &= \Phi(v_1) + c(p) - \Phi(v_k)\end{aligned}$$

d.h. modifizierte Kosten eines Pfads hängen nur von ursprünglichen Pfadkosten und vom Potential des Anfangs- und Endknotens ab.  
(Im Lemma ist  $v_1 = v$  und  $v_k = w$ )

□

# Potential für nichtnegative Kantengewichte

## Lemma

Annahme:

- Graph hat keine negativen Kreise
- alle Knoten von  $s$  aus erreichbar

Sei für alle Knoten  $v$  das Potential  $\Phi(v) = d(s, v)$ .

Dann gilt für alle Kanten  $e$ :  $\bar{c}(e) \geq 0$

## Beweis.

- für alle Knoten  $v$  gilt nach Annahme:  $d(s, v) \in \mathbb{R}$  (also  $\neq \pm\infty$ )
- für jede Kante  $e = (v, w)$  ist

$$d(s, v) + c(e) \geq d(s, w)$$

$$d(s, v) + c(e) - d(s, w) \geq 0$$

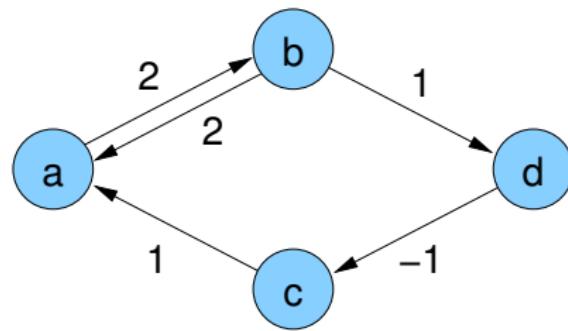


# Johnson-Algorithmus für APSP

- füge neuen Knoten  $s$  und Kanten  $(s, v)$  für alle  $v$  hinzu mit  $c(s, v) = 0$   
⇒ alle Knoten erreichbar
- berechne  $d(s, v)$  mit **Bellman-Ford**-Algorithmus
- setze  $\Phi(v) = d(s, v)$  für alle  $v$
- berechne modifizierte Kosten  $\bar{c}(e)$   
⇒  $\bar{c}(e) \geq 0$ , kürzeste Wege sind noch die gleichen
- berechne für alle Knoten  $v$  die Distanzen  $\bar{d}(v, w)$  mittels **Dijkstra**-Algorithmus mit modifizierten Kantenkosten auf dem Graph ohne Knoten  $s$
- berechne korrekte Distanzen  $d(v, w) = \bar{d}(v, w) + \Phi(w) - \Phi(v)$

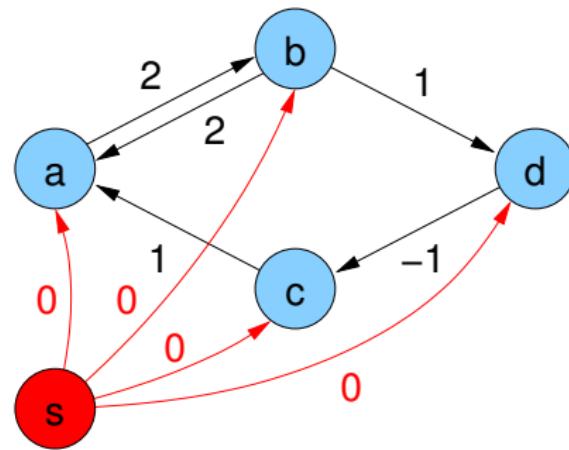
# Johnson-Algorithmus für APSP

Beispiel:



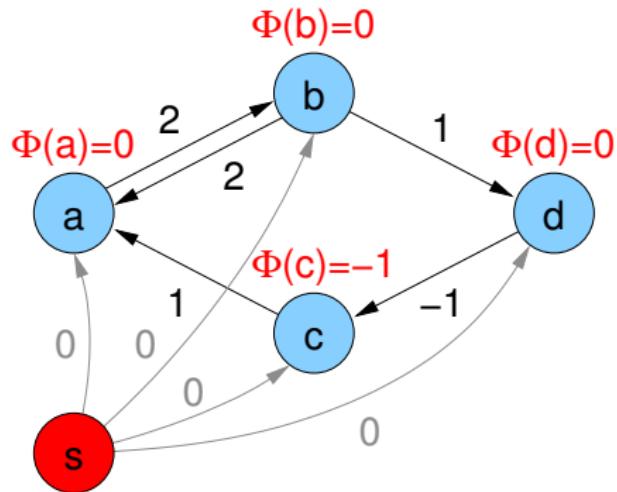
# Johnson-Algorithmus für APSP

1. künstlicher Startknoten s:



# Johnson-Algorithmus für APSP

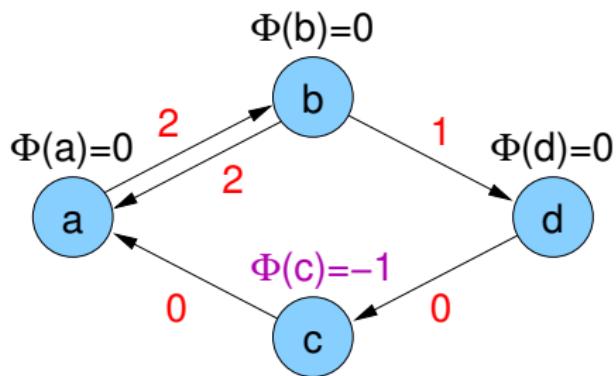
2. Bellman-Ford-Algorithmus auf  $s$ :



# Johnson-Algorithmus für APSP

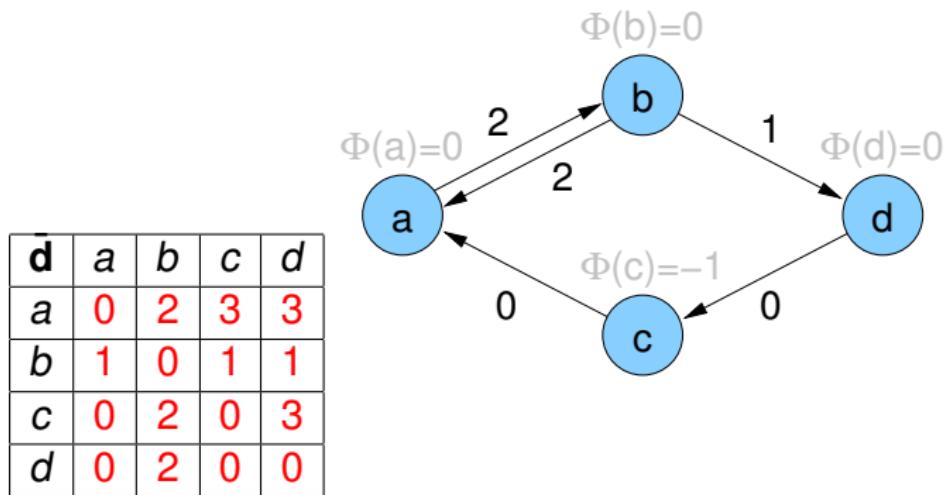
3.  $\bar{c}(e)$ -Werte für alle  $e = (v, w)$  berechnen:

$$\bar{c}(e) = \Phi(v) + c(e) - \Phi(w)$$



# Johnson-AlGORITHMUS für APSP

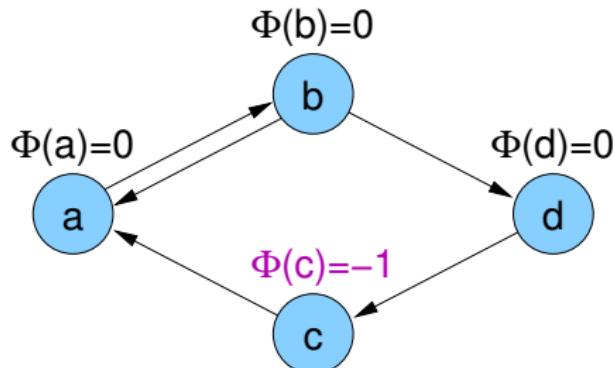
4. Distanzen  $\bar{d}$  mit modifizierten Kantengewichten via Dijkstra:



# Johnson-Algorithmus für APSP

5. korrekte Distanzen berechnen:  $d(v, w) = \bar{d}(v, w) + \Phi(w) - \Phi(v)$

| <b>d</b> | <b>a</b> | <b>b</b> | <b>c</b> | <b>d</b> |
|----------|----------|----------|----------|----------|
| <b>a</b> | 0        | 2        | 2        | 3        |
| <b>b</b> | 1        | 0        | 0        | 1        |
| <b>c</b> | 1        | 3        | 0        | 4        |
| <b>d</b> | 0        | 2        | -1       | 0        |



# Johnson-Algorithmus für APSP

Laufzeit:

$$\begin{aligned}T_{\text{Johnson}}(n, m) &= O(T_{\text{Bellman-Ford}}(n + 1, m + n) + n \cdot T_{\text{Dijkstra}}(n, m)) \\&= O((m + n) \cdot (n + 1) + n \cdot (n \log n + m)) \\&= O(m \cdot n + n^2 \log n)\end{aligned}$$

(bei Verwendung von Fibonacci Heaps)

# Floyd-Warshall-Algorithmus für APSP

Grundlage:

- geht der kürzeste Weg von  $u$  nach  $w$  über  $v$ , dann sind auch die beiden Teile von  $u$  nach  $v$  und von  $v$  nach  $w$  kürzeste Pfade zwischen diesen Knoten
  - Annahme: alle kürzesten Wege bekannt, die nur über Zwischenknoten mit Index kleiner als  $k$  gehen
- ⇒ kürzeste Wege über Zwischenknoten mit Indizes bis einschließlich  $k$  können leicht berechnet werden:
- ▶ entweder der schon bekannte Weg über Knoten mit Indizes kleiner als  $k$
  - ▶ oder über den Knoten mit Index  $k$  (hier im Algorithmus der Knoten  $v$ )

# Floyd-Warshall-Algorithmus für APSP

---

**Algorithmus Floyd-Warshall:** löst APSP-Problem

---

**Eingabe :** Graph  $G = (V, E)$ ,  $c : E \mapsto \mathbb{R}$

**Ausgabe :** Distanzen  $d(u, v)$  zwischen allen  $u, v \in V$

**for**  $u, v \in V$  **do**

$d(u, v) = \infty$ ;  $\text{pred}(u, v) = \perp$ ;

**for**  $v \in V$  **do**  $d(v, v) = 0$  ;

**for**  $(u, v) \in E$  **do**  $d(u, v) = c(u, v)$  ;

**for**  $v \in V$  **do**

**for**  $\{u, w\} \in V \times V$  **do**

**if**  $d(u, w) > d(u, v) + d(v, w)$  **then**

$d(u, w) = d(u, v) + d(v, w)$ ;

$\text{pred}(u, w) = v$ ;

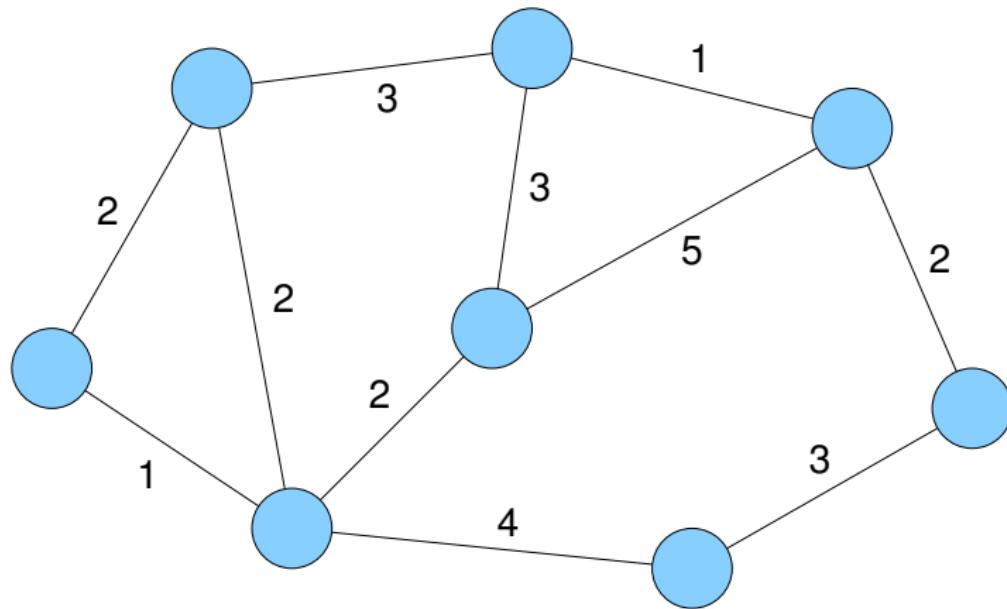
# Floyd-Warshall-Algorithmus für APSP

- Komplexität:  $O(n^3)$
- funktioniert auch, wenn Kanten mit negativem Gewicht existieren
- Kreise negativer Länge werden nicht direkt erkannt und verfälschen das Ergebnis, sind aber indirekt am Ende an negativen Diagonaleinträgen der Distanzmatrix erkennbar



# Minimaler Spannbaum

Frage: Welche Kanten nehmen, um mit minimalen Kosten alle Knoten zu verbinden?



# Minimaler Spannbaum

Eingabe:

- ungerichteter Graph  $G = (V, E)$
- Kantenkosten  $c : E \mapsto \mathbb{R}_+$

Ausgabe:

- Kantenteilmenge  $T \subseteq E$ , so dass Graph  $(V, T)$  verbunden und  $c(T) = \sum_{e \in T} c(e)$  minimal

Beobachtung:

- $T$  formt immer einen **Baum**  
(wenn Kantengewichte echt positiv)
- ⇒ Minimaler Spannbaum (MSB) / Minimum Spanning Tree (MST)

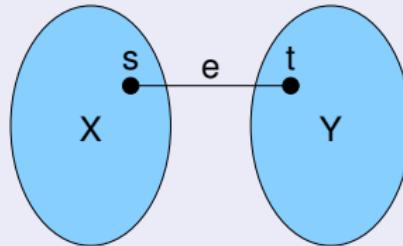
# Minimaler Spannbaum

## Lemma

Sei

- $(X, Y)$  eine **Partition** von  $V$  (d.h.  $X \cup Y = V$  und  $X \cap Y = \emptyset$ ) und
- $e = \{s, t\}$  eine **Kante mit minimalen Kosten** mit  $s \in X$  und  $t \in Y$ .

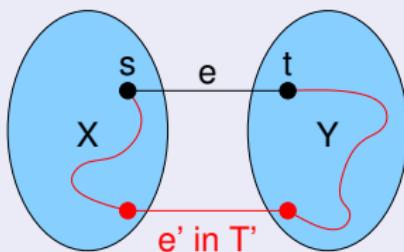
Dann gibt es einen minimalen Spannbaum  $T$ , der  $e$  enthält.



# Minimaler Spannbaum

Beweis.

- gegeben  $X, Y$  und  $e = \{s, t\}$ :  $(X, Y)$ -Kante minimaler Kosten
- betrachte beliebigen MSB  $T'$ , der  $e$  nicht enthält
- betrachte **Verbindung zwischen  $s$  und  $t$  in  $T'$** , darin muss es mindestens eine Kante  $e'$  zwischen  $X$  und  $Y$  geben



- Ersetzung von  $e'$  durch  $e$  führt zu Baum  $T''$ , der höchstens Kosten von MSB  $T'$  hat (also auch ein MSB ist)



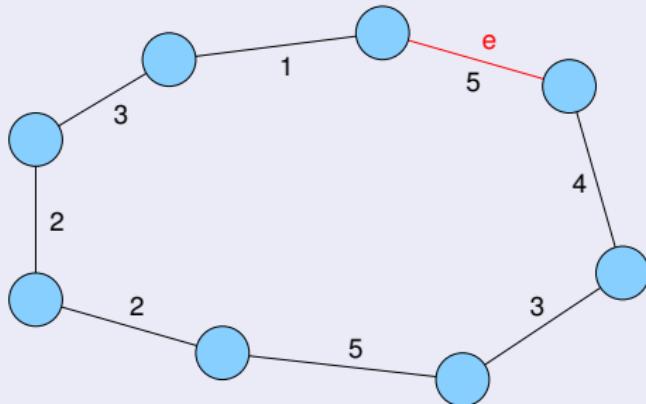
# Minimaler Spannbaum

## Lemma

Betrachte

- beliebigen *Kreis C in G*
- eine Kante *e in C mit maximalen Kosten*

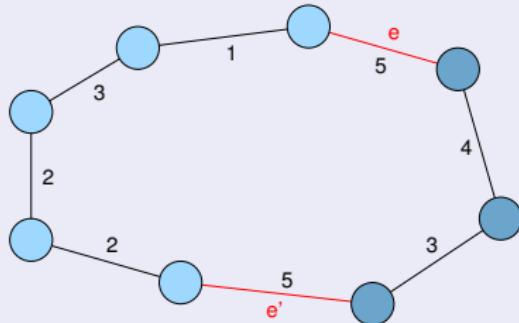
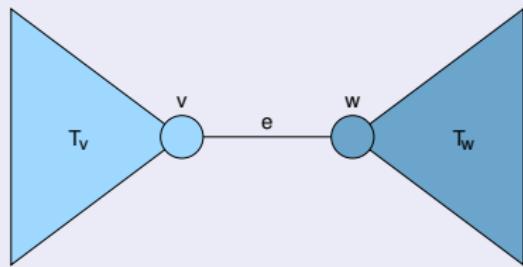
Dann ist jeder MSB in G ohne e auch ein MSB in G



# Minimaler Spannbaum

Beweis.

- betrachte beliebigen MSB  $T$  in  $G$
- Annahme:  $T$  enthält  $e$

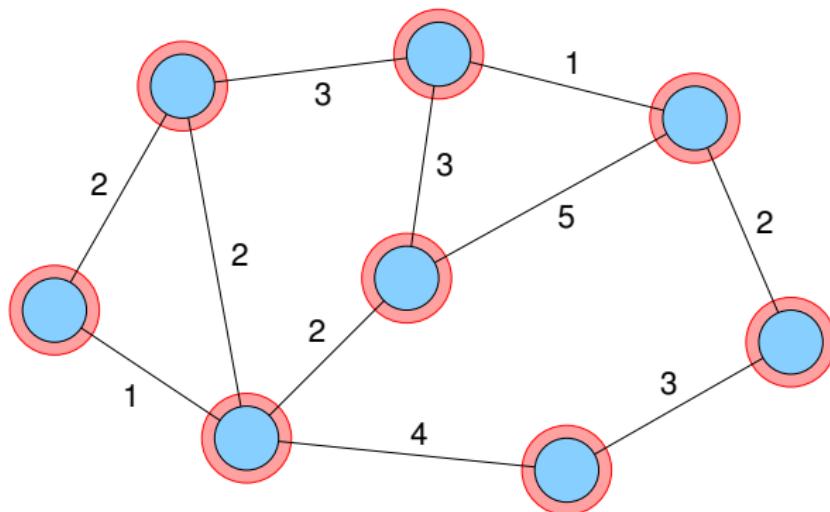


- es muss (mindestens) eine weitere Kante  $e'$  in  $C$  geben, die einen Knoten aus  $T_v$  mit einem Knoten aus  $T_w$  verbindet
- Ersetzen von  $e$  durch  $e'$  ergibt einen Baum  $T'$  dessen Gewicht nicht größer sein kann als das von  $T$ , also ist  $T'$  auch MSB

# Minimaler Spannbaum

Regel:

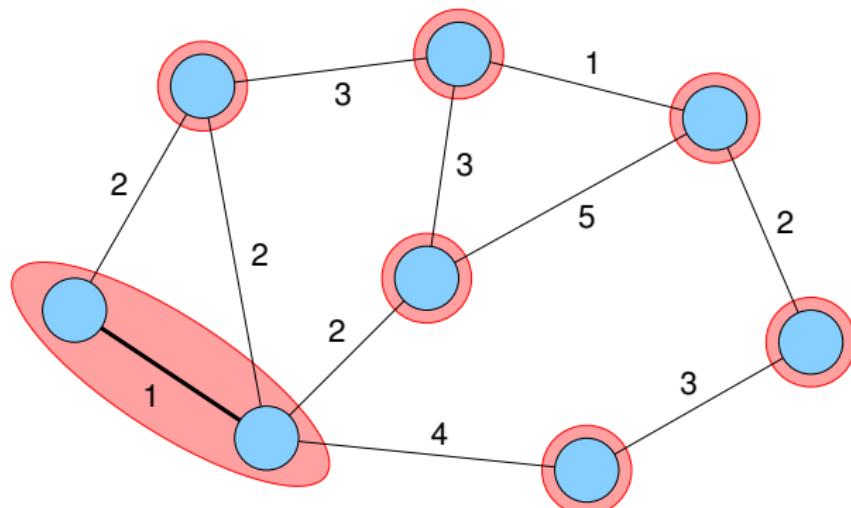
- wähle wiederholt Kante mit minimalen Kosten, die zwei Zusammenhangskomponenten verbindet
- bis nur noch eine Zusammenhangskomponente übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

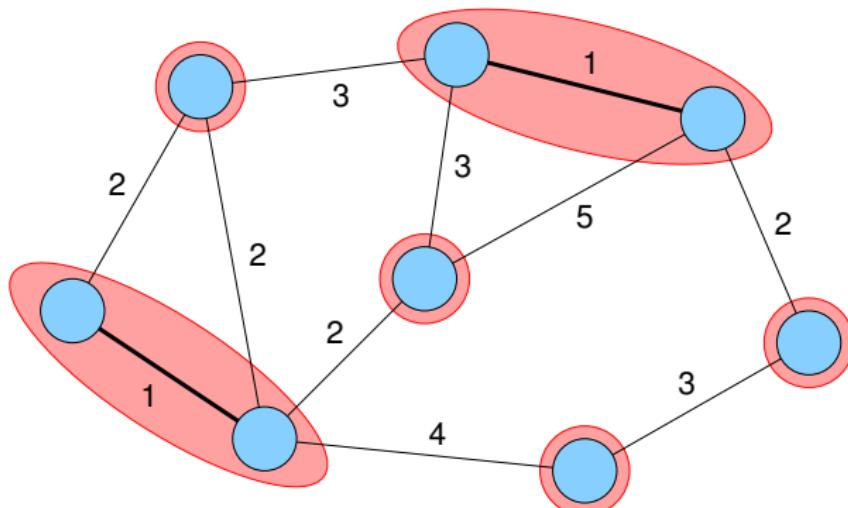
- wähle wiederholt Kante mit minimalen Kosten, die zwei Zusammenhangskomponenten verbindet
- bis nur noch eine Zusammenhangskomponente übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

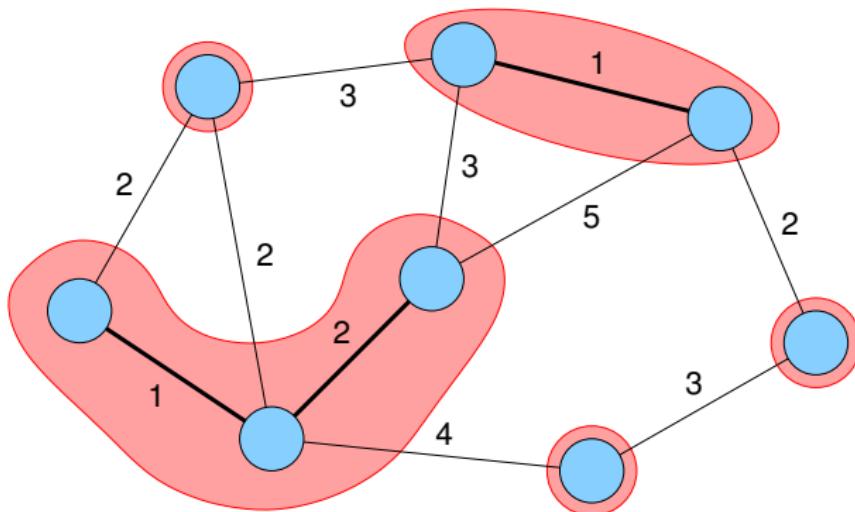
- wähle wiederholt Kante mit minimalen Kosten, die zwei Zusammenhangskomponenten verbindet
- bis nur noch eine Zusammenhangskomponente übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

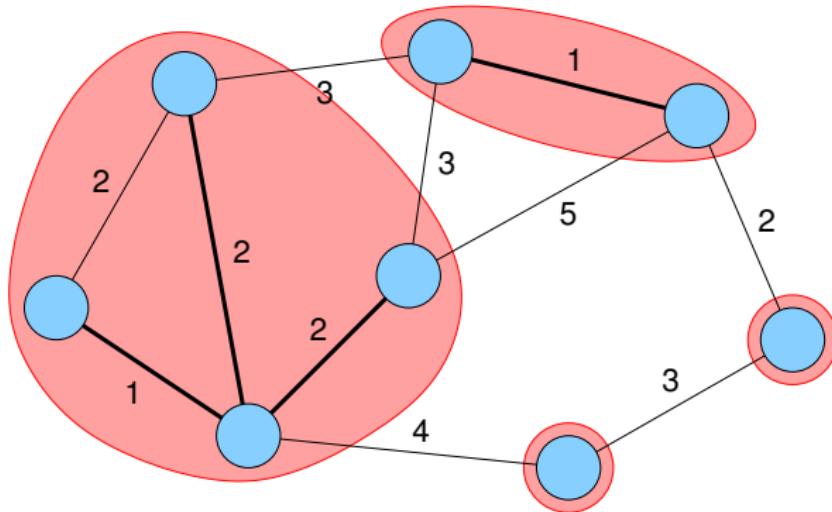
- wähle wiederholt Kante mit minimalen Kosten, die zwei Zusammenhangskomponenten verbindet
- bis nur noch eine Zusammenhangskomponente übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

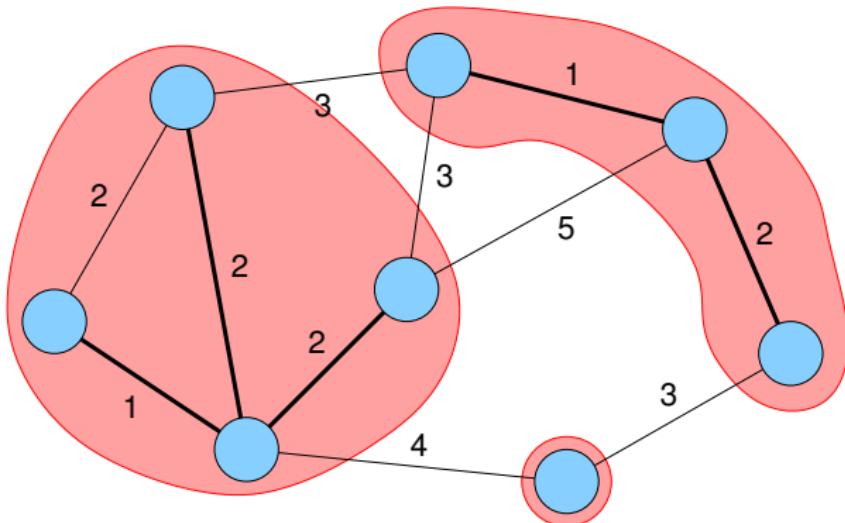
- wähle wiederholt Kante mit minimalen Kosten, die zwei Zusammenhangskomponenten verbindet
- bis nur noch eine Zusammenhangskomponente übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

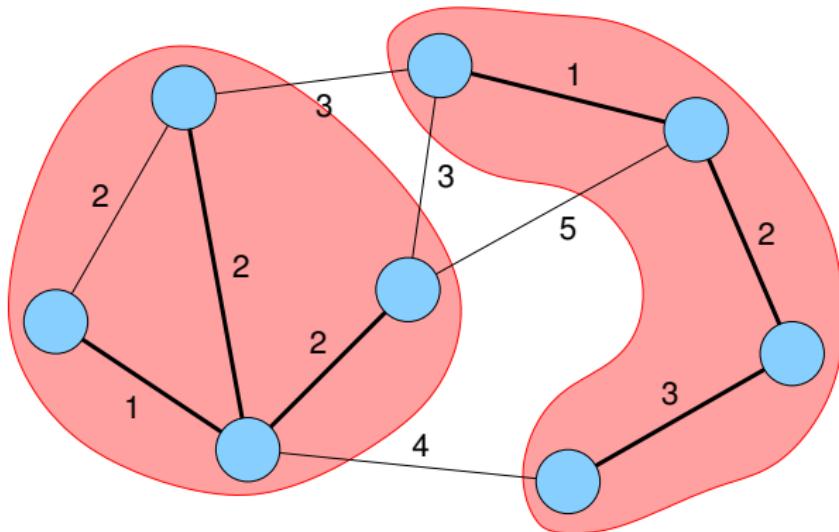
- wähle wiederholt Kante mit minimalen Kosten, die zwei Zusammenhangskomponenten verbindet
- bis nur noch eine Zusammenhangskomponente übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

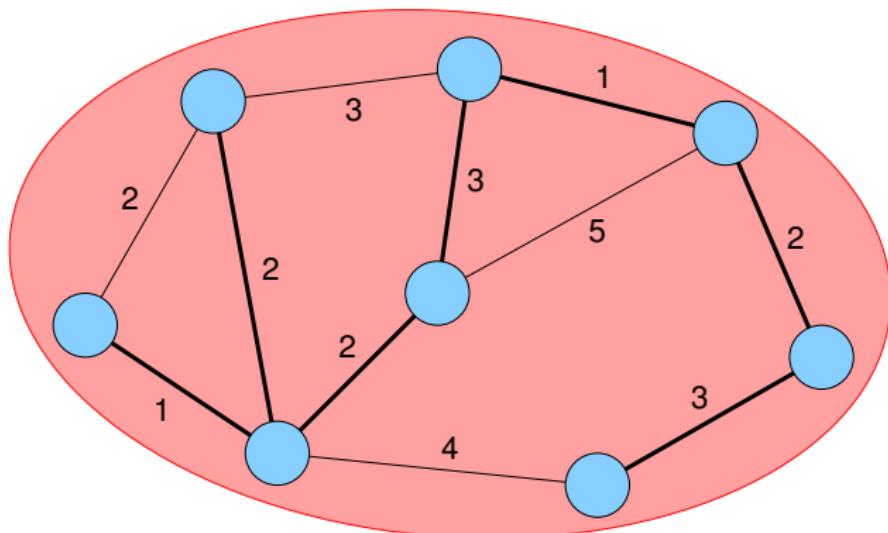
- wähle wiederholt Kante mit minimalen Kosten, die zwei Zusammenhangskomponenten verbindet
- bis nur noch eine Zusammenhangskomponente übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

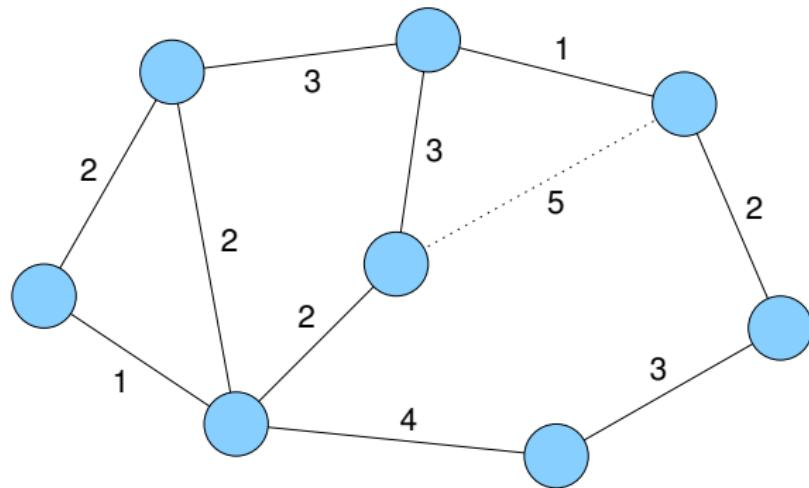
- wähle wiederholt Kante mit minimalen Kosten, die zwei Zusammenhangskomponenten verbindet
- bis nur noch eine Zusammenhangskomponente übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

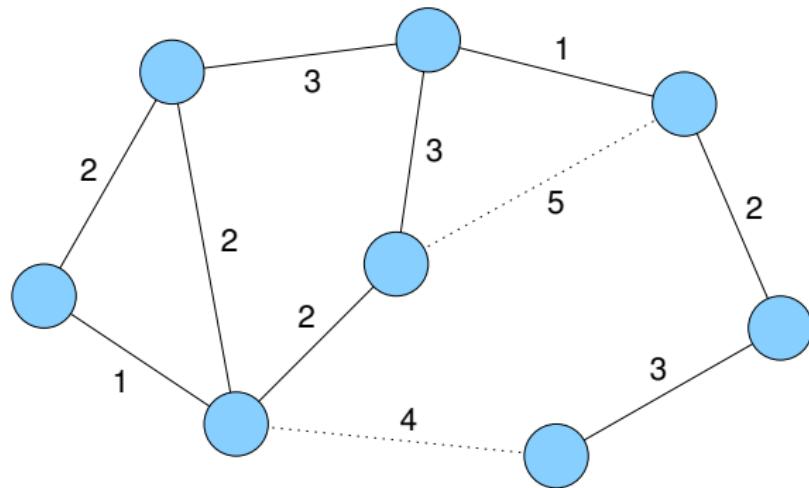
- lösche wiederholt Kante mit maximalen Kosten, so dass Zusammenhang nicht zerstört
- bis ein Baum übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

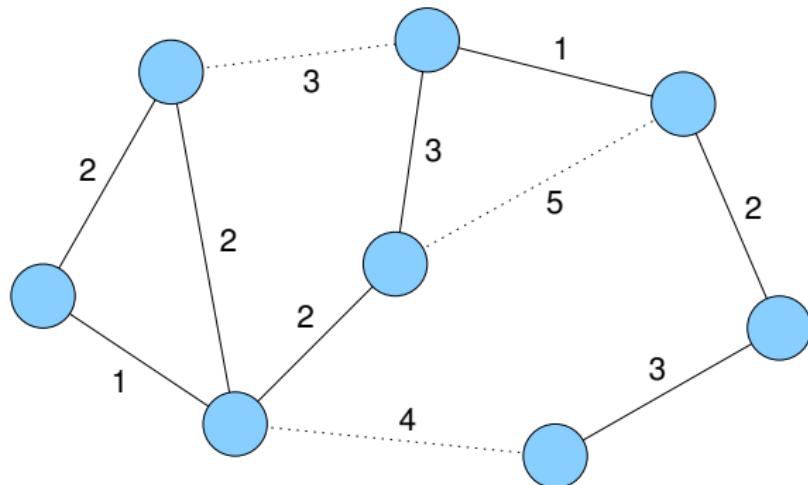
- lösche wiederholt Kante mit maximalen Kosten, so dass Zusammenhang nicht zerstört
- bis ein Baum übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

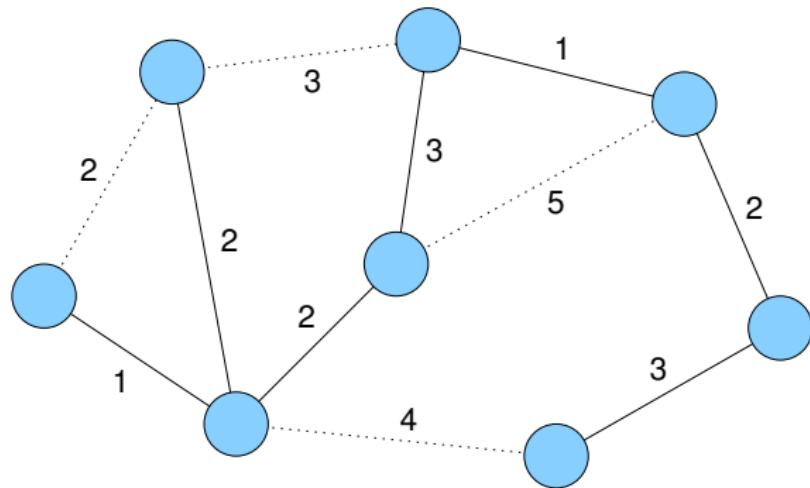
- lösche wiederholt Kante mit maximalen Kosten, so dass Zusammenhang nicht zerstört
- bis ein Baum übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

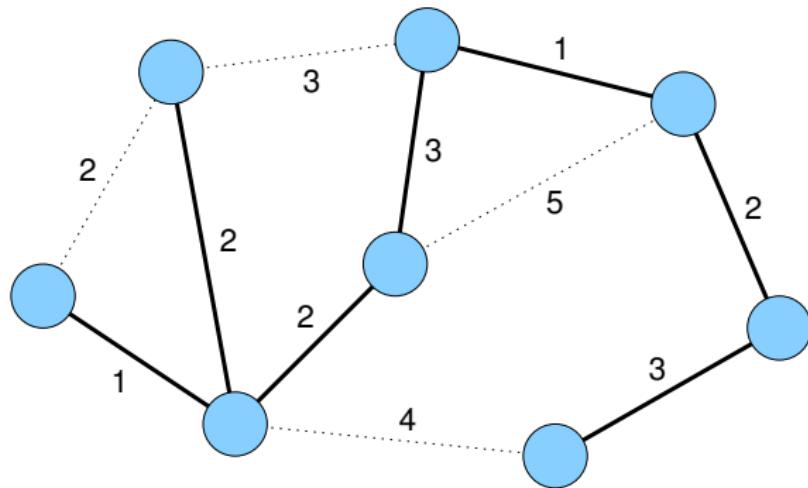
- lösche wiederholt Kante mit maximalen Kosten, so dass Zusammenhang nicht zerstört
- bis ein Baum übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Regel:

- lösche wiederholt Kante mit maximalen Kosten, so dass Zusammenhang nicht zerstört
- bis ein Baum übrig ist



# Minimaler Spannbaum

Problem: Wie implementiert man die Regeln effizient?

Strategie aus dem ersten Lemma:

- **sortiere** Kanten aufsteigend nach ihren Kosten
- setze  $T = \emptyset$  (leerer Baum)
- **teste** für jede Kante  $\{u, v\}$  (in aufsteigender Reihenfolge), ob  $u$  und  $v$  schon in einer Zusammenhangskomponente (also im gleichen Baum) sind
- falls nicht, füge  $\{u, v\}$  zu  $T$  hinzu  
(nun sind  $u$  und  $v$  im gleichen Baum)

# Algorithmus von Kruskal

```
Set<Edge> MST_Kruskal (V, E, c) {  
    T = ∅;  
    S = sort(E); // aufsteigend sortieren  
    foreach (e = {u, v} ∈ S)  
        if (u und v in verschiedenen Bäumen in T)  
            T = T ∪ e;  
    return T;  
}
```

Problem:

- Umsetzung des Tests auf gleiche / unterschiedliche Zusammenhangskomponenten

# Union-Find-Datenstruktur

Union-Find-Problem:

- gegeben sind (disjunkte) Mengen von Elementen
- jede Menge hat genau einen Repräsentanten
- **union** soll zwei Mengen vereinigen, die durch ihren jeweiligen Repräsentanten gegeben sind
- **find** soll zu einem gegebenen Element die zugehörige Menge in Form des Repräsentanten finden

Anwendung:

- Knoten seien nummeriert von 0 bis  $n - 1$
- Array int **parent**[n], Einträge verweisen Richtung Repräsentant
- anfangs  $\text{parent}[i] = i$  für alle  $i$

# Union-Find-Datenstruktur

```
int find(int i) {  
    if (parent[i] == i)    return i; // ist i Wurzel des Baums?  
    else { // nein  
        k = find( parent[i] ); // suche Wurzel  
        parent[i] = k; // zeige direkt auf Wurzel  
        return k; // gibt Wurzel zurück  
    }  
}
```

```
union(int i, int j) {  
    int ri = find(i);  
    int rj = find(j); // suche Wurzeln  
    if (ri != rj)  
        parent[ri] = rj; // vereinigen  
}
```

# Algorithmus von Kruskal

```
Set<Edge> MST_Kruskal (V, E, c) {  
    T = ∅;  
    S = sort(E); // aufsteigend sortieren  
    for (int i = 0; i < |V|; i++)  
        parent[i] = i;  
    foreach (e = {u, v} ∈ S)  
        if (find(u) ≠ find(v)) {  
            T = T ∪ e;  
            union(u, v); // Bäume von u und v vereinigen  
        }  
    return T;  
}
```

# Gewichtete union-Operation mit Pfadkompression

- Laufzeit von `find` hängen von der **Höhe des Baums** ab
  - deshalb wird am Ende von `find` jeder Knoten auf dem Suchpfad direkt unter die Wurzel gehängt, damit die Suche beim nächsten Mal direkt zu diesem Knoten kommt (**Pfadkompression**)
  - weiterhin sollte bei `union` der niedrigere Baum unter die Wurzel des höheren gehängt werden (**gewichtete Vereinigung**)
- ⇒ Höhe des Baums ist dann  $\mathcal{O}(\log n)$

# Gewichtete union-Operation

```
union(int i, int j) {  
    int ri = find(i);  
    int rj = find(j); // suche Wurzeln  
    if (ri != rj)  
        if (height[ri] < height[rj])  
            parent[ri] = rj;  
        else {  
            parent[rj] = ri;  
            if (height[ri] == height[rj])  
                height[ri]++;  
        }  
}
```

# union / find - Kosten

Situation:

- Folge von union / find -Operationen auf einer Partition von  $n$  Elementen, darunter  $n - 1$  union-Operationen

Komplexität:

- amortisiert  $\log^* n$  pro Operation,  
wobei

$$\log^* n = \min\{i \geq 1 : \underbrace{\log \log \dots \log}_{i-\text{mal}} n \leq 1\}$$

- bessere obere Schranke: mit inverser Ackermannfunktion  
(Vorlesung Effiziente Algorithmen und Datenstrukturen I)
- Gesamtkosten für Kruskal-Algorithmus:  $O(m \log m)$  (Sortieren)

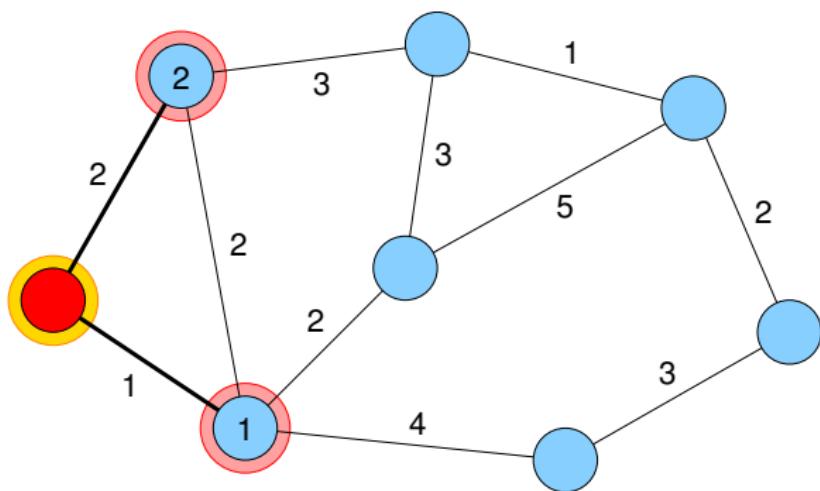
# Algorithmus von Prim

Problem: Wie implementiert man die Regeln effizient?

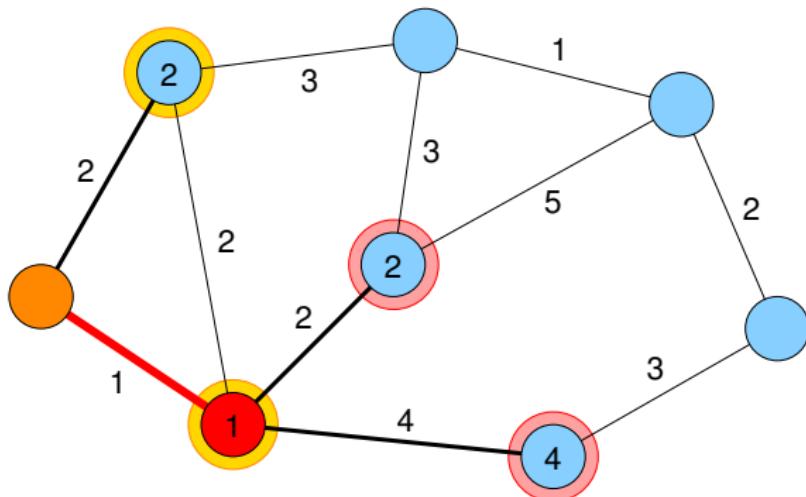
**Alternative** Strategie aus dem ersten Lemma:

- betrachte wachsenden Baum  $T$ , anfangs bestehend aus beliebigem einzelnen Knoten  $s$
- füge zu  $T$  eine Kante mit minimalem Gewicht von einem Baumknoten zu einem Knoten außerhalb des Baums ein (bei mehreren Möglichkeiten egal welche)  
⇒ Baum umfasst jetzt 1 Knoten / Kante mehr
- wiederhole Auswahl bis alle  $n$  Knoten im Baum

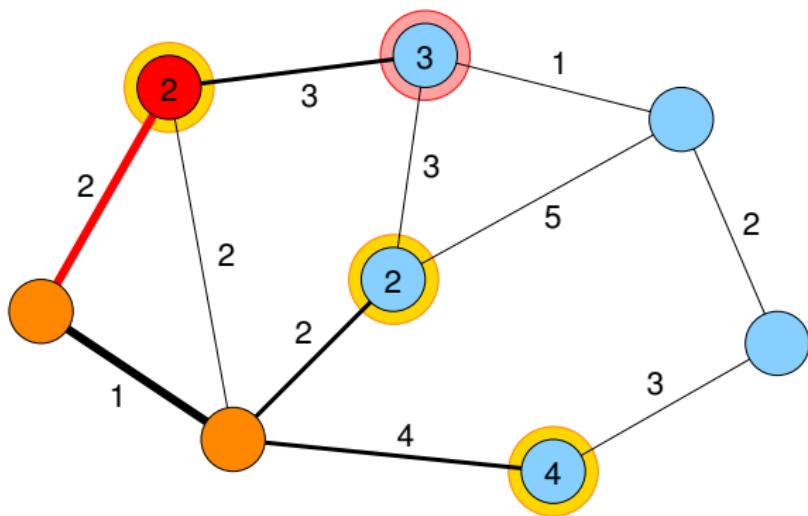
# Algorithmus von Prim



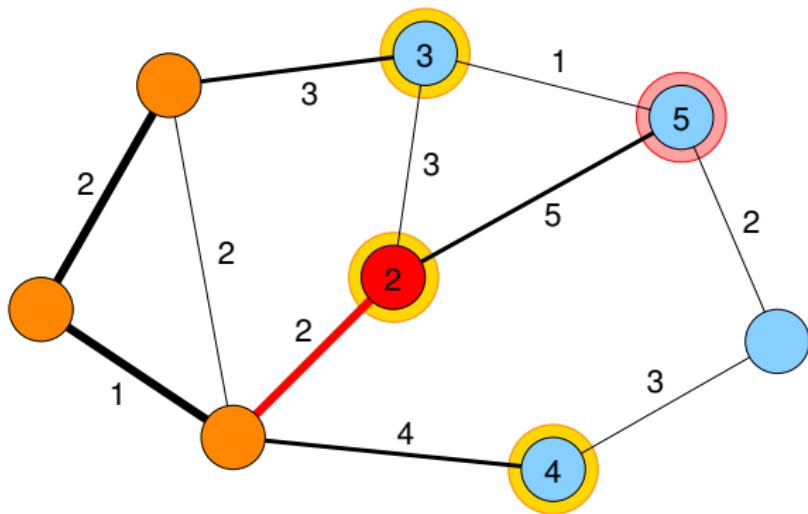
# Algorithmus von Prim



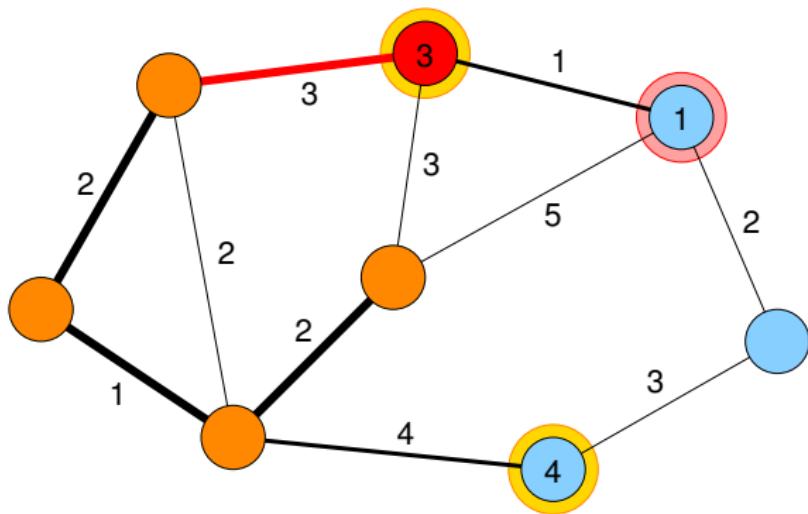
# Algorithmus von Prim



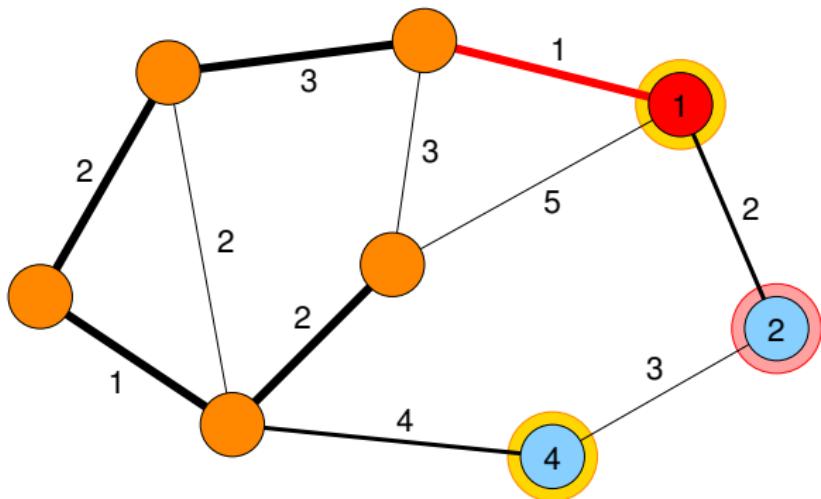
# Algorithmus von Prim



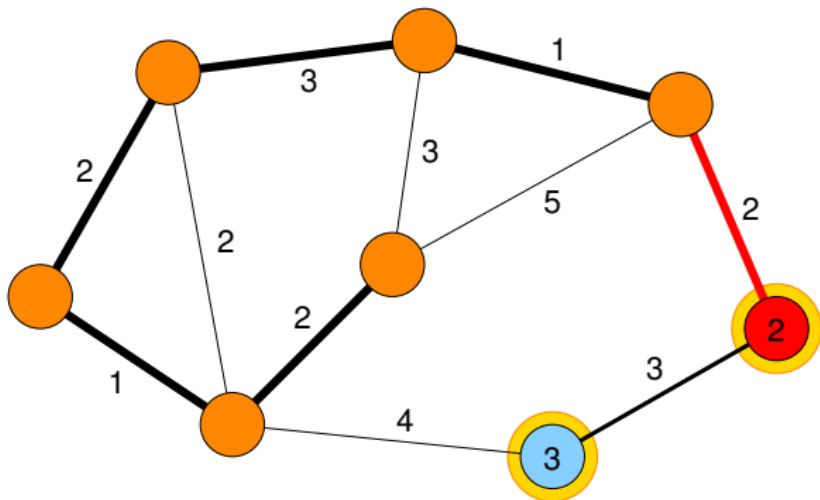
# Algorithmus von Prim



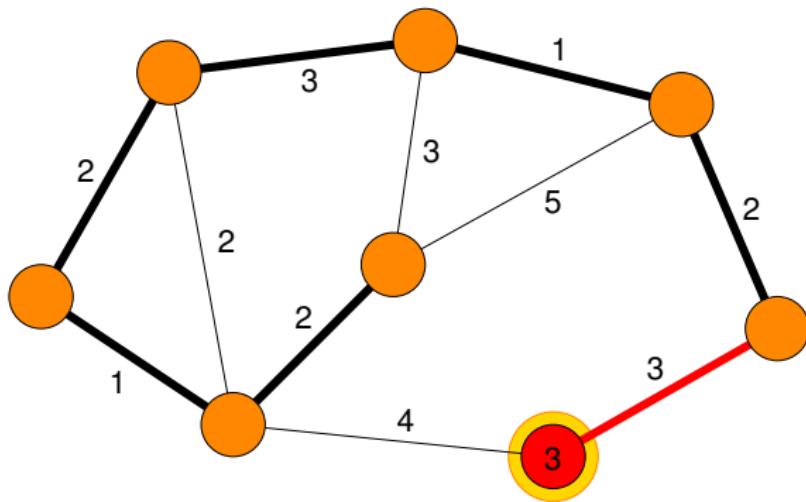
# Algorithmus von Prim



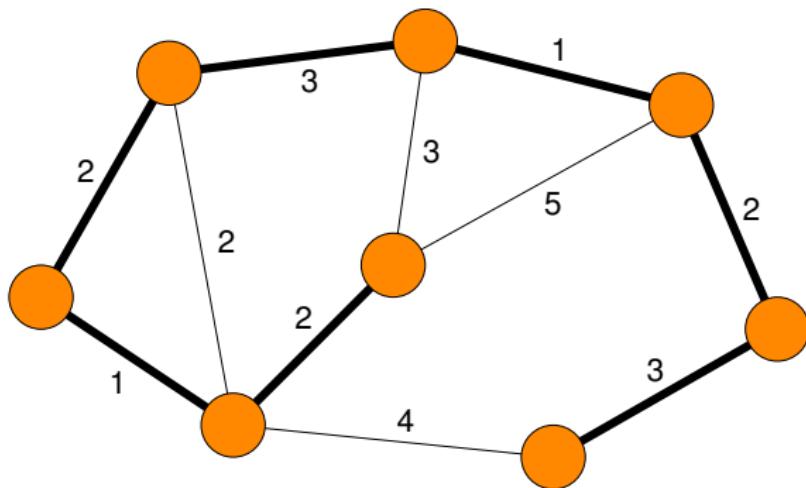
# Algorithmus von Prim



# Algorithmus von Prim



# Algorithmus von Prim



**Algorithmus Jarník-Prim:** findet minimalen Spannbaum**Eingabe :**  $G = (V, E)$ ,  $c : E \mapsto \mathbb{R}_+$ ,  $s \in V$ **Ausgabe :** Minimaler Spannbaum in Array *pred* $d[v] = \infty$  for all  $v \in V \setminus s$ ; $d[s] = 0$ ;  $\text{pred}[s] = \perp$ ; $pq = \langle \rangle$ ;  $pq.\text{insert}(s, 0)$ ;**while**  $\neg pq.\text{empty}()$  **do**     $v = pq.\text{deleteMin}()$ ;**forall**  $\{v, w\} \in E$  **do**        newWeight =  $c(v, w)$ ;        **if**  $\text{newWeight} < d[w]$  **then**             $\text{pred}[w] = v$ ;            **if**  $d[w] == \infty$  **then**  $pq.\text{insert}(w, \text{newWeight})$  ;            **else**                **if**  $w \in pq$  **then**  $pq.\text{decreaseKey}(w, \text{newWeight})$  ;                 $d[w] = \text{newWeight}$ ;

# Jarník-Prim-Algorithmus

Laufzeit:

$$O\left(n \cdot (T_{\text{insert}}(n) + T_{\text{deleteMin}}(n)) + m \cdot T_{\text{decreaseKey}}(n)\right)$$

Binärer Heap:

- alle Operationen  $O(\log n)$ , also
- gesamt:  $O((m + n) \log n)$

Fibonacci-Heap: amortisierte Kosten

- $O(1)$  für insert und decreaseKey,
- $O(\log n)$  deleteMin
- gesamt:  $O(m + n \log n)$

# Alphabet, Wörter, Wortlänge, Wortmengen

## Definition

Ein **Alphabet**  $\Sigma$  ist eine endliche Menge von Symbolen.

**Wörter** über  $\Sigma$  sind endliche Folgen von Symbolen aus  $\Sigma$  (meist  $w = w_0 \cdots w_{n-1}$  oder  $w = w_1 \cdots w_n$ ).

Notation:

$|w|$  **Länge** des Wortes  $w$  (Anzahl der Zeichen in  $w$ )

$\varepsilon$  **leeres Wort** (Wort der Länge 0)

$\Sigma^*$  Menge aller Wörter über  $\Sigma$

$\Sigma^+$  Menge aller Wörter der Länge  $\geq 1$  über  $\Sigma$  ( $\Sigma^+ = \Sigma^* \setminus \{\varepsilon\}$ )

$\Sigma^k$  Menge aller Wörter über  $\Sigma$  der Länge  $k$

# Präfix, Suffix, Teilwort

## Definition

$[a : b] := \{n \in \mathbb{Z} \mid a \leq n \wedge n \leq b\}$  für  $a, b \in \mathbb{Z}$

Sei  $w = w_1 \cdots w_n$  ein Wort der Länge  $n$  über  $\Sigma$ , dann heißt

- $w'$  **Präfix** von  $w$ , wenn  $w' = w_1 \cdots w_\ell$  mit  $\ell \in [0 : n]$
- $w'$  **Suffix** von  $w$ , wenn  $w' = w_\ell \cdots w_n$  mit  $\ell \in [1 : n + 1]$
- $w'$  **Teilwort** von  $w$ , wenn  $w' = w_i \cdots w_j$  mit  $i, j \in [1 : n]$

Für  $w' = w_i \cdots w_j$  mit  $i > j$  soll gelten  $w' = \varepsilon$ .

Das leere Wort  $\varepsilon$  ist also Präfix, Suffix und Teilwort eines jeden Wortes.

# Textsuche

## Problem:

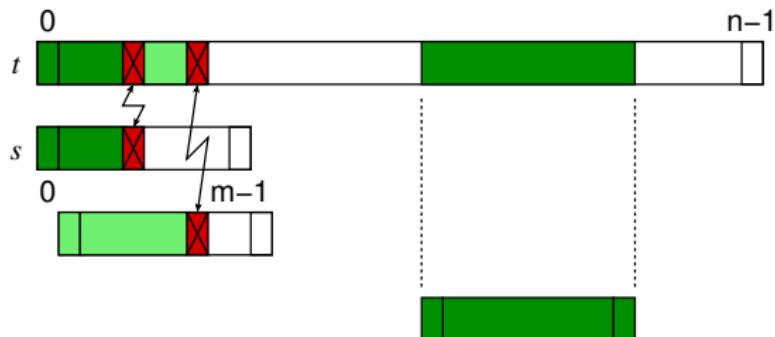
Gegeben: Text  $t \in \Sigma^*$ ;  $|t| = n$ ;

Suchwort  $s \in \Sigma^*$ ;  $|s| = m \leq n$

Gesucht:  $\exists i \in [0 : n - m]$  mit  $t_i \cdots t_{i+m-1} = s$  ?

(bzw. alle solchen Positionen  $i$ )

# Naiver Algorithmus



- Suchwort  $s$  Zeichen für Zeichen mit Text  $t$  vergleichen
- wenn zwei Zeichen nicht übereinstimmen (**Mismatch**), dann  $s$  um eine Position „nach rechts“ schieben und erneut  $s$  mit  $t$  vergleichen
- Vorgang wiederholen, bis  $s$  in  $t$  gefunden wird oder bis klar ist, dass  $s$  in  $t$  nicht enthalten ist

# Naiver Algorithmus: Beispiele

$t = \begin{matrix} a & a & a & a & a & a & a & a & a & a \\ a & a & a & b \\ a & a & a & b \\ a & a & a & b \end{matrix}$

# Naiver Algorithmus: Beispiele

$t = a \ a \ a \ a \ a \ a \ a \ a \ a \ a$   
   $\textcolor{green}{a} \ \textcolor{green}{a} \ \textcolor{green}{a} \ \textcolor{red}{b}$   
   $a \ a \ a \ \textcolor{red}{b}$   
   $a \ a \ a \ \textcolor{red}{b}$

$t = a \ a \ b \ a \ a \ b \ a \ a \ b \ a \ a \ b \ a \ a \ b$   
   $\textcolor{green}{a} \ \textcolor{green}{a} \ \textcolor{red}{b} \ \textcolor{green}{a} \ \textcolor{green}{a} \ \textcolor{red}{a}$   
   $a \ \textcolor{red}{a} \ b \ a \ a \ a$   
   $\textcolor{red}{a} \ a \ b \ a \ a \ a$   
   $a \ a \ \textcolor{red}{b} \ a \ a \ \textcolor{red}{a}$

# Naiver Algorithmus: Implementation

---

**Funktion** NaiveSearch(char  $t[]$ , int  $n$ , char  $s[]$ , int  $m$ )

---

```
int i := 0, j := 0;  
while ( $i \leq n - m$ ) do  
    while ( $t[i + j] = s[j]$ ) do  
        j++;  
        if ( $j = m$ ) then  
            return TRUE;  
    i++;  
    j := 0;  
return FALSE;
```

---

# Analyse des naiven Algorithmus

- zähle Vergleiche von Zeichen,
- äußere Schleife wird  $(n - m + 1)$ -mal durchlaufen,
- die innere Schleife wird maximal  $m$ -mal durchlaufen.
- maximale Anzahl von Vergleichen:  $(n - m + 1)m$ ,
- Laufzeit:  $O(nm)$

# Bessere Idee

- frühere **erfolgreiche** Zeichenvergleiche ausnutzen
- Idee:

Suchwort so weit nach rechts verschieben, dass in dem Bereich von  $t$ , in dem bereits beim vorherigen Versuch erfolgreiche Zeichenvergleiche durchgeführt wurden, nun nach dem Verschieben auch wieder die Zeichen in diesem Bereich übereinstimmen

# Rand und eigentlicher Rand

## Definition

Ein Wort  $r$  heißt **Rand** eines Wortes  $w$ , wenn  $r$  **Präfix und Suffix** von  $w$  ist. (Für jedes Wort  $w$  ist das leere Wort  $\varepsilon$  ein Rand von  $w$ , genau wie  $w$  selbst.)

Ein Rand  $r$  eines Wortes  $w$  heißt **eigentlicher Rand**, wenn  $r \neq w$  und wenn es außer  $w$  selbst keinen längeren Rand gibt.

# Rand und eigentlicher Rand

## Beispiel

Das Wort  $w = \text{aababaaa}$  besitzt folgende Ränder:

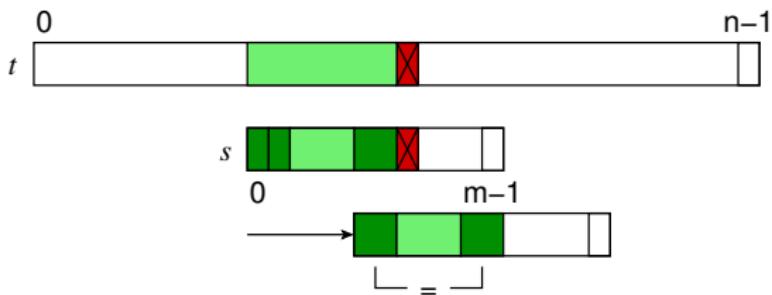
- $\varepsilon$
- a
- aa
- aabaa
- aabaabaaa =  $w$ .

Der eigentliche Rand ist aabaa.

Beachte: bei der Darstellung des Rands im Wort können sich Präfix und Suffix in der Wortmitte überlappen.

# Shift-Idee

- Pattern  $s$  so verschieben, dass im bereits gematchten Bereich wieder Übereinstimmung herrscht.
- Dazu müssen überlappendes Präfix und Suffix dieses Bereichs übereinstimmen.



# Shifts und sichere Shifts

## Definition

Eine Verschiebung der Anfangsposition  $i$  des zu suchenden Wortes (also eine Indexerhöhung  $i \rightarrow i'$ ) heißt **Shift**.

Ein Shift von  $i \rightarrow i'$  heißt **sicher**, wenn  $s$  nicht als Teilwort von  $t$  an der Position  $k \in [i + 1 : i' - 1]$  vorkommt, d.h.,  $s \neq t_k \cdots t_{k+m-1}$  für alle  $k \in [i + 1 : i' - 1]$ .

- Sinn eines sicheren Shifts:  
dass man beim Verschieben des Suchworts kein eventuell vorhandenes Vorkommen von  $s$  in  $t$  überspringt

# Sichere Shifts

## Definition

Sei  $\partial(s)$  der eigentliche Rand von  $s$  und sei

$$\text{border}[j] = \begin{cases} -1 & \text{für } j = 0 \\ |\partial(s_0 \cdots s_{j-1})| & \text{für } j \geq 1 \end{cases}$$

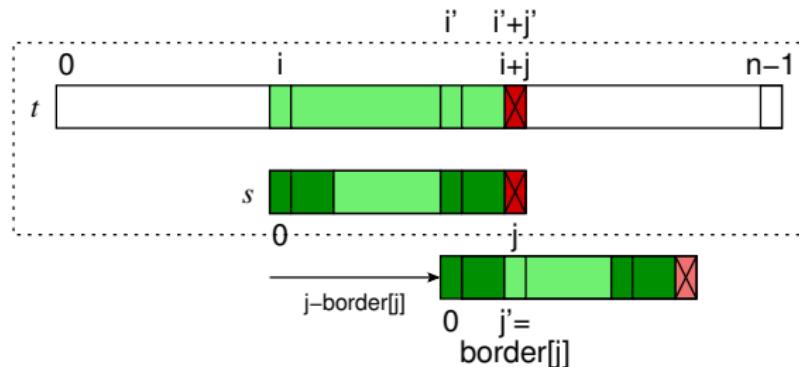
die Länge des eigentlichen Rands des Präfixes der Länge  $j$ .

## Lemma

Ist das Präfix der Länge  $j$  gematcht (also gilt  $s_k = t_{i+k}$  für alle  $k \in [0 : j - 1]$ ) und haben wir ein Mismatch an der nächsten Position  $j$  ( $s_j \neq t_{i+j}$ ), dann ist der Shift  $i \rightarrow i + j - \text{border}[j]$  sicher.

# Sichere Shifts

Shift um  $j - \text{border}[j]$



# Sichere Shifts

## Beweis.

- (siehe Skizze)

$$\begin{aligned}s_0 \cdots s_{j-1} &= t_i \cdots t_{i+j-1}, \\ s_j &\neq t_{i+j}\end{aligned}$$

- Der eigentliche Rand von  $s_0 \cdots s_{j-1}$  hat die Länge  $\text{border}[j]$ .
- Verschiebt man  $s$  um  $j - \text{border}[j]$  nach rechts, so liegt der linke Rand von  $s_0 \cdots s_{j-1}$  nun genau da, wo vorher der rechte Rand lag, d.h. im Präfix/Suffix-Überlappungsbereich besteht Übereinstimmung zwischen Präfix, Suffix und Text.
- Da es keinen längeren Rand von  $s_0 \cdots s_{j-1}$  als diesen gibt (außer  $s_0 \cdots s_{j-1}$  selbst), ist dieser Shift sicher.



# KMP-Algorithmus

---

## Funktion KMP( $t[], n, s[], m$ )

---

```
int border[m + 1];
computeBorders(border, m, s);
int i := 0, j := 0;
while i ≤ n - m do
    while t[i + j] = s[j] do
        j++;
        if j = m then
            return TRUE;
    i := i + (j - border[j]) ;           // Es gilt j - border[j] > 0
    j := max{0, border[j]};
return FALSE;
```

---

# Laufzeit des KMP-Algorithmus: erfolglose Vergleiche

Nach **erfolglosem** Vergleich (Mismatch) wird  $(i + j)$  nie kleiner:

- Seien dazu  $i$  und  $j$  die Werte vor einem erfolglosen Vergleich und  $i'$  und  $j'$  die Werte nach einem erfolglosen Vergleich.
- Wert vor dem Vergleich:  $i + j$
- Wert nach dem Vergleich:  
 $i' + j' = (i + j - \text{border}[j]) + (\max\{0, \text{border}[j]\})$ .
- Fallunterscheidung:  $\text{border}[j]$  negativ oder nicht.
  - ▶  $\text{border}[j] < 0$ , also  $\text{border}[j] = -1$ , dann muss  $j = 0$  sein.  
Das bedeutet  $i' + j' = i' + 0 = (i + 0 - (-1)) + 0 = i + 1$ .
  - ▶  $\text{border}[j] \geq 0$ , dann gilt  $i' + j' = i + j$
- Also wird  $i + j$  nach einem erfolglosen Vergleich nicht kleiner.

# Laufzeit des KMP-Algorithmus

- Nach jedem erfolglosen Vergleich wird  $i \in [0 : n - m]$  erhöht.
- $i$  wird nie verkleinert.

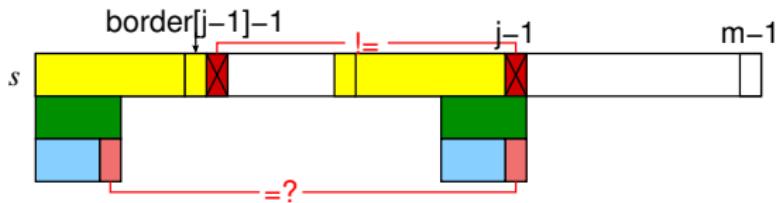
⇒ maximal  $n - m + 1$  erfolglose Vergleiche

- Nach einem **erfolgreichen** Vergleich wird  $i + j$  um 1 erhöht.
  - maximal  $n$  erfolgreiche Vergleiche, da  $i + j \in [0 : n - 1]$ .
- 
- insgesamt **maximal  $2n - m + 1$**  Vergleiche

# Berechnung der border-Tabelle

- $\text{border}[]$ -Tabelle:  
speichert für jedes Präfix  $s_0 \dots s_{j-1}$  der Länge  $j \in \{0 \dots m\}$  von Suchstring  $s$  die Größe des eigentlichen Rands
- Initialisierung:  $\text{border}[0] = -1$  und  $\text{border}[1] = 0$
- Annahme:  $\text{border}[0], \dots, \text{border}[j-1]$  sind schon berechnet
- Ziel: Berechnung von  $\text{border}[j]$   
(Länge des eigentlichen Randes von Präfix der Länge  $j$ )

# Berechnung der border-Tabelle



# Berechnung der border-Tabelle

- Der eigentliche Rand  $s_0 \dots s_k$  von  $s_0 \dots s_{j-1}$  kann um maximal ein Zeichen länger sein als der eigentliche Rand von  $s_0 \dots s_{j-2}$ , denn  $s_0 \dots s_{k-1}$  ist auch ein Rand von  $s_0 \dots s_{j-2}$  (oberer Teil der Abbildung).
- Ist  $s_{border[j-1]} = s_{j-1}$ , so ist  $border[j] = border[j - 1] + 1$ .
- Andernfalls müssen wir ein kürzeres Präfix von  $s_0 \dots s_{j-2}$  finden, das auch ein Suffix von  $s_0 \dots s_{j-2}$  ist.
- Der nächstkürzere Rand eines Wortes ist offensichtlich der eigentliche Rand des zuletzt betrachteten Randes dieses Wortes.
- Nach Konstruktion der Tabelle  $border$  ist das nächstkürzere Präfix mit dieser Eigenschaft das der Länge  $border[border[j - 1]]$ .

# Berechnung der border-Tabelle

- teste nun, ob sich dieser Rand von  $s_0 \dots s_{j-2}$  zu einem eigentlichen Rand von  $s_0 \dots s_{j-1}$  erweitern lässt
- solange wiederholen, bis wir einen Rand gefunden haben, der sich zu einem Rand von  $s_0 \dots s_{j-1}$  erweitern lässt
- Falls sich kein Rand von  $s_0 \dots s_{j-2}$  zu einem Rand von  $s_0 \dots s_{j-1}$  erweitern lässt, so ist der eigentliche Rand von  $s_0 \dots s_{j-1}$  das leere Wort und wir setzen  $\text{border}[j] = 0$ .

# Algorithmus zur Berechnung der border-Tabelle

---

**Prozedur** computeBorders(int *border*[ ], int *m*, char *s*[ ])

---

```
border[0] := -1;  
border[1] := 0;  
int i := 0;  
for (int j := 2; j ≤ m; j++) do  
    // Hier gilt: i = border[j - 1]  
    while (i ≥ 0) && (s[i] ≠ s[j - 1]) do  
        i := border[i];  
        i++;  
    border[j] := i;
```

---

# Laufzeit der Berechnung der border-Tabelle

- maximal  $m - 1$  erfolgreiche Vergleiche, da jedes Mal  $j \in [2 : m]$  um 1 erhöht und nie erniedrigt wird
- Betrachte für die Anzahl **erfolgloser** Vergleiche den Wert  $i$ . Zu Beginn ist  $i = 0$ .
- $i$  wird genau  $(m - 1)$  Mal um 1 erhöht, da die for-Schleife  $(m - 1)$  Mal durchlaufen wird.
- Bei einem erfolglosen Vergleich wird  $i$  um mindestens 1 erniedrigt.
- $i$  kann maximal  $(m - 1) + 1 = m$  Mal erniedrigt werden, da immer  $i \geq -1$  gilt. Es gibt also höchstens  **$m$  erfolglose** Vergleiche.
- Gesamtzahl der Vergleiche  $\leq 2m - 1$

# Laufzeit des KMP-Algorithmus

## Theorem

*Der Algorithmus von Knuth, Morris und Pratt benötigt maximal  $2n + m$  Vergleiche, um festzustellen, ob ein Muster  $s$  der Länge  $m$  in einem Text  $t$  der Länge  $n$  enthalten ist.*

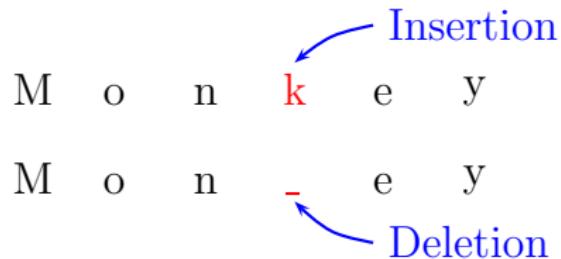
Der Algorithmus lässt sich leicht derart modifizieren, dass er alle Positionen der Vorkommen von  $s$  in  $t$  ausgibt, ohne dabei die asymptotische Laufzeit zu erhöhen.

Donald E. Knuth, James H. Morris, Jr. and Vaughan R. Pratt  
Fast Pattern Matching in Strings  
SIAM Journal on Computing 6(2):323–350, 1977.

# Distanz und Ähnlichkeit von Sequenzen

## Paarweises Sequenzalignment

- Ähnlichkeit von 2 Sequenzen bzw.
- Wie kann die eine Sequenz aus der anderen hervorgegangen sein?



Beispiel: Veränderung durch Insertion bzw. Deletion

# Distanz und Ähnlichkeit von Sequenzen

- Neben Einfügen und Löschen ist das Ersetzen von Zeichen eine weitere Möglichkeit.

Substitution

|   |   |   |   |   |
|---|---|---|---|---|
| M | o | n | e | y |
| H | o | n | e | y |



Beispiel: Veränderung durch Substitution

# Edit-Distanz

## Definition

Sei  $\Sigma$  ein Alphabet und sei  $-$  ein neues Zeichen, d.h.  $- \notin \Sigma$ .

Dann bezeichne

$$\bar{\Sigma} := \Sigma \cup \{-\}$$

das um  $-$  erweiterte Alphabet.

Außerdem sei

$$\bar{\Sigma}_0^2 := \bar{\Sigma} \times \bar{\Sigma} \setminus \{(-, -)\} .$$

Das Zeichen  $-$  werden wir auch als *Leerzeichen* bezeichnen.

# Edit-Operationen

## Definition

Eine **Edit-Operation** ist ein Paar  $(x, y) \in \Sigma_0^2$  und  $(x, y)$  heißt

- *Match*, wenn  $x = y \in \Sigma$ ;
- *Substitution*, wenn  $x \neq y$  mit  $x, y \in \Sigma$ ;
- *Insertion*, wenn  $x = -$ ,  $y \in \Sigma$ ;
- *Deletion*, wenn  $x \in \Sigma$ ,  $y = -$ .

Als *InDel-Operation* bezeichnet man eine Edit-Operation, die entweder eine Insertion oder Deletion ist.

Eine neutrale (NoOp)-Operation  $(x, x) \in \Sigma \times \Sigma$  ist hier als Edit-Operation zugelassen. Manchmal wird dies auch nicht erlaubt.

# Edit-Operationen

## Definition

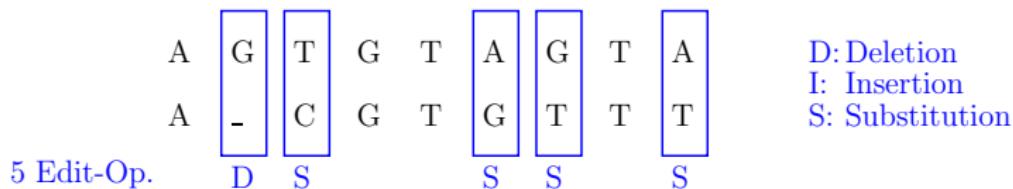
Ist  $(x, y)$  eine Edit-Operation und sind  $a, b \in \Sigma^*$ , dann gilt  $a \xrightarrow{(x,y)} b$   
 ( $a$  kann durch die Edit-Operation  $(x, y)$  in  $b$  umgeformt werden), wenn

- $x, y \in \Sigma \wedge \exists i \in [1 : |a|] : (a_i = x) \wedge (b = a_1 \cdots a_{i-1} \cdot y \cdot a_{i+1} \cdots a_{|a|})$  (Substitution oder Match)
- $x \in \Sigma \wedge y = - \wedge \exists i \in [1 : |a|] : (a_i = x) \wedge (b = a_1 \cdots a_{i-1} \cdot a_{i+1} \cdots a_{|a|})$  (Deletion)
- $x = - \wedge y \in \Sigma \wedge \exists i \in [1 : |a| + 1] :$   
 $(b = a_1 \cdots a_{i-1} \cdot y \cdot a_i \cdots a_{|a|})$  (Insertion)

Sei  $s = ((x_1, y_1), \dots, (x_m, y_m))$  eine Folge von Edit-Operationen mit  
 $a_{i-1} \xrightarrow{(x_i, y_i)} a_i$ , wobei  $a_i \in \Sigma^*$  für  $i \in [0 : m]$  und  $a := a_0$  und  $b := a_m$ .  
 Dann schreibt man auch kurz  $a \xrightarrow{s} b$ .

# Sequenz-Transformationen

$AGTGTAGTA \xrightarrow{s} ACGTGTTT$  mit  $s = ((G, -), (T, C), (A, G), (G, T), (A, T))$   
oder mit  $s = ((G, T), (A, G), (G, -), (A, T), (T, C))$

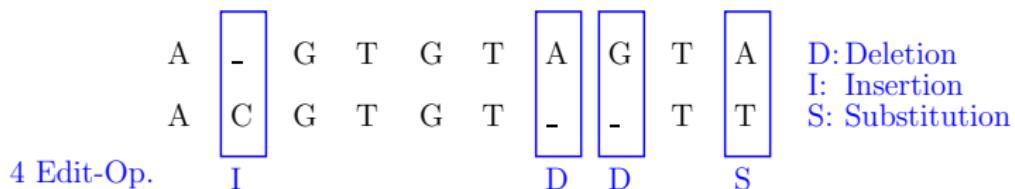


## Beispiel: Transformation mit Edit-Operationen

Anmerkung: Es kommt nicht unbedingt auf die Reihenfolge der Edit-Operationen an.

# Sequenz-Transformationen

$AGTGTAGTA \xrightarrow{s'} ACGTGTTC$  mit  $s' = ((-, C), (A, -), (G, -), (A, T))$



Beispiel: Transformation mit anderen Edit-Operationen

Dieselben Sequenzen können auch mit Hilfe anderer Edit-Operationen ineinander transformiert werden:

# Kosten

- Kosten einer Transformationsfolge setzen sich zusammen aus den Kosten der einzelnen Edit-Operationen.
- Man verwendet eine **Kostenfunktion**  $w : \bar{\Sigma} \times \bar{\Sigma} \rightarrow \mathbb{R}_+$
- Bsp.: Match-Kosten 0, Substitution/Insertion/Deletion-Kosten 1
- In der Biologie (wo die Sequenzen Basen oder insbesondere Aminosäuren repräsentieren) wird man jedoch intelligenteren Kostenfunktionen wählen.

# Kostenfunktion, Edit-Distanz

## Definition

Sei  $w : \overline{\Sigma_0^2} \rightarrow \mathbb{R}_+$  eine Kostenfunktion. Seien  $a, b \in \Sigma^*$  und sei  $s = (s_1, \dots, s_\ell)$  eine Folge von Edit-Operationen mit  $a \xrightarrow{s} b$ . Dann sind die Kosten der Edit-Operationen  $s$  definiert als

$$w(s) := \sum_{j=1}^{\ell} w(s_j).$$

Die Edit-Distanz von  $a, b \in \Sigma^*$  ist definiert als

$$d_w(a, b) := \min_s \{w(s) : a \xrightarrow{s} b\}.$$

# Dreiecksungleichung

- Folgende Beziehung soll gelten:

$$\forall x, y, z \in \Sigma : w(x, y) + w(y, z) \geq w(x, z)$$

- Betrachte zum Beispiel eine Mutation  $(x, z)$ , die als direkte Mutation relativ selten (also teuer) ist, sich jedoch sehr leicht (d.h. billig) durch zwei Mutationen  $(x, y)$  und  $(y, z)$  ersetzen lässt.
- Dann sollten die Kosten für diese Mutation durch die beiden billigen beschrieben werden, da man in der Regel nicht feststellen kann, ob eine beobachtete Mutation direkt oder über einen Umweg erzielt worden ist.
- Diese Bedingung ist beispielsweise erfüllt, wenn  $w$  eine Metrik ist.

# Metrik

## Definition

Sei  $M$  eine beliebige Menge.

Eine Funktion  $w : M \times M \rightarrow \mathbb{R}_+$  heißt **Metrik** auf  $M$ , wenn die folgenden Bedingungen erfüllt sind:

$$(M1) \quad \forall x, y \in M : w(x, y) = 0 \Leftrightarrow x = y \quad (\text{Definitheit})$$

$$(M2) \quad \forall x, y \in M : w(x, y) = w(y, x) \quad (\text{Symmetrie})$$

$$(M3) \quad \forall x, y, z \in M : w(x, z) \leq w(x, y) + w(y, z) \quad (\text{Dreiecksungleichung})$$

## Lemma

Ist  $w : \bar{\Sigma} \times \bar{\Sigma} \rightarrow \mathbb{R}_+$  eine Metrik, dann ist auch  $d_w : \bar{\Sigma}^* \times \bar{\Sigma}^* \rightarrow \mathbb{R}_+$  eine Metrik.

# Restriktion

## Definition (Restriktion)

Sei  $u \in \overline{\Sigma}^*$ . Dann sei die **Restriktion von  $u$  auf  $\Sigma$**  mit Hilfe eines Homomorphismus  $h$  wie folgt definiert

$$u|_{\Sigma} = h(u), \text{ wobei}$$

$$h(a) = a \quad \text{für alle } a \in \Sigma,$$

$$h(-) = \varepsilon,$$

$$h(u'u'') = h(u')h(u'') \quad \text{für alle } u', u'' \in \Sigma^*.$$

Die Restriktion von  $u \in \overline{\Sigma}^*$  auf  $\Sigma$  ist also nichts anderes als das Löschen aller Leerzeichen  $(-)$  aus  $u$ .

# Alignment

## Definition (Alignment)

Ein (paarweises) **Alignment** ist ein Paar  $(\bar{a}, \bar{b}) \in \bar{\Sigma}^* \times \bar{\Sigma}^*$  mit

- $|\bar{a}| = |\bar{b}|$  und
- $\bar{a}_i \neq - \neq \bar{b}_i$  für alle  $i \in [1 : |\bar{a}|]$  mit  $a_i = b_i$ .

$(\bar{a}, \bar{b})$  ist ein **Alignment für  $a, b \in \Sigma^*$** , wenn  $\bar{a}|_\Sigma = a$  und  $\bar{b}|_\Sigma = b$ .

## Beispiel

|   |   |   |   |   |   |   |   |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| A | - | G | G | C | A | T | T |
| A | G | C | G | C | - | T | T |

Alignment von AGGCATT mit AGCGCTT

Dieses Alignment hat Distanz 3,  
es gibt jedoch ein besseres mit Distanz 2.

# Alignment-Kosten und Alignment-Distanz

## Definition

Sei  $\overline{w} : \overline{\Sigma}_0^2 \rightarrow \mathbb{R}_+$  eine Kostenfunktion (für einzelne Zeichen).

Die Notation von  $\overline{w}$  wird wie folgt auf Sequenzen erweitert, um die (Gesamt-)Kosten eines Alignments  $(\overline{a}, \overline{b})$  für  $(a, b)$  zu definieren:

$$\overline{w}(\overline{a}, \overline{b}) = \sum_{i=1}^{|\overline{a}|} \overline{w}(\overline{a}_i, \overline{b}_i).$$

Die Alignment-Distanz von  $a, b \in \Sigma^*$  ist definiert als

$$\overline{d}_{\overline{w}}(a, b) := \min \left\{ \overline{w}(\overline{a}, \overline{b}) : (\overline{a}, \overline{b}) \text{ ist Alignment für } a, b \right\}.$$

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

## Lemma

Sei  $w : \overline{\Sigma}_0^2 \rightarrow \mathbb{R}_+$  eine Kostenfunktion (die hier sowohl für die Edit-Operationen als auch für das Alignment benutzt wird, also  $w = \overline{w}$ ) und seien  $a, b \in \Sigma^*$ .

Für jedes Alignment  $(\bar{a}, \bar{b})$  von  $a$  und  $b$  gibt es eine Folge  $s$  von Edit-Operationen, so dass  $a \xrightarrow{s} b$  und  $w(s) = w(\bar{a}, \bar{b})$

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

## Beweis.

Sei  $(\bar{a}, \bar{b})$  ein Alignment für  $a$  und  $b$ .

Betrachte die Folge  $s = (s_1, \dots, s_{|\bar{a}|})$  von Edit-Operationen mit  $s_i = (\bar{a}_i, \bar{b}_i)$ .

Offensichtlich gilt:  $a \xrightarrow{s} b$ . Für die Edit-Kosten erhalten wir somit:

$$w(s) = \sum_{i=1}^{|\bar{a}|} w(s_i) = \sum_{i=1}^{|\bar{a}|} w(\bar{a}_i, \bar{b}_i) = w(\bar{a}, \bar{b})$$



# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

Aus diesem Lemma folgt sofort, dass die Edit-Distanz von zwei Zeichenreihen höchstens so groß ist wie die Alignment-Distanz.

## Folgerung

Sei  $w : \overline{\Sigma}_0^2 \rightarrow \mathbb{R}_+$  eine Kostenfunktion, dann gilt für alle  $a, b \in \Sigma^*$ :

$$d_w(a, b) \leq \overline{d}_w(a, b)$$

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

## Lemma

Sei  $w : \overline{\Sigma}_0^2 \rightarrow \mathbb{R}_+$  eine metrische Kostenfunktion und seien  $a, b \in \Sigma^*$ .

Für jede Folge von Edit-Operationen mit  $a \xrightarrow{s} b$  gibt es ein Alignment  $(\bar{a}, \bar{b})$  von  $a$  und  $b$ , so dass  $w(\bar{a}, \bar{b}) \leq w(s)$ .

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

Beweis.

(durch Induktion über  $n = |s|$ )

**Induktionsanfang ( $n = 0$ ):**

- Aus  $|s| = 0$  folgt, dass  $s = \epsilon$ .
- Also ist  $a = b$  und  $w(s) = 0$ .
- Wir setzen nun  $\bar{a} = a = b = \bar{b}$  und erhalten ein Alignment  $(\bar{a}, \bar{b})$  für  $a$  und  $b$  mit  $w(\bar{a}, \bar{b}) = 0 \leq w(s)$ .

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

Beweis.

**Induktionsschritt ( $n \rightarrow n + 1$ ):**

- Sei  $s = (s_1, \dots, s_n, s_{n+1})$  eine Folge von Edit-Operationen mit  $a \xrightarrow{s} b$ .
- Sei nun  $s' = (s_1, \dots, s_n)$  und  $a \xrightarrow{s'} c \xrightarrow{s_{n+1}} b$  für ein  $c \in \Sigma^*$ .
- Aus der Induktionsvoraussetzung folgt nun, dass es ein Alignment  $(\bar{a}, \bar{c})$  von  $a, c$  gibt, so dass  $w(\bar{a}, \bar{c}) \leq w(s')$ .

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

## Beweis.

- Betrachte zuerst den Fall, dass die letzte Edit-Operation  $s_{n+1} = (x, y)$  eine Substitution, ein Match oder eine Deletion ist, d.h.  $x \in \Sigma$  und  $y \in \bar{\Sigma}$ .
- Wir können dann (wie in der Abbildung) ein Alignment für  $a$  und  $b$  erzeugen, indem wir die Zeichenreihe  $b$  geeignet aus  $\bar{c}$  unter Verwendung der Edit-Operation( $x, y$ ) umformen.

|           |  |     |  |
|-----------|--|-----|--|
| $\bar{a}$ |  | *   |  |
| $\bar{c}$ |  | $x$ |  |
| $\bar{b}$ |  | $y$ |  |

$$\begin{aligned}\bar{a}|_{\Sigma} &= a \\ \bar{c}|_{\Sigma} &= c \\ \bar{b}|_{\Sigma} &= b\end{aligned}$$

Skizze:  $s_{n+1} = (x, y)$  ist eine Substitution, Match oder Deletion

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

## Beweis.

Es gilt dann:

$$w(\bar{a}, \bar{b}) = w(\bar{a}, \bar{c}) - \underbrace{w(\bar{a}_i, \bar{c}_i)}_{\leq w(\bar{c}_i, \bar{b}_i)} + w(\bar{a}_i, \bar{b}_i)$$

aufgrund der Dreiecksungleichung

$$\text{d.h., } w(\bar{a}_i, \bar{b}_i) \leq w(\bar{a}_i, \bar{c}_i) + w(\bar{c}_i, \bar{b}_i)$$

$$\leq \underbrace{w(\bar{a}, \bar{c})}_{\leq w(s')} + \underbrace{w(\bar{c}_i, \bar{b}_i)}_{= w(s_{n+1})}$$

$$\leq w(s') + w(s_{n+1}) = w(s)$$

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

Beweis.

Den Fall  $\bar{a}_i = \bar{b}_i = -$  muss man gesondert betrachten.

Hier wird das verbotene Alignment von Leerzeichen im Alignment  $(\bar{a}, \bar{b})$  eliminiert:

$$\begin{aligned} w(\bar{a}, \bar{b}) &= w(\bar{a}, \bar{c}) - w(\bar{a}_i, \bar{c}_i) \\ &\leq w(\bar{a}, \bar{c}) + w(\bar{c}_i, \bar{b}_i) \\ &\leq w(s') + w(s_{n+1}) = w(s) \end{aligned}$$

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

## Beweis.

- Es bleibt noch der Fall, wenn  $s_{n+1} = (-, y)$  mit  $y \in \Sigma$  eine Insertion ist.
- Dann erweitern wir das Alignment  $(\bar{a}, \bar{c})$  von  $a$  und  $c$  zu einem eigentlich *unzulässigen Alignment*  $(\bar{a}', \bar{c}')$  von  $a$  und  $c$  wie folgt.
  - Es gibt ein  $i \in [0 : |b|]$  mit  $b_i = y$  und  $b = c_1 \cdots c_i \cdot y \cdot c_{i+1} \cdots c_{|a|}$ .
  - Sei  $j$  die Position, nach der das Symbol  $y$  in  $\bar{c}$  eingefügt wird.
  - Dann setzen wir  $\bar{a} = \bar{a}_1 \cdots \bar{a}_j \cdots \bar{a}_{j+1} \cdots \bar{a}_{|\bar{a}|}$ ,  
 $\bar{c} = \bar{c}_1 \cdots \bar{c}_j \cdots \bar{c}_{j+1} \cdots \bar{c}_{|\bar{c}|}$  und  $\bar{b} = \bar{c}_1 \cdots \bar{c}_j \cdot y \cdot \bar{c}_{j+1} \cdots \bar{c}_{|\bar{c}|}$ .

# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

Beweis.

|           |  |     |  |
|-----------|--|-----|--|
| $\bar{a}$ |  | $-$ |  |
| $\bar{c}$ |  | $-$ |  |
| $\bar{b}$ |  | $y$ |  |

$$\begin{aligned}\bar{a}|_{\Sigma} &= a \\ \bar{c}|_{\Sigma} &= c \\ \bar{b}|_{\Sigma} &= b\end{aligned}$$

Skizze:  $s_{n+1} = (x, y)$  ist eine Insertion

- $(\bar{a}, \bar{c})$  ist jetzt wegen der Spalte  $(-, -)$  kein Alignment mehr.
- jedoch nur noch interessant: Alignment  $(\bar{a}, \bar{b})$  von  $a$  und  $b$

$$w(\bar{a}, \bar{b}) = w(\bar{a}, \bar{c}) + w(-, y)$$

Nach Induktionsvoraussetzung

$$\leq w(s') + w(s_{n+1}) = w(s)$$



# Beziehung zwischen Edit- und Alignment-Distanz

Also ist die Alignment-Distanz durch die Edit-Distanz beschränkt, falls die zugrunde liegende Kostenfunktion eine Metrik ist:

## Folgerung

Ist  $w : \overline{\Sigma}_0^2 \rightarrow \mathbb{R}_+$  eine metrische Kostenfunktion, dann gilt für alle  $a, b \in \Sigma^*$ :

$$\overline{d}_w(a, b) \leq d_w(a, b).$$

Zusammengefasst ergibt sich für den Fall einer metrischen Kostenfunktion die Gleichheit von Edit- und Alignment-Distanz:

## Theorem

Ist  $w$  eine Metrik, dann gilt für  $a, b \in \Sigma^*$ :  $d_w(a, b) = \overline{d}_w(a, b)$ .

# Globale Alignments

## Problem

### GLOBALES ALIGNMENT

**Eingabe:**  $s \in \Sigma^n, t \in \Sigma^m,$

w: Kostenfunktion für Distanz- oder Ähnlichkeitsmaß  $\mu$ .

**Gesucht:** optimales globales Alignment  $(\bar{s}, \bar{t})$  für  $s$  und  $t$ , d.h.

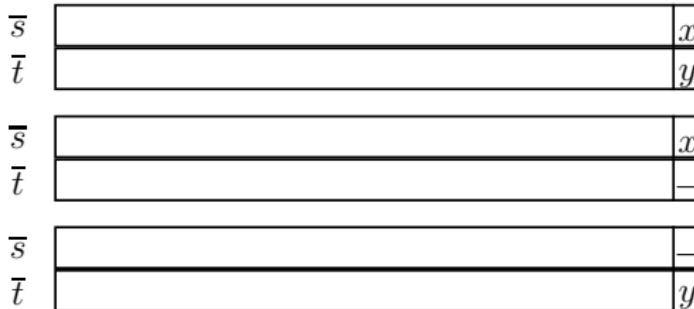
$$\mu(s, t) = w(\bar{s}, \bar{t})$$

- zunächst mit Distanzmaßen
- Abwandlung für Ähnlichkeitsmaße meist offensichtlich

# Optimale Alignments

- Annahme: sei  $(\bar{s}, \bar{t})$  ein optimales Alignment für  $s$  und  $t$
- 3 Möglichkeiten, wie die letzte Spalte  $(\bar{t}_{|\bar{t}|}, \bar{s}_{|\bar{s}|})$  dieses optimalen Alignments aussehen kann:
  - Entweder wurde  $x = s_n$  durch  $y = t_m$  substituiert (oben)
  - oder es wurde das letzte Zeichen  $x = s_n$  in  $s$  gelöscht (Mitte)
  - oder es wurde das letzte Zeichen  $y = t_m$  in  $t$  eingefügt (unten).

# Optimale Alignments



Skizze: Optimales Alignment mit Substitution/Match, Insertion bzw.  
Deletion am Ende

- In allen drei Fällen ist das Alignment, das durch Streichen der letzten Spalte entsteht, also  $(\bar{s}_1 \cdots \bar{s}_{|\bar{s}|-1}, \bar{t}_1 \cdots \bar{t}_{|\bar{t}|-1})$ , ebenfalls ein optimales Alignment für
  - $s_1 \cdots s_{n-1}$  mit  $t_1 \cdots t_{m-1}$ ,
  - $s_1 \cdots s_{n-1}$  mit  $t_1 \cdots t_m$  bzw.
  - $s_1 \cdots s_n$  mit  $t_1 \cdots t_{m-1}$ .

# Optimale Alignments

## Lemma

Sei  $(\bar{a}, \bar{b})$  ein optimales Alignment für  $a, b \in \Sigma^*$  für ein gegebenes Distanz- oder Ähnlichkeitsmaß.

Für  $i \leq j \in [1 : |\bar{a}|]$  ist dann  $(\bar{a}_i \cdots \bar{a}_j, \bar{b}_i \cdots \bar{b}_j)$  ein optimales Alignment für  $a' = \bar{a}_i \cdots \bar{a}_j|_{\Sigma}$  und  $b' = \bar{b}_i \cdots \bar{b}_j|_{\Sigma}$ .

# Optimale Alignments

## Beweis.

- Sei  $(\bar{a}, \bar{b})$  ein optimales Alignment für  $a, b \in \Sigma^*$ .
- Für einen Widerspruchsbeweis nehmen wir an, dass  $(\bar{a}_1 \dots \bar{a}_i, \bar{b}_1 \dots \bar{b}_j)$  kein optimales Alignment für  $a', b' \in \Sigma$  ist.
- Sei also  $(\tilde{a}', \tilde{b}')$  ein optimales Alignment für  $a'$  und  $b'$ .
- Dann ist aber nach Definition der Kosten eines Alignments (unabhängig, ob Distanz- oder Ähnlichkeitsmaß) das Alignment

$$(\bar{a}_1 \dots \bar{a}_{i-1} \cdot \tilde{a}' \cdot \bar{a}_{j+1} \dots \bar{a}_n, \bar{b}_1 \dots \bar{b}_{i-1} \cdot \tilde{b}' \cdot \bar{b}_{j+1} \dots \bar{b}_n)$$

ein besseres Alignment als  $(\bar{a}, \bar{b})$

(Widerspruch)

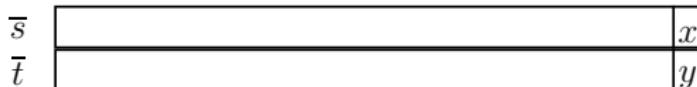


# Needleman-Wunsch-Algorithmus

- berechnet ein optimales Alignment für zwei Sequenzen  $s = s_1 \dots s_n \in \Sigma^n$  und  $t = t_1 \dots t_m \in \Sigma^m$
- benutzt Matrix  $D(i, j) = \mu(s_1 \dots s_i, t_1 \dots t_j)$ , in der jeweils die Distanz eines optimalen Alignments für  $s_1, \dots, s_i$  und  $t_1, \dots, t_j$  gespeichert wird
- rekursive Berechnung der Matrix:

$$D(i, j) = \min \left\{ \begin{array}{ll} D(i-1, j-1) & + w(s_i, t_j), \\ D(i-1, j) & + w(s_i, -), \\ D(i, j-1) & + w(-, t_j) \end{array} \right\}.$$

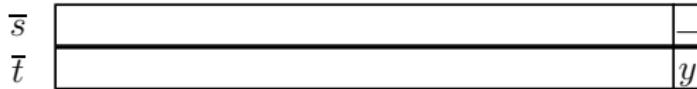
# Needleman-Wunsch-Algorithmus



$$D(i, j) = D(i - 1, j - 1) + w(s_i, t_j)$$



$$D(i, j) = D(i - 1, j) + w(s_i, -)$$



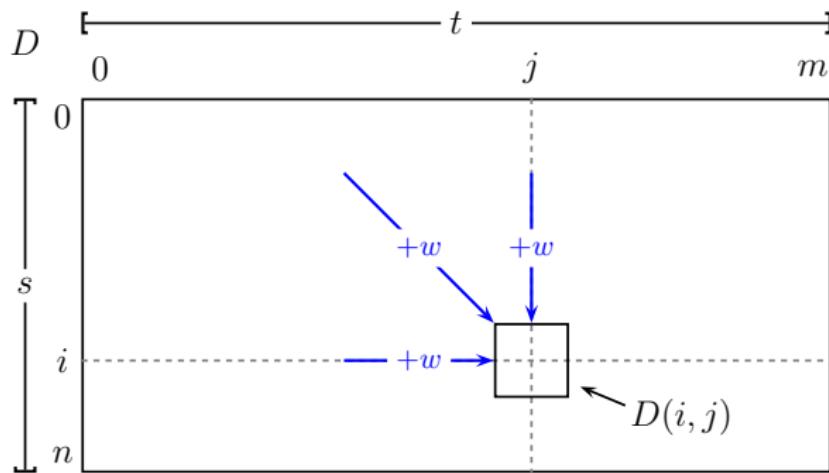
$$D(i, j) = D(i, j - 1) + w(-, t_j)$$

Skizze: Erweiterung eines optimales Alignments zu  $s_1 \dots s_i$  mit  $t_1 \dots t_j$

# Needleman-Wunsch-Algorithmus

- 1. Fall: optimales Alignment für  $s_1 \dots s_{i-1}$  und  $t_1 \dots t_{j-1}$  ist bereits berechnet und in  $D(i-1, j-1)$  abgelegt; für die Distanz eines Alignments von  $s_1 \dots s_i$  mit  $t_1 \dots t_j$  müssen noch die Substitutionskosten von  $s_i$  durch  $t_j$  hinzuaddiert werden.
- 2. Fall: ein Zeichen in  $t$  wurde gelöscht. Distanz eines Alignments von  $s_1 \dots s_i$  mit  $t_1 \dots t_j$  besteht aus Kosten dieser Löschung und der Distanz des bereits berechneten optimalen Alignments für  $s_1 \dots s_{i-1}$  und  $t_1 \dots t_j$ .
- 3. Fall: ein Zeichen wurde in die Sequenz  $t$  eingefügt. Zur Distanz des bereits berechneten optimalen Alignments für  $s_1 \dots s_i$  und  $t_1 \dots t_{j-1}$  müssen noch die Kosten für die Einfügung hinzuaddiert werden.
- Da das Optimum einer dieser Fälle ist, genügt es, aus allen drei möglichen Werten das Minimum auszuwählen (bei Ähnlichkeitsmaßen das Maximum).

# Needleman-Wunsch-Algorithmus



Skizze: Berechnung optimaler Alignments nach Needleman-Wunsch

# Needleman-Wunsch-Algorithmus

---

**Prozedur** SeqAlign(char  $s[]$ , int  $n$ , char  $t[]$ , int  $m$ )

---

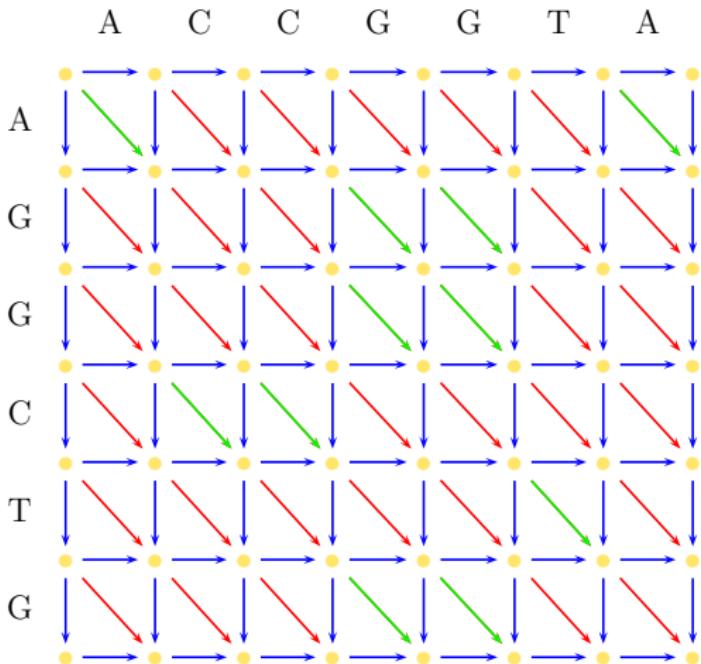
$D[0, 0] := 0;$   
**for** ( $i := 1; i \leq n; i++$ ) **do**  
   $D[i, 0] := D[i - 1, 0] + w(s_i, -);$   
**for** ( $j := 1; j \leq m; j++$ ) **do**  
   $D[0, j] := D[0, j - 1] + w(-, t_j);$   
**for** ( $i := 1; i \leq n; i++$ ) **do**  
  **for** ( $j := 1; j \leq m; j++$ ) **do**  
     $D[i, j] := \min \left\{ \begin{array}{l} D[i - 1, j] + w(s_i, -), \\ D[i, j - 1] + w(-, t_j), \\ D[i - 1, j - 1] + w(s_i, t_j) \end{array} \right\};$

---

# Needleman-Wunsch-Algorithmus: Beispiel

- Visualisierung am Beispiel:  $s = AGGCTG$  und  $t = ACCGGTA$
- 1. Schritt: Aufstellen des **Edit-Graphen**
- In Abhängigkeit von der jeweiligen Operation werden unterschiedliche Pfeile eingefügt:
  - ▶ blaue horizontale bzw. vertikale Pfeile: Insertionen bzw. Deletionen
  - ▶ rote diagonale Pfeile: Substitutionen
  - ▶ grüne diagonale Pfeile: Matches

# Needleman-Wunsch-Algorithmus: Beispiel

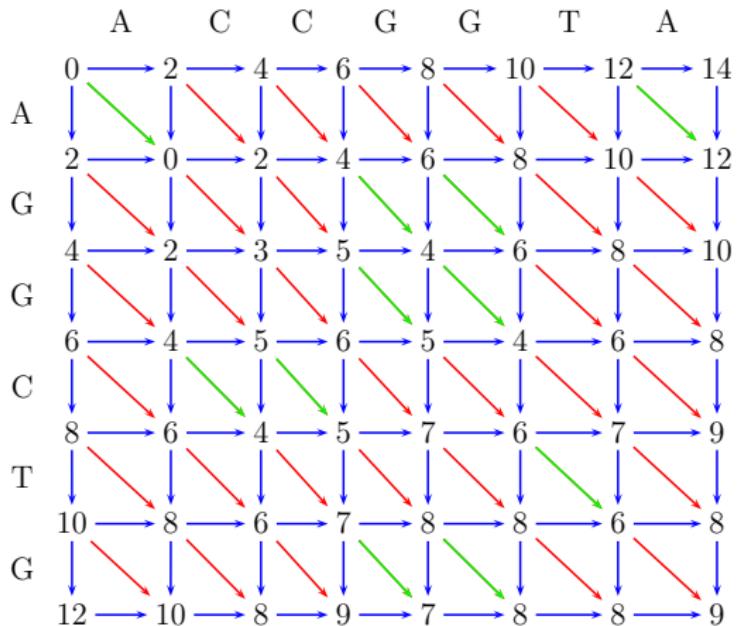


Skizze: Edit-Graph für  $s$  und  $t$  ohne Distanzen

# Needleman-Wunsch-Algorithmus

- Nun werden die jeweiligen Distanzen des aktuellen Alignments (mit Hilfe der Rekursionsformel) eingetragen.
- In diesem Beispiel verursachen Einfügungen und Löschungen Kosten 2.
- Substitutionen verursachen hier Kosten 3.
- Ein Match verursacht keine Kosten (also 0).
- In der rechten unteren Ecke ( $D(n, m)$ ) findet sich zum Schluss die Distanz eines optimalen Alignments.

# Needleman-Wunsch-Algorithmus: Beispiel



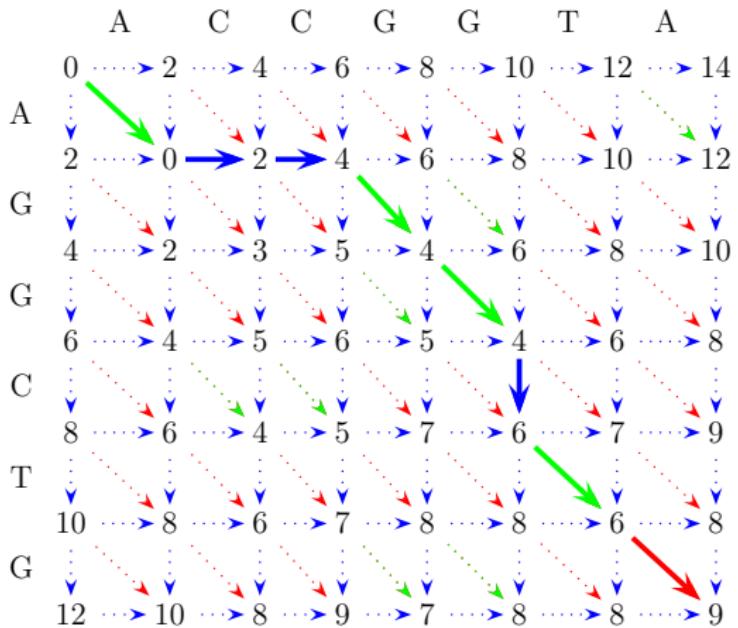
Match = 0, Indel = 2, Subst = 3

Skizze: Edit-Graph für **s** und **t** mit Distanzen

# Needleman-Wunsch-Algorithmus

- Damit haben wir zwar den Wert eines optimalen Alignments für  $s$  und  $t$  bestimmt, kennen das Alignment an sich jedoch noch nicht.
- Dafür wird nun ein Pfad im Graphen von rechts unten nach links oben gesucht, der minimale Kosten verursacht.
- Gestartet wird in der rechten unteren Ecke.
- Als Vorgängerknoten wird nun der Knoten gewählt, der zuvor als Sieger bei der Minimum-Bildung hervorging. (Liefern mehrere Knoten die gleichen minimalen Kosten, kann einer davon frei gewählt werden. Meist geht man hier in einer vorher fest vorgegeben Reihenfolge bei Unentschieden vor, z.B. Insertion vor Substitution vor Deletion.)
- So verfährt man nun immer weiter, bis man in der linken oberen Ecke ankommt.

# Needleman-Wunsch-Algorithmus: Beispiel



Match = 0, Indel = 2, Subst = 3

Skizze: Pfad im Edit-Graphen zur Bestimmung des Alignments

# Needleman-Wunsch-Algorithmus: Beispiel

Nun kann man das optimale Alignment für  $s$  und  $t$  angeben.  
Dieses muss nur noch aus dem Edit-Graphen (entlang des gefundenen Pfades) abgelesen werden:

|       |   |   |   |   |   |   |   |   |
|-------|---|---|---|---|---|---|---|---|
| $s :$ | A | - | - | G | G | C | T | G |
| $t :$ | A | C | C | G | G | - | T | A |

Beispiel: Optimales globales Alignment von  $s$  mit  $t$

# Needleman-Wunsch-Algorithmus

## Theorem

Das optimale globale paarweise Sequenzen-Alignment für  $s$  und  $t$  mit  $n = |s|$  und  $m = |t|$  sowie die zugehörige Alignment-Distanz lassen sich mit dem Prinzip der **Dynamischen Programmierung** in Zeit  $O(nm)$  und mit Platz  $O(nm)$  berechnen.

# Datenkompression

Problem:

- Dateien enthalten oft viel Redundanz (z.B. Wiederholungen) und nehmen mehr Speicherplatz ein als erforderlich
- ⇒ mit Wissen über die Struktur der Daten und Informationen über die Häufigkeit von Zeichen bzw. Wörtern kann man die Datei so kodieren, dass sie weniger Platz benötigt (**Kompression**)

# Präfixcodes

## Definition

Ein **Präfixcode** (auch *präfixfreier Code*) ist ein Code, bei dem kein Codewort ein Präfix eines anderen Codeworts ist  
(kein Codewort taucht als Anfang eines anderen Codeworts auf).

Vorteil:

- ⇒ wenn man den codierten Text von vorn abläuft, merkt man sofort, wenn das aktuelle Codewort zu Ende ist
- bei einem Code, der die Präfix-Eigenschaft nicht erfüllt, wird u.U. erst an einer späteren Position klar, welches Codewort weiter vorn im Text gemeint war oder evt. ist die Dekodierung mehrdeutig

# Präfixcodes

Beispiele:

- Der Code  $\{a \mapsto 0, b \mapsto 01, c \mapsto 10\}$  ist **kein** Präfixcode, weil das Codewort für  $a$  als Präfix des Codeworts für  $b$  auftaucht.

So wäre z.B. unklar, ob **010** für ***ac*** oder für ***ba*** steht.

Für **0110** wäre zwar am Ende des Codes klar, dass dieser nur für ***bc*** stehen kann, allerdings wäre nach dem Ablauen der ersten 0 noch nicht klar, ob diese für  $a$  steht, oder den Anfang des Codes für  $b$  darstellt. Das sieht man erst, nach dem man die folgenden 11 gesehen hat.

- Der Code  $\{a \mapsto 0, b \mapsto 10, c \mapsto 11\}$  ist ein Präfixcode, weil kein Codewort als Präfix eines anderen Codeworts auftaucht.

# Optimale Kodierung

Eingabe:

- Wahrscheinlichkeitsverteilung  $p$  auf Alphabet  $A$

Ausgabe:

- optimaler Präfixcode

$$f : A \mapsto \{0, 1\}^*$$

für die Kodierung von  $A$  bei Verteilung  $p$ , d.h.  
minimale erwartete Codelänge pro Eingabezeichen:

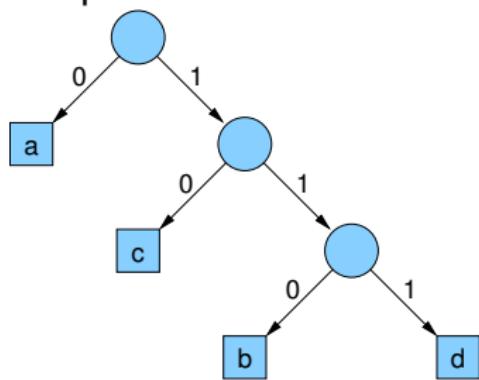
$$\sum_{x \in A} |f(x)| \cdot p(x)$$

# Baumdarstellung

Beobachtung:

- Präfixcodes lassen sich als **Baum** darstellen
- Baumkanten sind mit Zeichen des Codes beschriftet  
(hier Bits 0 und 1, also Binärbaum)
- an den **Blättern** stehen die kodierten Zeichen aus A

Beispiel:



Alphabet:  $A = \{a, b, c, d\}$

Kodierung:

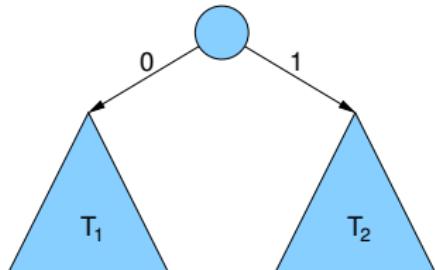
- $f(a) = 0$
- $f(b) = 110$
- $f(c) = 10$
- $f(d) = 111$

# Huffman Code

Huffman Code: optimale Kodierung

Strategie:

- anfangs ist jedes Zeichen in  $A$  ein Baum für sich  
(also Wald aus  $|A|$  Bäumen)
- Wiederhole bis nur noch ein Baum übrig ist
  - ▶ bestimme 2 Bäume  $T_1$  und  $T_2$  mit kleinster Summe ihrer Zeichenwahrscheinlichkeiten  $\sum_{a \in T_{1/2}} p(a)$
  - ▶ verbinde  $T_1$  und  $T_2$  zu neuem Baum



# Huffman Code / Beispiel

| Zeichen $x \in A$         | a    | b   | c   | d   | -    |
|---------------------------|------|-----|-----|-----|------|
| Wahrscheinlichkeit $p(x)$ | 0,35 | 0,1 | 0,2 | 0,2 | 0,15 |

