Esercizi svolti di Progettazione di algoritmi Facoltà di Ingegneria dell'informazione, informatica e statistica Dipartimento di informatica Anno Accademico 2022-2023

### **Esercitazione 6**





# Es 1. Un albero minimo di copertura non contiene mai l'arco pesante di un qualche ciclo

#### **Testo**

Sia e un arco di peso massimo su un ciclo del grafo connesso G = (V,E). Dimostrare che esiste un minimo albero di copertura di  $G' = (V,E-\{e\})$  che è anche un minimo albero di copertura di G. Ovvero, esiste un minimo albero di copertura di G che non include G.



# Es 1. Un albero minimo di copertura non contiene mai l'arco pesante di un qualche ciclo

#### Soluzione

Sia A un qualsiasi taglio che fa sì che alcuni nodi del ciclo si trovino su un lato del taglio e alcuni nodi del ciclo sull'altro. Per uno qualsiasi di questi tagli, sappiamo che l'arco e non è un arco leggero per questo taglio. Dal momento che tutti gli altri tagli non avranno l'arco e che lo attraversa, non avremo nemmeno che l'arco è leggero per nessuno di questi tagli.



#### **Testo**

Scrivere una funzione che calcola il cammino minimo in un grafo con archi gialli (costo 0) e rossi (costo 1). La funzione prende in input il grafo e il nodo di partenza per il cammino minimo, e restituisce il costo minimo del cammino dal nodo di partenza a ogni altro nodo.



#### Idea

Poiché gli archi gialli hanno costo zero, è sempre conveniente scegliere un arco giallo piuttosto che un arco rosso. Pertanto, un cammino minimo in questo tipo di grafo sarà sempre costituito esclusivamente da archi gialli.

Se non esiste un cammino solo con archi gialli, allora il cammino minimo dovrà includere anche alcuni archi rossi. In questo caso, l'obiettivo sarà quello di minimizzare il numero di archi rossi necessari per raggiungere la destinazione.



#### Soluzione

```
import heapq
def dijkstra(graph, start):
 distances = {node: float('inf') for node in graph}
 distances[start] = 0
 heap = [(0, start)]
 while heap:
   (distance, current node) = heapq.heappop(heap)
   if distance > distances[current node]:
     continue
   for neighbor, cost in graph[current node].items():
     if cost == 0:
        new distance = distance
     else: # Se l'arco è rosso (costo 1)
        new distance = distance + cost
     if new distance < distances[neighbor]:</pre>
        distances[neighbor] = new distance
        heapq.heappush(heap, (new distance, neighbor))
 return distances
```



#### **Esecuzione**

```
graph = {
   'A': {'B': 1, 'C': 1, 'D': 0},
   'B': {'A': 1, 'C': 0},
   'C': {'A': 1, 'B': 0},
   'D': {'A': 0}
}
dijkstra(graph, 'C') -> {'A': 1, 'B': 0, 'C': 0, 'D': 1}
```



#### **Testo**

Un grafo diretto G=(V,E) è semi-connesso se  $u \rightarrow v$  implica che G contiene al massimo un percorso semplice da u a v per tutti i vertici  $u,v \in V$ . Fornite un algoritmo efficiente per determinare se un grafo diretto è semi-connesso o meno.



#### Idea

Questo può essere fatto in tempo O(|V||E|). Per farlo, si esegue prima un ordinamento topologico dei vertici. Poi, per ogni vertice, si avrà un elenco dei suoi antenati in-degree 0. Si calcolano questi elenchi per ogni nodo nell'ordine che parte da quelli precedenti dal punto di vista topologico.

Se un vertice ha lo stesso grado 0 nelle liste di due dei suoi genitori immediati, sappiamo che il grafo non è singolarmente connesso. Se invece, a ogni passo, tutti i genitori hanno come antenati insiemi disgiunti di vertici di grado 0, il grafo è singolarmente connesso. Poiché, per ogni vertice, la quantità di tempo richiesta è limitata dal numero di vertici moltiplicato per l'in-degree di quel particolare vertice, il tempo di esecuzione totale è limitato da O(|V||E|).



#### **Soluzione**

```
from collections import defaultdict
def is singly connected(graph):
 # 1. Ordinamento topologico
 topo order = topological sort(graph)
 # 2. Dizionario degli antenati in-degree 0
 ancestors = defaultdict(set)
 # 3. Calcolo degli antenati in-degree 0 per ogni vertice
 visited = set()
 for v in topo order:
    ancestors v = set()
   for p in graph[v]["parents"]:
      if p not in visited:
        visited |= set(find zero indegree ancestors(p, graph, visited, ancestors))
      ancestors v |= ancestors[p]
    if any(ancestors v & ancestors[p] for p in graph[v]["parents"]):
      return False # Grafo non singolarmente connesso
   visited.add(v)
    ancestors[v] = ancestors v
 # 4. Controllo se tutti i vertici sono stati visitati
 return len(visited) == len(graph)
```

```
def topological sort(graph):
 in degree = {v: 0 for v in graph}
 for v in graph:
   for p in graph[v]["parents"]:
     in degree[p] += 1
 queue = [v \text{ for } v \text{ in graph if in degree}[v] == 0]
 topo order = []
 while queue:
   v = queue.pop(0)
   topo order.append(v)
   for c in graph[v]["children"]:
     in degree[c] -= 1
     if in degree[c] == 0:
        queue.append(c)
 return topo order
def find zero indegree ancestors(v, graph, visited, ancestors):
 if v in visited:
   return []
 visited.add(v)
 ancestors v = set()
 for p in graph[v]["parents"]:
   visited |= set(find_zero_indegree_ancestors(p, graph, visited, ancestors))
   ancestors v |= ancestors[p]
 if graph[v]["in_degree"] == 0:
   ancestors v.add(v)
 ancestors[v] = ancestors v
 return ancestors_v
```



#### **Esecuzione**

```
graph = {
   "A": {"parents": [], "children": ["B", "C"], "in_degree": 0},
   "B": {"parents": ["A"], "children": ["D"], "in_degree": 1},
   "C": {"parents": ["A"], "children": ["D"], "in_degree": 1},
   "D": {"parents": ["B", "C"], "children": [], "in_degree": 2}
}
is_singly_connected(graph) -> False
```



#### **Testo**

Date due matrici ordinate di dimensione m e n rispettivamente, il compito è quello di trovare l'elemento che si trova nella posizione k della matrice ordinata finale.



### Idea O(m+n)

Dato che abbiamo due array ordinati, possiamo usare la tecnica dell'unione per ottenere l'array finale unito. A partire da questo, si passa semplicemente all'indice k.



### Soluzione O(m+n)

```
def kth(arr1, arr2, len arr1, len arr2, k):
 sorted arr = [0] * (len arr1 + len arr2)
                                                      while (i < len arr1):
 i, j, d = 0, 0, 0
                                                        sorted arr[d] = arr1[i]
 while (i < len arr1 and j < len arr2):
                                                        d += 1
    if (arr1[i] < arr2[j]):
                                                        i += 1
      sorted arr[d] = arr1[i]
                                                      while (j < len arr2):
      i += 1
                                                        sorted arr[d] = arr2[i]
    else:
                                                        d += 1
      sorted arr[d] = arr2[i]
                                                        i += 1
      i += 1
                                                      return sorted arr[k - 1]
    d += 1
```



### **Esecuzione O(m+n)**

```
arr1 = [2, 3, 6, 7, 9]

arr2 = [1, 4, 8, 10]

len_arr1 = 5

len_arr2 = 4

k = 5

kth(arr1, arr2, len_arr1, len_arr2, k) -> 6
```



### Idea $O(\log m + \log n)$

Se il metodo precedente funziona, possiamo rendere il nostro algoritmo più efficiente? La risposta è sì. Utilizzando un approccio divide et impera, simile a quello usato nella ricerca binaria, possiamo cercare di trovare il kesimo elemento in modo più efficiente.

Confrontiamo gli elementi centrali degli array arr1 e arr2, chiamiamo questi indici rispettivamente mid1 e mid2. Supponiamo che arr1[mid1] > arr2[mid2], quindi chiaramente gli elementi dopo mid2 non possono essere l'elemento richiesto. Impostiamo che l'ultimo elemento di arr2 sia arr2[mid2].

In questo modo, si definisce un nuovo sottoproblema con la metà delle dimensioni di uno degli array.



### Soluzione O(log m + log n)

```
def kth(arr1, arr2, len_arr1, len_arr2, k):
 if len arr1 == 1 or len arr2 == 1:
                                                 mid1 = (len arr1 - 1)//2
   if len arr2 == 1:
                                                 mid2 = (len arr2 - 1)//2
      arr2, arr1 = arr1, arr2
                                                 if mid1+mid2+1 < k:
      len arr2 = len arr1
                                                   if arr1[mid1] < arr2[mid2]:</pre>
   if k == 1:
                                                      return kth(arr1[mid1 + 1:], arr2, len arr1 - mid1 - 1, len arr2, k - mid1 - 1)
      return min(arr1[0], arr2[0])
                                                   else:
   elif k == len arr2 + 1:
                                                      return kth(arr1, arr2[mid2 + 1:], len arr1, len arr2 - mid2 - 1, k - mid2 - 1)
      return max(arr1[0], arr2[0])
                                                 else:
   else:
                                                   if arr1[mid1] < arr2[mid2]:</pre>
      if arr2[k - 1] < arr1[0]:
                                                      return kth(arr1, arr2[:mid2 + 1], len arr1, mid2 + 1, k)
        return arr2[k - 1]
                                                   else:
      else:
                                                      return kth(arr1[:mid1 + 1], arr2, mid1 + 1, len arr2, k)
        return max(arr1[0], arr2[k - 2])
```



### Esecuzione O(log m + log n)

```
arr1 = [2, 3, 6, 7, 9]

arr2 = [1, 4, 8, 10]

len_arr1 = 5

len_arr2 = 4

k = 5

kth(arr1, arr2, len_arr1, len_arr2, k) -> 6
```