# **ALGORYTMY I STRUKTURY DANYCH**

## Spis treści

1.		Program komputerowy	3
2.		Rekurencja a iteracja	4
3.		Algorytm	. 4
4.		Ciąg Fibonacciego	. 4
5.		Tribanacji	5
6.		Przykłady algorytmów	5
	a.	Algorytm Euklidesa	5
	b.	Min-Max	. 6
	c.	Algorytmy sortujące	. 7
		Stabilne	7
		Niestabilne	11
7.		Asymptotyczne tempo wzrostu	13
8.		Metody obliczania rekurensji	14
9.		Drzewa binarne	15
	a.	Przechodzenie drzew BFS/DFS	15
	b.	Drzewo poszukiwań binarnych – BST	15
	c.	Kopiec	15
10	).	Algorytmy grafowe	15
	a.	Graf	15
	b.	Wzór Eulera	15
	c.	Graf: pełny, zerowy, skierowany i nieskierowany	15
	d.	Macierz sąsiedztwa	15
	e.	Kolejka	15
	f.	Przeszukiwanie wszerz BFS	16
	g.	Przeszukiwanie w głąb DFS	20
	h.	Algorytm Bellmana-Forda	24
	i.	Algorytm DIJKSTRY	29
		The state of the s	22

### 1. Program komputerowy

Jest to sekwencja symboli opisująca realizowanie obliczeń zgodnie z pewnymi regułami zwanymi językiem programowania. Program jest zazwyczaj wykonywany przez komputer, zwykle bezpośrednio, jeśli wyrażony jest w języku zrozumiałym dla danej maszyny lub pośrednio – gdy jest interpretowany przez inny program . Formalne wyrażenie metody obliczeniowej w postaci języka zrozumiałego dla człowieka nazywane jest kodem źródłowym, podczas gdy program wyrażony w postaci zrozumiałej dla maszyny nazywany jest kodem maszynowym bądź postacią binarną. Programy komputerowe można zaklasyfikować według ich zastosowań. Wyróżnia się zatem aplikacje użytkowe, systemy operacyjne, programy narzędziowe, gry wideo, kompilatory i inne. Natomiast programy wbudowane w urządzenia, przechowywane zwykle w pamięci flash, określa się jako firmware.

Kod źródłowy – zapis programu komputerowego przy pomocy określonego języka programowania, opisujący operacje jakie powinien wykonać komputer na zgromadzonych lub otrzymanych danych. Kod źródłowy jest wynikiem pracy programisty i pozwala wyrazić w czytelnej dla człowieka formie strukturę oraz działanie programu komputerowego. Przed wykonaniem kod źródłowy musi zostać poddany translacji na kod wynikowy, w procesie zwanym kompilacją. Polega on na konwersji kodu do postaci kodu wynikowego, najczęściej kodu maszynowego, jako jedynego możliwego do wykonania przez procesor.

Kod maszynowy (język maszyny) - to postać programu komputerowego (zwana postacią wykonywalną lub binarną) przeznaczona do bezpośredniego lub prawie bezpośredniego wykonania przez procesor. Jest ona dopasowana do konkretnego typu procesora i wyrażona w postaci rozumianych przez niego kodów rozkazów i ich argumentów. Jest to postać trudna do bezpośredniej analizy przez człowieka, dlatego, by ułatwić sobie zadanie, używa się monitorów kodu maszynowego (program komputerowy służący do nadzoru nad stanem lub czynnościami wykonywanymi przez komputer) lub deasemblerów (program komputerowy, który tłumaczy język maszynowy lub kod bajtowy na język asemblera). Kod maszynowy może być generowany w procesie kompilacji (w przypadku języków wysokiego poziomu) lub asemblacji (w przypadku języków niskiego poziomu). W trakcie procesu generowania kodu maszynowego często tworzony jest przenośny kod pośredni zapisywany w pliku obiektowym. Następnie kod ten pobrany z pliku obiektowego poddawany jest konsolidacji (linkowaniu) z kodem w innych plikach, w celu utworzenia ostatecznej postaci kodu maszynowego, który będzie zapisany w pliku wykonywalnym.

#### 2. Rekurencja a iteracja

Rekurencja jest techniką programowania, dzięki której procedura, funkcja lub podprogram jest w stanie w swoim ciele wywołać sam siebie. Trudno w to uwierzyć, ale niektóre "stare" języki programowania nie udostępniały możliwości wywołań rekurencyjnych. Po co nam jest rekurencja? Przede wszystkim dzięki niej łatwo jest wykonać wiele zadań, w których potrzeba jest wyników cząstkowych do obliczenia całości. Sztandarowym przykładem w zagadnieniu rekurencji jest liczenie silni (n!), lub nieco bardziej zaawansowany przykład liczenia n-tej wartości w ciągu Fibonacciego.

Iteracja (łac. iteratio) to czynność powtarzania (najczęściej wielokrotnego) tej samej instrukcji (albo wielu instrukcji) w pętli. Mianem iteracji określa się także operacje wykonywane wewnątrz takiej pętli. W odróżnieniu od rekurencji, która działa "od góry", iteracja do obliczenia n+1-szej wartości wykorzystuje poprzednią, n-tą iterację. Rekurencja dla obliczenia n-tej wartości potrzebowała zejścia aż do pierwszej wartości. W większości języków programowania istnieje co najmniej kilka instrukcji iteracyjnych. Najważniejsze z nich to instrukcje FOR, WHILE i REPEAT (w języku C DO-WHILE).

## 3. Algorytm

Jest to skończony ciąg jasno zdefiniowanych czynności koniecznych do wykonania pewnego rodzaju zadań, sposób postępowania prowadzący do rozwiązania problemu.

## 4. Ciąg Fibonacciego

Ciąg Fibonacciego – ciąg liczb naturalnych określony rekurencyjnie w sposób następujący:

Pierwszy wyraz jest równy 0, drugi jest równy 1, każdy następny jest sumą dwóch poprzednich.

Formalnie:

$$F_n := \left\{ egin{array}{ll} 0 & ext{dla } n = 0; \ 1 & ext{dla } n = 1; \ F_{n-1} + F_{n-2} & ext{dla } n > 1. \end{array} 
ight.$$

Kolejne wyrazy tego ciągu nazywane są liczbami Fibonacciego. Zaliczanie zera do elementów ciągu Fibonacciego zależy od umowy – część autorów definiuje ciąg od  $F_1 = F_2 = 1$ 

Pierwsze dwadzieścia wyrazów ciągu Fibonacciego to:

F <sub>0</sub>	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>	$F_4$	<b>F</b> <sub>5</sub>	F <sub>6</sub>	<b>F</b> <sub>7</sub>	F <sub>8</sub>	F <sub>9</sub>	F <sub>10</sub>	F <sub>11</sub>	F <sub>12</sub>	F <sub>13</sub>	F <sub>14</sub>	F <sub>15</sub>	F <sub>16</sub>	F <sub>17</sub>	F <sub>18</sub>	F <sub>19</sub>
0	1	1	2	3	5	8	13	21	34	55	89	144	233	277	610	987	1597	2584	4181

#### **Obliczanie liczby Fibonacciego**

Teoretycznie wartości kolejnych wyrazów ciągu Fibonacciego mogą być obliczone wprost z definicji, jest to jednak metoda na tyle wolna, że stosowanie jej ma tylko sens dla niewielu początkowych wyrazów ciągu, nawet na bardzo szybkich komputerach. Wynika to z tego, że definicja  $\mathbf{F}_n$  wielokrotnie odwołuje się do wartości poprzednich wyrazów ciągów. Drzewo wywołań takiego algorytmu dla parametru  $\mathbf{n}$  musi mieć co najmniej  $\mathbf{F}_n$  liści o wartości 1. Ponieważ ciąg Fibonacciego rośnie wykładniczo, oznacza to wyjątkowo słabą wydajność.

Istnieje równie prosta i znacznie szybsza metoda. Obliczamy wartości ciągu po kolei:  $\mathbf{F_0}$ ,  $\mathbf{F_1}$ ,  $\mathbf{F_2}$  i tak aż do  $\mathbf{F_n}$  za każdym razem korzystając z tego, co już obliczyliśmy. Nie trzeba nawet zapamiętywać wszystkich obliczonych dotychczas wartości, ponieważ wystarczą dwie ostatnie. Daje to złożoność liniową – o wiele lepszą od wykładniczej złożoności poprzedniej metody. Metoda ta może być postrzegana jako zastosowanie programowania dynamicznego.

```
Fibonacci( n )

if n=0 then return 0

if n=1 then return 1

f' \leftarrow 0

f \leftarrow 1

for i \leftarrow 2 to n

do

m \leftarrow f + f'

f' \leftarrow f

f \leftarrow m

end

return (f)
```

## 5. Tribanacji

## 6. Przykłady algorytmów

## a. Algorytm Euklidesa

Algorytm Euklidesa – algorytm wyznaczania największego wspólnego dzielnika dwóch liczb. Został opisany przez greckiego matematyka, Euklidesa w jego dziele "Elementy", w księgach siódmej oraz dziesiątej. Najprostsza wersja algorytmu rozpoczyna się od wybrania dwóch liczb naturalnych, dla których należy wyznaczyć największy wspólny dzielnik. Następnie z tych dwóch liczb tworzymy nową parę: pierwszą z liczb jest liczba mniejsza, natomiast drugą jest różnica liczby większej i mniejszej. Proces ten jest powtarzany aż obie liczby będą sobie równe – wartość tych liczb to największy wspólny dzielnik wszystkich par liczb wcześniej

wyznaczonych. Wadą tej wersji algorytmu jest duża liczba operacji odejmowania, które należy wykonać w przypadku, gdy różnica pomiędzy liczbami z pary jest znacząca. Operacja odejmowania mniejszej liczby od większej może zostać zastąpiona przez wyznaczanie reszty z dzielenia. W tej wersji nowa para liczb składa się z mniejszej liczby oraz reszty z dzielenia większej przez mniejszą. Algorytm kończy się w momencie, w którym jedna z liczb jest równa zero – druga jest wtedy największym wspólnym dzielnikiem.

```
int_Euklides (a,b)  while (b \neq 0) do \\ r \leftarrow a \mod b \\ a \leftarrow b \\ b \leftarrow r \}   return(a)   r_Euklides (a,b) \\  if ( b = 0 ) return (a) \\  return (r_Euklides (b,a mod (b) ))
```

#### b. Min-Max

**Minimax** (czasami minmax) – metoda minimalizowania maksymalnych możliwych strat. Alternatywnie można je traktować jako maksymalizację minimalnego zysku (maximin). Wywodzi się to z teorii gry o sumie zerowej, obejmujących oba przypadki, zarówno ten, gdzie gracze wykonują ruchy naprzemiennie, jak i ten, gdzie wykonują ruchy jednocześnie. Zostało to również rozszerzone na bardziej skomplikowane gry i ogólne podejmowanie decyzji w obecności niepewności.

```
min_max (A, n)
          if (n \mod 2 = 1)
                    A[n] \leftarrow A[n-1]
          min ← -∞
          max \leftarrow \infty
          for(i \leftarrow 0; i < n; i+=2)
                    if(A[i] > A[i+1])
                              if(A[i] > max)
                                         max \leftarrow A[i]
                              if(A[i+1]<min)
                                         min \leftarrow A[i+1]
                    else
                              if(A[i] > min)
                                         min \leftarrow A[i]
                              if(A[i+1] < max)
                                         max \leftarrow A[i+1]
          return (min, max)
```

#### c. Algorytmy sortujące

#### Stabilne

→ Bąbelkowe (ang. bubble sort) – prosta metoda sortowania o złożoności czasowej O(n²) i pamięciowej O(1). Polega na porównywaniu dwóch kolejnych elementów i zamianie ich kolejności, jeżeli zaburza ona porządek, w jakim się sortuje tablicę. Sortowanie kończy się, gdy podczas kolejnego przejścia nie dokonano żadnej zmiany.

```
BubbleSort( N, B[]) for(i \leftarrow 1; i < N; i++) \\ for(j \leftarrow 1; j \le N-i; j++) \\ if(B[j] > B[j+1]) \\ t \leftarrow B[j] \\ B[j] \leftarrow B[j+1] \\ B[j+1] \leftarrow t return(B[])
```

- → Przez wstawianie (ang. Insert Sort, Insertion Sort) jeden z najprostszych algorytmów sortowania, którego zasada działania odzwierciedla sposób w jaki ludzie ustawiają karty kolejne elementy wejściowe są ustawiane na odpowiednie miejsca docelowe. Jest efektywny dla niewielkiej liczby elementów, jego złożoność wynosi O(n2). Pomimo tego, że jest znacznie mniej wydajny od algorytmów takich jak quicksort czy heapsort, posiada pewne zalety:
  - liczba wykonanych porównań jest zależna od liczby inwersji w permutacji, dlatego algorytm jest wydajny dla danych wstępnie posortowanych,
  - jest wydajny dla zbiorów o niewielkiej liczebności,
  - jest stabilny.

Istnieje modyfikacja algorytmu, pozwalająca zmniejszyć liczbę porównań. Zamiast za każdym razem iterować po już posortowanym fragmencie (etap wstawiania elementu), można posłużyć się wyszukiwaniem binarnym. Pozwala to zmniejszyć liczbę porównań do **O(nlogn)**, nie zmienia się jednak złożoność algorytmu, ponieważ liczba przesunięć elementów to nadal **O(n2)**.

```
InsertSort( A[], n){
for (i \leftarrow 1; i < n; i + +)
min \leftarrow A[i]
k \leftarrow i
for(j \leftarrow i + 1; j \le n; j + +)
if(A[j] < min)
min \leftarrow A[j]
k \leftarrow j
t \leftarrow A[i]
A[i] \leftarrow A[k]
A[k] \leftarrow t
return (A[])
```

→ Przez scalanie (ang. merge sort) – rekurencyjny algorytm sortowania danych, stosujący metodę dziel i zwyciężaj. Odkrycie algorytmu przypisuje się Johnowi von Neumannowi.

```
MergeSort(A,left,mid,right)
         i ← left
         j \leftarrow mid+1 //mid \rightarrow srodek
          k ←1
          while (i \le mid \& j \ge right)
                    if(A[i] < A[j])
                               B[k++] \leftarrow A[i++]
                    else
                               B[k++] \leftarrow A[j++]
          while( i \le mid)
                    B[k++] \leftarrow A[i++]
          while(j \le right)
                    B[k++] \leftarrow A[j++]
          i \leftarrow left
         j ←1
          while (i \le mid)
                    A[i++] \leftarrow B[j++]
          return (A[])
```

→ Przez zliczanie (ang. counting sort) – metoda sortowania danych, która polega na sprawdzeniu ile wystąpień kluczy mniejszych od danego występuje w sortowanej tablicy. Algorytm zakłada, że klucze elementów należą do skończonego zbioru (np. są to liczby całkowite z przedziału 0..100), co ogranicza możliwości jego zastosowania.

Algorytm sortowania przez zliczanie zbudowany jest z kolejno następujących po sobie pętli iteracyjnych:

- W pętli nr 1 przygotowujemy liczniki wystąpień poszczególnych kluczy. Ustawiamy je na 0.
- W pętli nr 2 przeglądamy kolejne elementy zbioru zwiększając o 1 licznik o numerze równym wartości klucza w sortowanym elemencie zbioru. Po zakończeniu tej pętli w licznikach mamy ilość wystąpień poszczególnych kluczy.
- W pętli nr 3 przekształcamy zliczone wartości wystąpień kluczy na ostatnie pozycje elementów z danym kluczem w zbiorze wyjściowym.
- W pętli nr 4 ponownie przeglądamy zbiór wejściowy (idąc od końca do początku, aby zachować kolejność elementów równych inaczej algorytm nie byłby stabilny) i przesyłamy elementy ze zbioru wejściowego do zbioru wyjściowego na pozycję o numerze zawartym w liczniku skojarzonym z kluczem elementu. Po przesłaniu licznik zmniejszamy o 1, aby kolejny element o tej samej wartości klucza trafił na poprzednią pozycję (idziemy wstecz, zatem kolejność elementów o tym samym kluczu zostanie zachowana). Po zakończeniu tej pętli dane w zbiorze wynikowym są posortowane rosnąco. Kończymy zatem algorytm.

```
\begin{aligned} &\text{CountingSort( A, n, min, max )} \\ &\text{for ( } i \leftarrow \text{min; } i \leq \text{max; } i\text{++} \text{ )} \\ & & & & & & & & \\ & & & & & & & \\ & & & & & & & \\ & & & & & & \\ & & & & & & \\ & & & & & \\ & & & & & \\ & & & & & \\ & & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & \\ & & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & & \\
```

→ Kubełkowe (ang. bucket sort) – jeden z algorytmów sortowania, najczęściej stosowany, gdy liczby w zadanym przedziale są rozłożone jednostajnie, ma on wówczas złożoność Θ(n). W przypadku ogólnym pesymistyczna złożoność obliczeniowa tego algorytmu wynosi O(n).Pomysł takiego sortowania podali po raz pierwszy w roku 1956 E. J. Issac i R. C. Singleton.

Algorytm realizujemy w czterech pętlach.

- W pętli nr 1 zerujemy kolejne liczniki lw[].
- W pętli nr 2 przeglądamy kolejne elementy zbioru od pierwszego do ostatniego. Dla każdego elementu zwiększamy licznik o numerze równym wartości elementu. Po zakończeniu tej pętli liczniki zawierają liczbę wystąpień poszczególnych wartości elementów w sortowanym zbiorze. Zmienna j służy do umieszczania w zbiorze

- wyjściowym kolejnych elementów. Umieszczanie rozpoczniemy od początku zbioru, dlatego zmienne ta przyjmuje wartość 1.
- W pętli nr 3 przeglądamy kolejne liczniki. Jeśli zawartość danego licznika jest większa od zera, to pętla nr 4 umieści w zbiorze wyjściowym odpowiednią ilość numerów licznika, które odpowiadają zliczonym wartościom elementów ze zbioru wejściowego.

Po zakończeniu pętli nr 3 elementy w zbiorze wyjściowym są posortowane.

→ **Pozycyjne** (ang. radix sort) to algorytm sortowania porządkujący stabilnie ciągi wartości (liczb, słów) względem konkretnych cyfr, znaków itp, kolejno od najmniej znaczących do najbardziej znaczących pozycji. Złożoność obliczeniowa jest równa O(d(n+k)), gdzie k to liczba różnych cyfr, a d liczba cyfr w kluczach. Wymaga **O(n+k)** dodatkowej pamięci. Przewagą sortowania pozycyjnego nad innymi metodami jest fakt, iż nie wykonuje ono żadnych operacji porównania na danych wejściowych. Załóżmy że mamy dużą liczbę bardzo długich liczb, bardzo do siebie podobnych – w tym sensie, że większość z nich ma takie same cyfry na początkowych pozycjach. Nie jest łatwo powiedzieć która jest większa, gdyż za każdym razem musimy porównać dużo cyfr zanim trafimy na różnicę. Czas porównania takich liczb jest zatem proporcjonalny do ich długości. Gdybyśmy do posortowania tych liczb zastosowali algorytm porównujący liczby, np. sortowanie szybkie, otrzymalibyśmy dla niego złożoność **O(dn log n)** gdzie **d** to liczba cyfr w liczbach. Algorytmy pozycyjne sprawdzają się także w roli algorytmów sortujących listy.

```
RadixSort(A, n, max)
          for(m \leftarrow 1, m \leq max; m <<=1)
                      L0 \leftarrow 0
                     L1 \leftarrow 1
                      for(i \leftarrow 1; i \le n; i ++)
                                 if( A[i] and m \neq 0)
                                             L1 ← L1+1
                                 else L0 \leftarrow L0+1
                      L1 \leftarrow L1 + L0
                      for (i \leftarrow n; i \ge 1; i--)
                                 if(A[i] and m \neq 0)
                                             B[L1] \leftarrow A[i]
                                             L1 \leftarrow L1 -1
                                 else
                                             B[LO] \leftarrow A[i]
                                             L0 \leftarrow L0 - 1
                      m <<= 1 //przesunięcie m o jeden bit w lewo
                      L0 \leftarrow 0
                      L1 \leftarrow 1
                      for(i \leftarrow 1; i \le n; i ++)
                                 if( B[i] and m \neq 0)
                                             L1 \leftarrow L1+1
                                 else L0 \leftarrow L0+1
                      L1 \leftarrow L1 + L0
                      for(i \leftarrow n; i \ge 1; i--)
                                 if(B[i] and m \neq 0)
                                             A[L1] \leftarrow B[i]
                                             L1 ← L1 -1
                                 else
                                             A[LO] \leftarrow B[i]
                                             L0 \leftarrow L0 - 1
          return (A[])
```

→ Biblioteczne (ang. Library sort) – algorytm sortowania, który bazuje na algorytmie sortowania przez wstawianie, ale z dodawaniem pustych miejsc w tablicy w celu przyspieszenia wstawiania elementów.

#### Niestabilne

→ Przez wybieranie - jedna z prostszych metod sortowania o złożoności O(n2). Polega na wyszukaniu elementu mającego się znaleźć na żądanej pozycji i zamianie miejscami z tym, który jest tam obecnie. Operacja jest wykonywana dla wszystkich indeksów sortowanej tablicy. Algorytm przedstawia się następująco:

- wyszukaj minimalną wartość z tablicy spośród elementów od i do końca tablicy zamień wartość minimalną,
- z elementem na pozycji i

Gdy zamiast wartości minimalnej wybierana będzie maksymalna, wówczas tablica będzie posortowana od największego do najmniejszego elementu. Algorytm jest niestabilny. Przykładowa lista to:  $[2a,2b,1] \rightarrow [1,2b,2a]$  (gdzie 2b=2a)

```
\begin{aligned} \text{SelectionSort}(A, n) \\ & \text{for}(\ j \leftarrow 1; \ j < n; \ j++) \\ & \text{min} \leftarrow j \\ & \text{for}(\ i \leftarrow j+1; \ i \leq n; \ i++) \\ & \quad if(A[i] < A[min]) \\ & \quad min \leftarrow i \\ & \quad t \leftarrow A[min] \\ & \quad A[min] \leftarrow A[j] \\ & \quad A[j] \leftarrow t \end{aligned}
```

→ Shella (ang. Shellsort) – jeden z algorytmów sortowania działających w miejscu i korzystających z porównań elementów. Można go traktować jako uogólnienie sortowania przez wstawianie lub sortowania bąbelkowego, dopuszczające porównania i zamiany elementów położonych daleko od siebie. Na początku sortuje on elementy tablicy położone daleko od siebie, a następnie stopniowo zmniejsza odstępy między sortowanymi elementami. Dzięki temu może je przenieść w docelowe położenie szybciej niż zwykłe sortowanie przez wstawianie. Pierwszą wersję tego algorytmu, której zawdzięcza on swoją nazwę, opublikował w 1959 roku Donald Shell. Złożoność czasowa sortowania Shella w dużej mierze zależy od użytego w nim ciągu odstępów. Wyznaczenie jej dla wielu stosowanych w praktyce wariantów tego algorytmu pozostaje problemem otwartym.

```
ShellSort(A, n) for(h \leftarrow 1; h \ge n; h \leftarrow 3h + 1)h \leftarrow h/9if(!h) h \leftarrow h + 1while (h)for(j \leftarrow n-h-1; j \ge 0; j--)x \leftarrow A[j]i \leftarrow j+hwhile((i < n) \text{ and } (x > A[i]))A[i-h] \leftarrow A[i]i \leftarrow i+hA[i-h] \leftarrow xh \leftarrow h/3return (A[])
```

- → Grzebieniowe
- → Szybkie (ang. quicksort) jeden z popularnych algorytmów sortowania działających na zasadzie "dziel i zwyciężaj". Sortowanie QuickSort zostało wynalezione w 1962 przez C.A.R. Hoare'a. Algorytm sortowania szybkiego jest wydajny: jego średnia złożoność obliczeniowa jest rzędu O(nlog n). Ze względu na szybkość i prostotę implementacji jest powszechnie używany. Jego implementacje znajdują się w bibliotekach standardowych wielu środowisk programowania.

#### Oznaczenia:

left – indeks pierwszego elementu w nieposortowanej tablicy right – indeks ostatniego elementu w nieposortowanej tablicy

```
QuickSort(A, left, right)
           i \leftarrow (left + right)/2
           piwot \leftarrow A[i]
           A[i] \leftarrow A[right]
          j ← left
           for ( i \leftarrow left; i < right; i++)
                      if (A[i] < piwot)
                                 t \leftarrow A[i]
                                 A[i] \leftarrow A[j]
                                 A[j] \leftarrow t
                                 j = j + 1
           A[right] \leftarrow A[j]
           A[j] \leftarrow piwot
           if ( left < j-1)
                      QuickSort(A, left, j-1)
           if (j+1 < right)
                      QuickSort(A, j+1, right)
           return (A[])
```

- → Introspektywne
- $\rightarrow$  Przez kopcowanie

## 7. Asymptotyczne tempo wzrostu

Asymptotyczne tempo wzrostu jest miarą określającą zachowanie wartości funkcji wraz ze wzrostem jej argumentów. Stosowane jest szczególnie często w teorii obliczeń, w celu opisu złożoności obliczeniowej, czyli zależności ilości potrzebnych zasobów (np. czasu lub pamięci) od rozmiaru danych wejściowych algorytmu. Asymptotyczne tempo wzrostu opisuje jak szybko dana funkcja rośnie lub maleje, abstrahując od konkretnej postaci tych zmian. Do opisu asymptotycznego tempa wzrostu stosuje się notację dużego **O** (omikron) oraz jej modyfikacje, m.in. notacja **Ω** (omega), **O** (theta). Notacja dużego **O** została zaproponowana po raz pierwszy w

roku 1894 przez niemieckiego matematyka Paula Bachmanna. W późniejszych latach spopularyzował ją w swoich pracach Edmund Landau, niemiecki matematyk, stąd czasem nazywana jest notacją Landaua.

## 8. Metody obliczania rekurensji

#### Czas działania programu

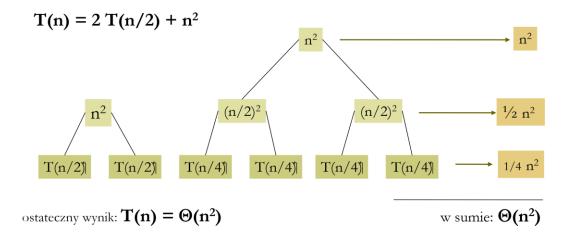
- Dla konkretnych danych wejściowych jest wyrażony liczba wykonanych prostych (elementarnych) operacji lub "kroków". Jest dogodne zrobienie założenia że operacja elementarna jest maszynowo niezależna. 2 Każde wykonanie i-tego wiersza programu jest równe ci, przy czym ci jest stałą. 2
- Kiedy algorytm zawiera rekurencyjne wywołanie samego siebie, jego czas działania można często opisać zależnością rekurencyjna (rekurencja) wyrażającą czas dla problemu rozmiaru n za pomocą czasu dla podproblemów mniejszych rozmiarów.
- Możemy wiec użyć narzędzi matematycznych aby rozwiązać rekurencje i w ten sposób otrzymać oszacowania czasu działania algorytmu.

#### Metody rozwiązywania rekurencji 2

- Metoda podstawiania: 2 zgadujemy oszacowanie, a następnie dowodzimy przez indukcję jego poprawność. 2
- Metoda iteracyjna: 2 przekształcamy rekurencję na sumę, korzystamy z technik ograniczania sum. 2
- Metoda uniwersalna:: ② stosujemy oszacowanie na rekurencję mające postać T(n) = a T(n/b) + f(n), gdzie a≥1, b>1, a f(n) jest daną funkcją.
- Drzewa rekursji

Pozwalają w dogodny sposób zilustrować rozwijanie rekurencji, jak również ułatwia tosowanie aparatu algebraicznego służącego do rozwiązywania tej rekurencji. Szczególnie użyteczne gdy rekurencja opisuje algorytm typu "dziel i zwyciężaj".

## Drzewo rekursji dla algorytmu "dziel i zwyciężaj



#### 9. Drzewa

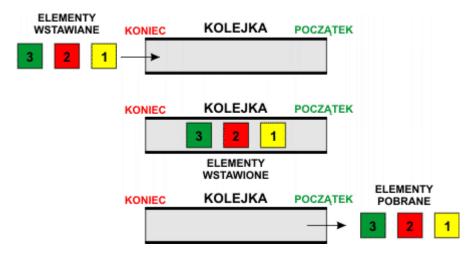
- a. Przechodzenie drzew BFS/DFS
- b. Drzewo poszukiwań binarnych BST
- c. Kopiec

## 10. Algorytmy grafowe

- a. Graf
- b. Wzór Eulera
- c. Graf: pełny, zerowy, skierowany i nieskierowany
- d. Macierz sąsiedztwa
- e. Kolejka

Kolejka (ang. queue) jest sekwencyjną strukturą danych, w której dostęp do elementów odbywa się w kolejności ich zapisu, czyli odwrotnie niż dla stosów. Kolejki posiadają mnóstwo zastosowań we współczesnej informatyce, począwszy od prostego buforowania danych, a skończywszy na zaawansowanych algorytmach grafowych. W systemach komputerowych kolejki są wykorzystywane do szeregowania zadań – np. typową kolejką jest kolejka zadań do drukowania, w której są zbierane kolejno dokumenty oczekujące na wydruk na drukarce. Kolejkę możemy

sobie wyobrazić jako tubę – elementy wstawiamy do tuby z jednej strony, po czym przesuwają się one wewnątrz i wychodzą z drugiej strony w tej samej kolejności, w jakiej zostały do tuby włożone.



Dla kolejki są zdefiniowane operacje:

- Sprawdzenie, czy kolejka jest pusta operacja empty zwraca true, jeśli kolejka nie zawiera żadnego elementu, w przeciwnym razie zwraca false.
- Odczyt elementu z początku kolejki operacja front zwraca wskazanie do elementu, który jest pierwszy w kolejce.
- Zapis elementu na koniec kolejki operacja push dopisuje nowy element na koniec elementów przechowywanych w kolejce.
- Usunięcie elementu z kolejki operacja pop usuwa z kolejki pierwszy element.

Jeśli porównasz te operacje z operacjami dostępnymi dla stosu, to okaże się, że obie te struktury są bardzo do siebie podobne. Różnią się jedynie kolejnością dostępu do elementów.

#### f. Przeszukiwanie wszerz BFS

Zaczynamy odwiedzanie od wierzchołka startowego. Następnie odwiedzamy wszystkich jego sąsiadów. Dalej odwiedzamy wszystkich nieodwiedzonych jeszcze sąsiadów sąsiadów. Itd.

#### Lista kroków:

#### Wejście:

v – numer wierzchołka startowego, v ε C

visited – wyzerowana tablica logiczna n elementowa z informacją o odwiedzonych wierzchołkach

graf – zadany w dowolnie wybrany sposób, algorytm tego nie precyzuje

#### Wyjście:

Przetworzenie wszystkich wierzchołków w grafie.

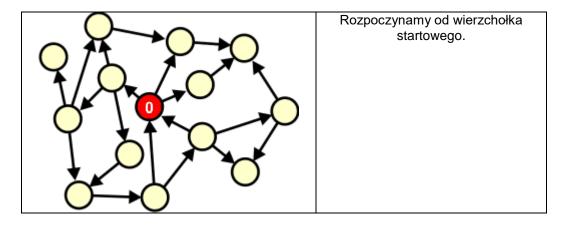
## **Elementy pomocnicze:**

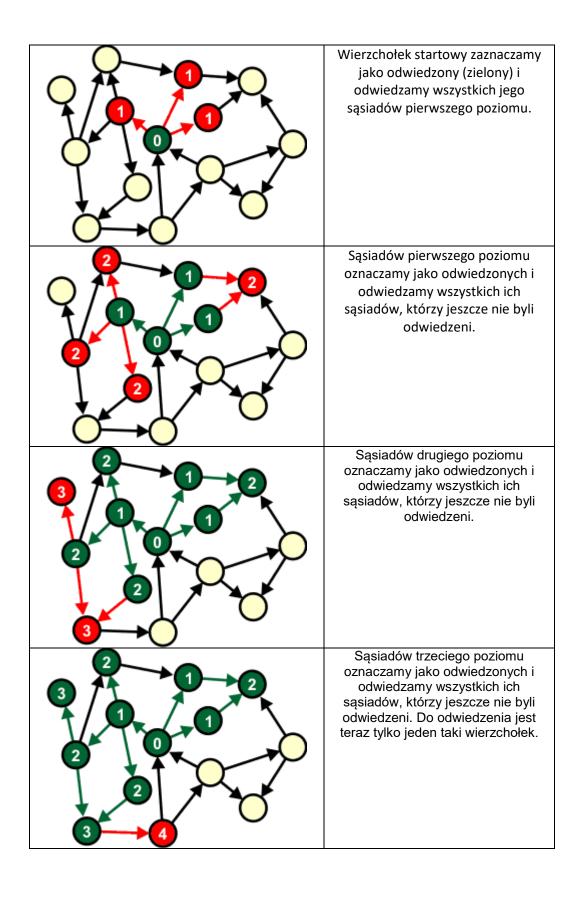
Q – kolejka

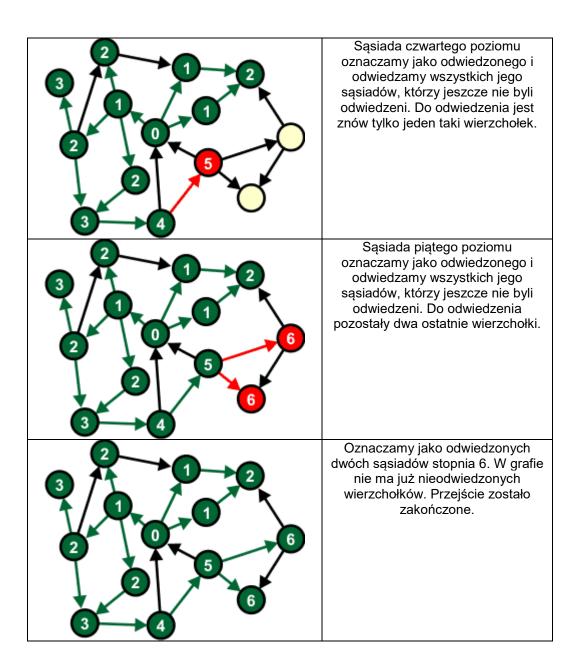
u – wierzchołek roboczy, u  $\epsilon$  C

	Q.push(v)	w kolejce umieszczamy
K01		numer wierzchołka
		startowego
K02	visited[v] ← true	oznaczamy wierzchołek
		jako odwiedzony
К03	Dopóki Q.empty() = false, wykonuj K04K10	tutaj jest pętla główna
		algorytmu BFS
К04	$v \leftarrow Q.front()$	odczytujemy z kolejki
		numer wierzchołka
К05	Q.pop()	odczytany numer
		usuwamy z kolejki
К06	Przetwórz wierzchołek v	tutaj wykonujemy
		operacje na wierzchołku v
К07	Dla każdego sąsiada u wierzchołka v wykonuj	przeglądamy wszystkich
	K08K10	sąsiadów v
К08	Jeśli visited[u] = true, to następny obieg pętli	szukamy
	К07	nieodwiedzonego sąsiada
К09	Q.push(u)	umieszczamy go w kolejce
K10	visited[u] ← true	i oznaczamy jako
		odwiedzonego
K11	Zakończ	
.,,	LUNOTIOL	

## Przykład grafu:

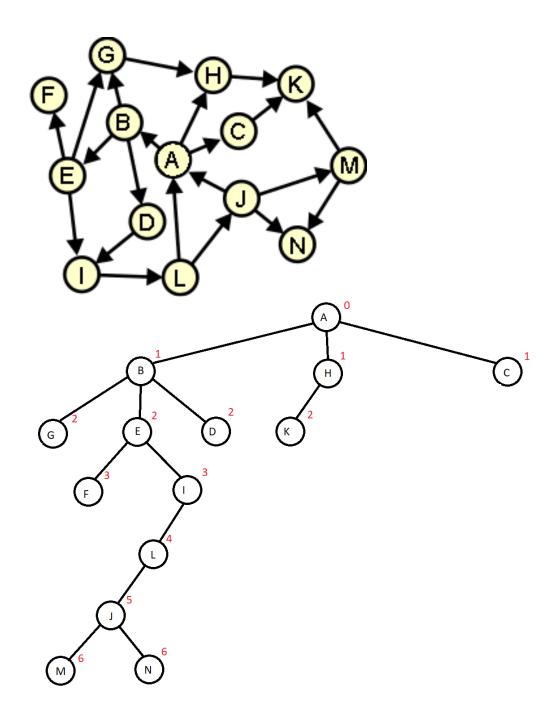






Taki sposób odwiedzania wierzchołków wymaga kolejki. Powód jest bardzo prosty. Kolejka jest sekwencyjną strukturą danych, z której odczytujemy elementy w kolejności ich zapisu. Na koniec kolejki wstawiamy wierzchołek startowy. Wewnątrz pętli wierzchołek ten zostanie odczytany z początku kolejki, po czym algorytm umieści w niej wszystkich nieodwiedzonych sąsiadów. W kolejnych obiegach pętli sąsiedzi ci (sąsiedzi poziomu 1) zostaną odczytani z początku kolejki, a na jej koniec zostaną wstawieni sąsiedzi poziomu 2. Gdy wszyscy sąsiedzi poziomu 1 zostaną przetworzeni, w kolejce pozostaną tylko sąsiedzi poziomu 2. Teraz oni będą odczytywani z początku kolejki, a na jej koniec trafią sąsiedzi poziomu 3. Całość będzie się powtarzała w pętli dotąd, aż algorytm przetworzy wszystkie dostępne wierzchołki w grafie.

Graf ten możemy też przedstawić w formie drzewa przypisując wierzchołkom wartości np. liczby lub litery np.:



## g. Przeszukiwanie w głąb DFS

Zasada działania **DFS** jest następująca:

Zaznaczamy bieżący wierzchołek jako odwiedzony. Przechodzimy do kolejnych sąsiadów wierzchołka bieżącego i wykonujemy dla nich tą samą operację (tzn. zaznaczamy je jako odwiedzone i przechodzimy do ich sąsiadów). Przechodzenie kończymy, gdy zostaną w ten sposób odwiedzone wszystkie dostępne wierzchołki.

Algorytm DFS występuje w dwóch postaciach: <u>rekurencyjnej</u> i <u>stosowej</u>. Implementacja algorytmu zależy od wybranej reprezentacji grafu.

#### Lista kroków dla rekurencyjnego DFS:

#### Wejście:

v – numer wierzchołka startowego, v  $\epsilon$  C visited – tablica logiczna n elementowa z informacją o odwiedzonych wierzchołkach graf – zadany w dowolnie wybrany sposób, algorytm tego nie precyzuje

#### Wyjście:

Przetworzenie wszystkich wierzchołków w grafie.

#### **Elementy pomocnicze:**

u – wierzchołek roboczy, w ε C

K01	visited[v] ← true	odwiedź wierzchołek
К02	Przetwórz wierzchołek v	przetwarzanie wstępne
К03	Dla każdego sąsiada u wierzchołka v wykonaj:	odwiedź algorytmem DFS
	Jeśli visited[u] = false, to DFS(u)	każdego nieodwiedzonego
		sąsiada
К04	Przetwórz wierzchołek v	przetwarzanie końcowe
K05	Zakończ	

#### Lista kroków dla stosownego algorytmu DFS:

Algorytm stosowy DFS wykorzystuje stos do przechowywania numerów wierzchołków do odwiedzenia.

#### Wejście:

v – numer wierzchołka startowego, v C
 visited – wyzerowana tablica logiczna o n elementach
 graf – zadany w dowolnie wybrany sposób, algorytm tego nie precyzuje

#### Wyjście:

Przetworzenie wszystkich wierzchołków w grafie.

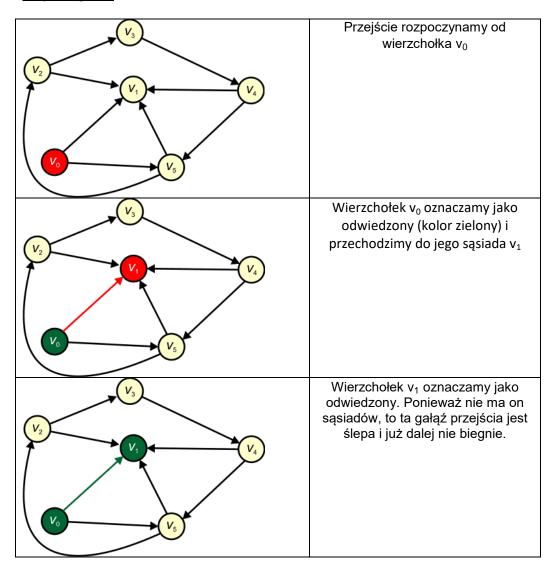
#### **Elementy pomocnicze:**

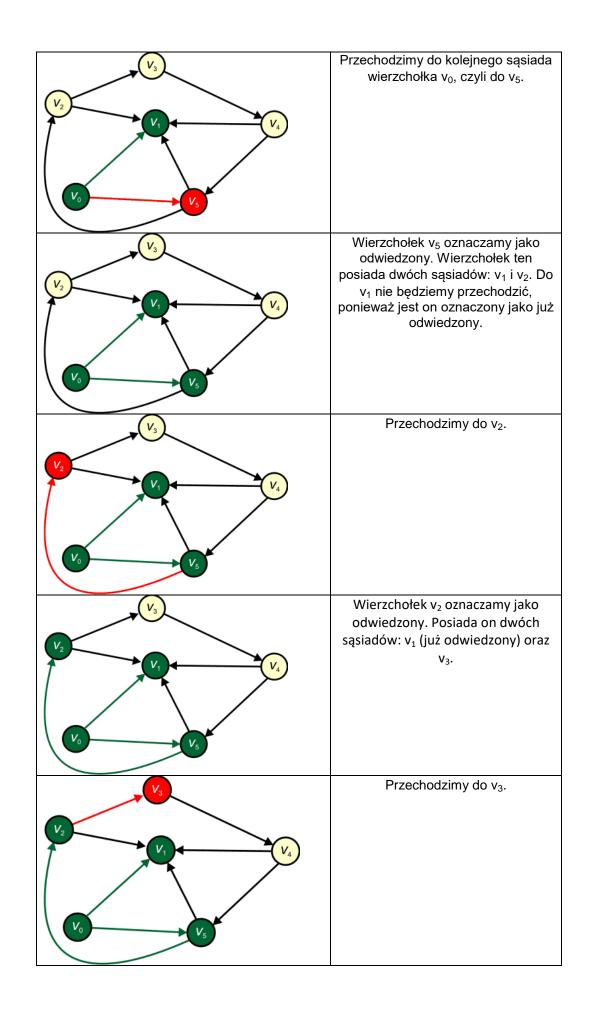
S – pusty stos liczb całkowitych u – wierzchołek roboczy, u C

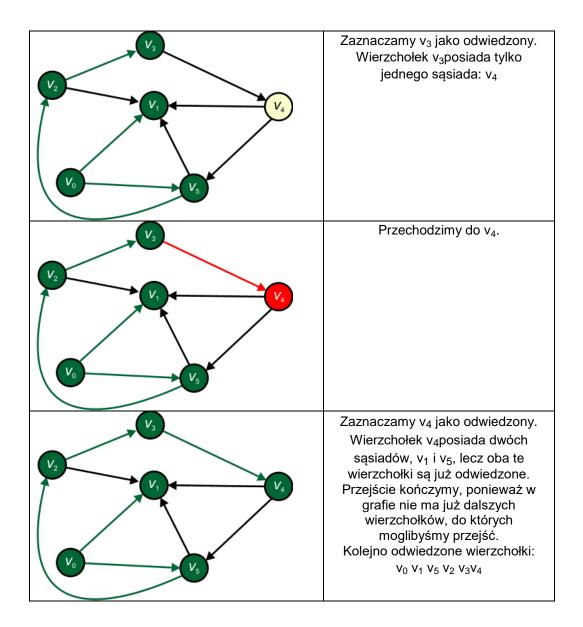
K01	S.push(v)	umieszczamy na stosie
		numer wierzchołka
		startowego
K02	visited[v] ← true	wierzchołek oznaczamy
		jako odwiedzony
К03	Dopóki S.empty() = false, wykonuj K04K10	
K04	v ← S.top()	pobieramy ze stosu numer
		wierzchołka
К05	S.pop()	numer usuwamy ze stosu
К06	Przetwórz wierzchołek v	

К07	Dla każdego sąsiada u wierzchołka v wykonuj	na stos przesyłamy
	K08K10	numery nieodwiedzonych
		jeszcze wierzchołków
К08	Jeśli visited[u] = true, to następny obieg pętli	pomijamy odwiedzonych
	K07	sąsiadów
К09	S.push(u);	sąsiada umieszczamy na
		stosie
K10	visited[u] ← true	oznaczamy go jako
		odwiedzony
K11	Zakończ	

## Przykład grafu:







## h. Algorytm Bellmana-Forda

Jeśli ścieżki grafu posiadają nieujemne wagi, to najlepszym rozwiązaniem tego problemu jest algorytm Dijkstry. W niektórych zastosowaniach ścieżki mogą posiadać wagi ujemne. W takim przypadku musimy użyć nieco mniej efektywnego, lecz bardziej wszechstronnego algorytmu Bellmana-Forda. Algorytm tworzy poprawny wynik tylko wtedy, gdy graf nie zawiera ujemnego cyklu (ang. negative cycle), czyli cyklu, w którym suma wag krawędzi jest ujemna. Jeśli taki cykl istnieje w grafie, to każdą ścieżkę można "skrócić" przechodząc wielokrotnie przez cykl ujemny. W takim przypadku algorytm Bellmana-Forda zgłasza błąd.

Opisany tutaj algorytm będzie tworzył dwie n elementowe tablice danych (n oznacza liczbę wierzchołków w grafie):

- d element i-ty zawiera koszt dojścia z wierzchołka startowego do i-tego wierzchołka grafu po najkrótszej ścieżce. Dla wierzchołka startowego koszt dojścia wynosi 0.
- p element i-ty zawiera numer wierzchołka grafu, który jest poprzednikiem wierzchołka i-tego na najkrótszej ścieżce. Dla wierzchołka startowego poprzednikiem jest -1.

Na początku algorytmu ustawiamy wszystkie komórki tablicy d na największą możliwą wartość (oryginalnie na nieskończoność) za wyjątkiem komórki odwzorowującej wierzchołek startowy, w której umieszczamy 0. Natomiast we wszystkich komórkach tablicy p umieszczamy -1 (w grafie nie ma wierzchołka o numerze -1, oznacza to zatem brak poprzednika).

Następnie wykonujemy n - 1 obiegów pętli, w której dokonujemy relaksacji krawędzi (każdy obieg ustala koszt dojścia do przynajmniej jednego wierzchołka grafu, ponieważ wierzchołek startowy ma koszt 0, to pozostaje nam ustalenie kosztu jeszcze dla n - 1 wierzchołków, stąd wymagane jest co najwyżej n - 1 obiegów pętli). Polega ona na tym, iż przeglądamy po kolei wszystkie krawędzie grafu. Jeśli natrafimy na krawędź u–v o wadze w, dla której koszt dojścia d[v] jest większy od kosztu dojścia d[u] + w (czyli dojście do wierzchołka v od wierzchołka u tą krawędzią jest tańsze od poprzednio znalezionych dojść), to ustawiamy koszt d[v] na d[u] + w i w tablicy poprzedników dla p[v] umieszczamy numer wierzchołka u. Gdy pętla wykona n - 1 obiegów, w tablicy d będziemy mieli koszty dojść do poszczególnych wierzchołków grafu po najkrótszych ścieżkach, a w tablicy p dla każdego wierzchołka znajdziemy jego poprzednik na najkrótszej ścieżce od wierzchołka startowego.

Należy jeszcze sprawdzić, czy w grafie nie występuje cykl ujemny. W tym celu jeszcze raz przeglądamy zbiór krawędzi i jeśli natrafimy na krawędź u–v o wadze w dla której dalej koszt dojścia d[v] jest większy od d[u] + w, to mamy do czynienia z cyklem ujemnym (normalnie sytuacja taka nie może wystąpić, ponieważ relaksacja powinna ustawić d[v] na d[u] + w. Tylko w przypadku istnienia cyklu ujemnego relaksacja sobie z tym nie radzi). W takim przypadku algorytm powinien zgłosić błąd.

#### Lista kroków:

#### Wejście:

n – liczba wierzchołków w grafie, n ε C

graf – zadany w dowolnie wybrany sposób, algorytm tego nie precyzuje. Graf musi być spójny.

v – numer wierzchołka startowego, v ε C

#### Wyjście:

• true:

d – n elementowa tablica z kosztami dojścia. Element d[i] zawiera

koszt najkrótszej ścieżki od wierzchołka v do i.

 ${\bf p}-{\bf n}$  elementowa tablica poprzedników. Element p[i] zawiera numer wierzchołka, który jest poprzednikiem wierzchołka i-tego na najkrótszej ścieżce od wierzchołka v do i. Element p[v] = -1, ponieważ wierzchołek startowy nie posiada poprzednika.

#### false:

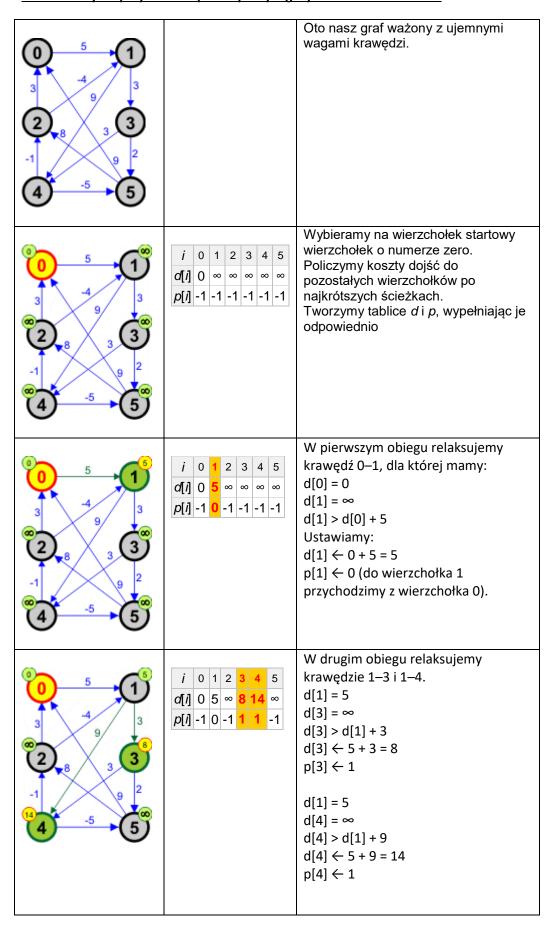
graf zawiera ujemny cykl, który uniemożliwia wyznaczenie najkrótszych ścieżek (każda ścieżka może być najkrótszą, jeśli przepuścimy ją odpowiednią liczbę razy przez cykl ujemny).

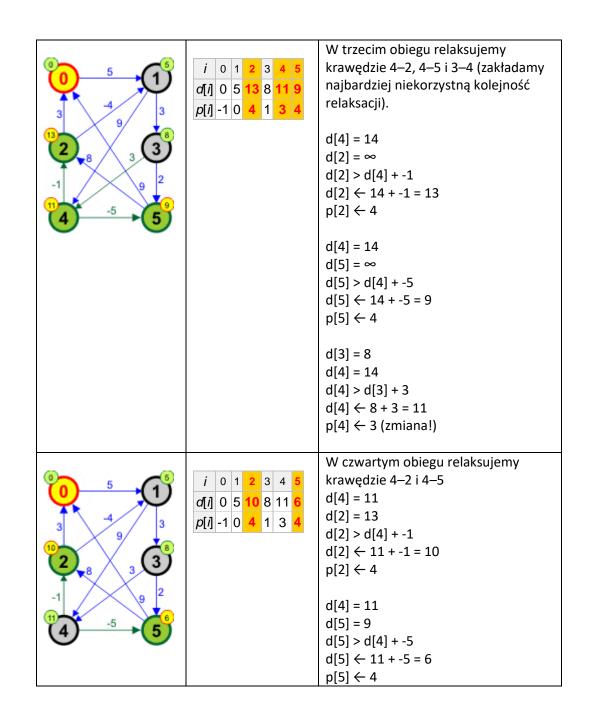
#### **Elementy pomocnicze:**

x,y – numery wierzchołków w grafie, x,y  $\epsilon$  C i – licznik pętli, i  $\epsilon$  C test – logiczna zmienna decyzyjna

К01	Utwórz n elementową tablicę d i wypełnij ją	
	największą liczbą	
K02	Utwórz n elementową tablicę p i wypełnij ją	
	liczbami -1	
К03	d[v] ← 0	koszt dojścia do
		wierzchołka startowego
К04	Dla i = 2,3,,n wykonuj K05K12	pętlę główną
		wykonujemy co
		najwyżej n - 1 razy
K05	test ← true	zmienna przechowuje
		informację o zmianach
К06	Dla x = 0,1,,n-1 wykonuj K07K11	
К07	Dla każdego sąsiada y wierzchołka x wykonuj	
	K08K11	
К08	Jeśli d[y] ≤ d[x] + waga krawędzi x-y, to	sprawdzamy warunek
	następny obieg pętli K07	relaksacji krawędzi
К09	test ← false	zapamiętujemy zmianę
K10	d[y] ← d[x] + waga krawędzi x-y	dokonujemy relaksacji
		krawędzi
K11	p[y] ← x	ustawiamy poprzednik
		wierzchołka y na x
K12	Jeśli test = true, to zakończ z wynikiem true	wynik w d i p
K13	Dla x = 0,1,,n - 1 wykonuj K14	sprawdzamy istnienie
		ujemnego cyklu
K14	Dla każdego sąsiada y wierzchołka x wykonuj	ujemny cykl!!!
	Jeśli d[y] > d[x] + waga krawędzi x-y, to zakończ	
	z wynikiem false	
K15	Zakończ z wynikiem true	

#### Prześledźmy na przykładzie sposób pracy algorytmu Bellmana-Forda:







#### i. Algorytm DIJKSTRY

Jeśli wagi krawędzi są nieujemne, to problem znalezienia ścieżki o najniższym koszcie dojścia elegancko rozwiązuje algorytm Dijkstry. Algorytm ten pozwala znaleźć koszty dojścia od wierzchołka startowego v do każdego innego wierzchołka w grafie (o ile istnieje odpowiednia ścieżka). Dodatkowo wyznacza on poszczególne ścieżki. Zasada pracy jest następująca:

Tworzymy dwa zbiory wierzchołków Q i S. Początkowo zbiór Q zawiera wszystkie wierzchołki grafu, a zbiór S jest pusty. Dla wszystkich wierzchołków u grafu za wyjątkiem startowego v ustawiamy koszt dojścia d(u) na nieskończoność. Koszt dojścia d(v) zerujemy. Dodatkowo ustawiamy poprzednik p(u) każdego wierzchołka u grafu na niezdefiniowany. Poprzedniki będą wyznaczały w kierunku odwrotnym najkrótsze ścieżki od wierzchołków u do wierzchołka startowego v. Teraz w pętli dopóki zbiór Q zawiera wierzchołki, wykonujemy następujące czynności:

- 1. Wybieramy ze zbioru Q wierzchołek u o najmniejszym koszcie dojścia d(u).
- 2. Wybrany wierzchołek u usuwamy ze zbioru Q i dodajemy do zbioru S.
- 3. Dla każdego sąsiada w wierzchołka u, który jest wciąż w zbiorze Q, sprawdzamy, czy d(w) > d(u) + waga krawędzi u–w. Jeśli tak, to wyznaczamy nowy koszt dojścia do wierzchołka w jako: d(w) ← d(u) + waga krawędzi u–w. Następnie wierzchołek u czynimy poprzednikiem w: p(w) ← u.

#### Lista kroków:

#### Wejście:

n – liczba wierzchołków w grafie, n ε C

graf – zadany w dowolnie wybrany sposób, algorytm tego nie precyzuje. Definicja grafu powinna udostępniać wagi krawędzi.

v – wierzchołek startowy, v ε C

#### Wyjście:

d – n elementowa tablica z kosztami dojścia od wierzchołka v do wierzchołka i-tego wzdłuż najkrótszej ścieżki. Koszt dojścia jest sumą wag krawędzi, przez które przechodzimy posuwając się wzdłuż wyznaczonej najkrótszej ścieżki.

p – n elementowa tablica z poprzednikami wierzchołków na wyznaczonej najkrótszej ścieżce. Dla i-tego wierzchołka grafu p[i] zawiera numer wierzchołka poprzedzającego na najkrótszej ścieżce

#### **Elementy pomocnicze:**

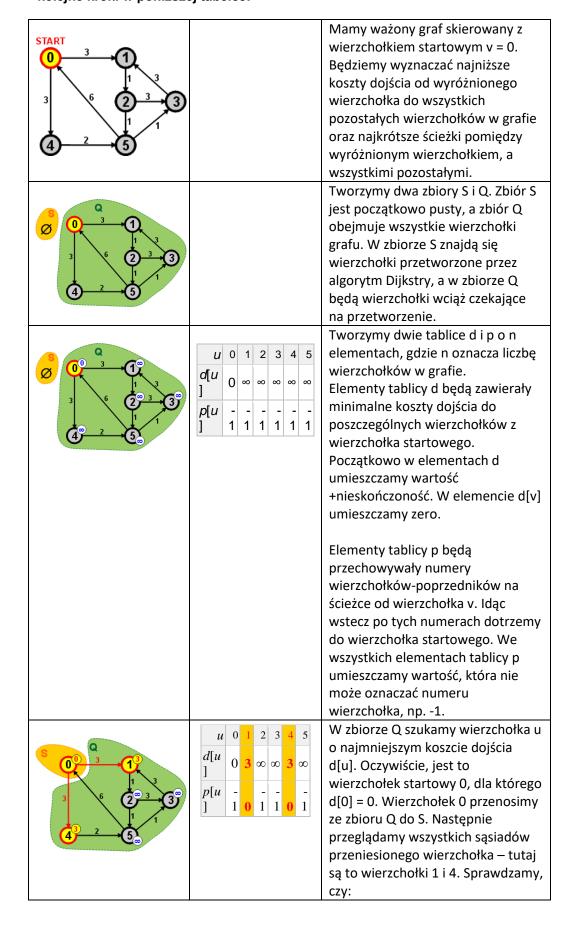
S – zbiór wierzchołków grafu o policzonych już najkrótszych ścieżkach od wybranego wierzchołka v

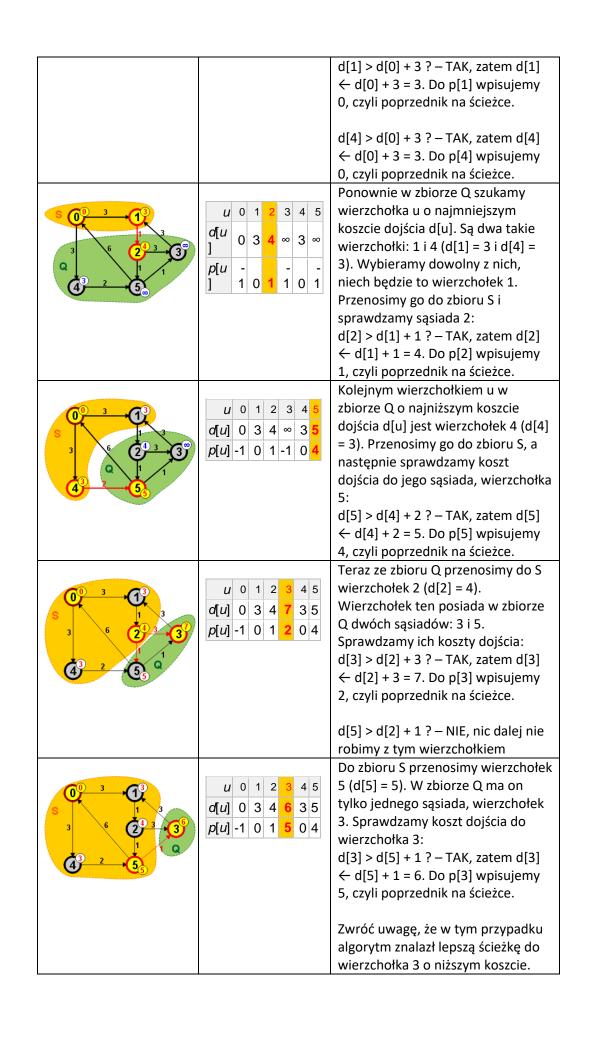
Q – zbiór wierzchołków grafu, dla których najkrótsze ścieżki nie zostały jeszcze policzone

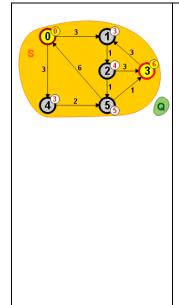
u,w – wierzchołki, u,w ε C

K01	s ← Ø	zbiór S ustawiamy jako
		pusty
K02	Q ← wszystkie wierzchołki grafu	
К03	Utwórz n elementową tablicę d	tablica na koszty dojścia
К04	Utwórz n elementową tablicę p	tablica poprzedników na
		ścieżkach
К05	Tablicę d wypełnij największą wartością	
	dodatnią	
К06	d[v] ← 0	koszt dojścia do samego
		siebie jest zawsze zerowy
К07	Tablicę p wypełnij wartościami -1	-1 oznacza brak
		poprzednika
К08	Dopóki Q zawiera wierzchołki, wykonuj	
	K09K12	
К09	Z Q do S przenieś wierzchołek u o	
	najmniejszym d[u]	
K10	Dla każdego sąsiada w wierzchołka u,	przeglądamy sąsiadów
	wykonuj K11K12	przeniesionego
		wierzchołka
K11	Jeśli w nie jest w Q, to następny obieg pętli	szukamy sąsiadów
	K10	obecnych w Q
K12	Jeśli d[w] > d[u] + waga krawędzi u–w, to	sprawdzamy koszt dojścia
K12a	d[w] ← d[u] + waga krawędzi u–w	jeśli mamy niższy, to
		modyfikujemy koszt
K12b	p[w] ← u	i zmieniamy poprzednika
		w na u
K13	Zakończ	

# Aby lepiej zrozumieć zasadę działania algorytmu Dijkstry, prześledźmy jego kolejne kroki w poniższej tabelce:







и	0	1	2	3	4	5
d[u]	0	3	4	6	3	5
p[u]	-1	0	1	5	0	4

Do zbioru S przenosimy ostatni wierzchołek 3. Zbiór Q stał się pusty, zatem przeniesiony wierzchołek nie ma w zbiorze Q żadnych sąsiadów. Algorytm kończy się. W tablicy d mamy policzone koszty dojścia do każdego z wierzchołków grafu. W tablicy p znajdują się poprzedniki na ścieżce każdego wierzchołka, co pozwala odtworzyć ścieżki do poszczególnych wierzchołków grafu: idziemy wstecz po kolejnych poprzednikach, aż dojdziemy do wierzchołka startowego, dla którego nie istnieje poprzednik (wartość -1).

#### Z tablic d i p odczytujemy:

• Dojście do wierzchołka 0: ścieżka pusta, koszt 0

Dojście do wierzchołka 1: 0–1, koszt 3

• Dojście do wierzchołka 2: 0–1–2, koszt 4

Dojście do wierzchołka 3: 0–4–5–3, koszt 6

• Dojście do wierzchołka 4: 0–4, koszt 3

• Dojście do wierzchołka 5: 0–4–5, koszt 5

#### 11. Zadania