

Riassunto Datenstrukturen und Algorithmen

Sandro Marcon

6 agosto 2014

Indice

1	Introduzione	1
1.1	Notazione O - Ω - Θ (Pag. 4)	1
1.2	Algoritmo di Karatsuba (Pag. 12)	1
1.3	Maximum subarray (Pag. 20)	2
2	Sort	3
2.1	Sortieren durch Auswahl (Pag. 82)	3
2.2	Sortieren durch Einfügen (Pag. 85)	4
2.3	Bubblesort (Pag. 89)	4
2.4	Quicksort (Pag. 92)	5
2.5	Heapsort (Pag. 106)	7
2.6	Mergesort (Pag. 112)	8
2.7	Radixsort (Pag. 121)	10
2.7.1	Radix-exchange sort	10
2.7.2	Fachverteilung	11
2.8	Untere Schranke (Pag. 153)	13
3	Search	15
3.1	Auswahlproblem (Pag. 168)	15
3.2	Sequenzielle Suche (Pag. 173)	16
3.3	Binäre Suche (Pag. 174)	17
3.4	Interpolationsuche (Pag. 179)	17
3.5	Selbstanordnende lineare Liste (Pag. 180)	18
4	Hashing	19
4.1	Hashing perfetto ed universale	19
4.2	Hashverfahren mit Verkettung der Überläufer (Pag. 198)	20
4.3	Offene Hashverfahren	21
4.3.1	Lineares Sondieren	22
4.3.2	Quadratisches Sondieren	23
4.3.3	Double hashing	23
4.4	Dynamische Hashverfahren (Pag. 225)	24
4.4.1	Lineares Hashing (Pag. 227)	24
4.4.2	Virtuelles Hashing (Pag. 232)	27
4.4.3	Erweiterbares Hashing (Pag. 236)	28

5	Bäume	31
5.1	AVL-Tree (Pag. 284)	31
5.2	Splay tree (Pag. 328)	34
5.3	Optimal binary search tree (Pag. 377)	35
5.4	Binary Heap	37
5.5	B-Bäume	38
6	Manipolazioni di dati	41
6.1	Priority Queue (Pag. 404)	41
6.2	Fibonacci heap (Pag. 420)	41
6.3	Union-Find-Strukturen (Pag. 428)	43
7	Tecniche per lo sviluppo di algoritmi	47
7.1	Dynamische Programmierung	47
7.1.1	Principio	47
7.1.2	Rucksackproblem (Pag. 452)	47
7.1.3	Längste gemeinsame Teilfolge (Pag. 456)	48
7.2	Branch and bound	48
8	Geometrische Algorithmen	49
8.1	Konvexe Hülle (Pag. 472)	49
8.1.1	Graham's scan	49
8.2	Scan line principle	50
8.2.1	Il principio (Pag. 478)	50
8.2.2	Sichtbarkeitsproblem (Pag. 480)	50
8.2.3	Schnittproblem für iso-orientierte Liniensegmente (Pag. 483)	50
8.2.4	Caso generale	51
8.2.5	Rechteckschnittproblem (Pag. 502)	53
8.3	Divide and conquer	53
8.3.1	Segmentschnitt (Pag. 493)	53
8.3.2	Inklusion für Rechtecke (Pag. 498)	54
8.3.3	Schnitt für Rechtecke (Pag. 501)	54
8.4	Strutture dati geometriche	54
8.4.1	Segment Bäume (Pag. 505)	54
8.4.2	Intervall Bäume (Pag. 512)	55
9	Graphenalgorithmen	57
9.1	Topologisches Sortieren (Pag. 597)	57
9.2	Transitive Hülle	58
9.3	Search	59
9.3.1	Breadth first search	59
9.3.2	Depth first search (Pag. 607)	59
9.4	Kürzeste Weg (Pag. 619)	61
9.4.1	Dijkstra	61
9.4.2	Bellman-Ford	62
9.5	Minimale spannende Baum (Pag. 631)	63
9.5.1	Kruskal	63
9.5.2	Prim, Dijkstra	64
9.6	Flüsse in Netzwerken (Pag. 637)	64

9.6.1	Maximale Zuordnung in bipartiten Graphen (Pag. 646)	. . . 66
9.6.2	Teoria sul matching	67

Capitolo 1

Introduzione

1.1 Notazione O-Ω-Θ (Pag. 4)

Per semplificare l'analisi asintotica degli algoritmi sono state introdotte le seguenti notazioni:

$$O(f) = \{g | \exists a > 0 : \exists b > 0 : \forall N \in \mathbb{N} : g(N) \leq af(N) + b\}$$

$$\Omega(f) = \{g | \exists c > 0 : \exists \text{ infinite } n : g(n) \geq cf(n)\}$$

In entrambi i casi si tratta di classi di funzioni. Quando $f \in O(g)$ e $f \in \Omega(g)$ al contempo si dice che $f \in \Theta(g)$. Esistono ulteriori definizioni alternative, ad esempio quelle utilizzate nel Blatt 1. Il seguente teorema può essere utile (dimostrazione nel Blatt 1):

Theorem 1

Date due funzioni $f, g : \mathbb{N} \rightarrow \mathbb{R}^+$. Se $\lim_{x \rightarrow +\infty} \frac{f(n)}{g(n)}$ converge ad una costante $C \geq 0$ allora $f \in O(g)$.



1.2 Algoritmo di Karatsuba (Pag. 12)

Un esempio di algoritmo più efficiente per moltiplicare due numeri è il seguente:

$$65 * 28 = (2 * 6) * 100 + (2 * 6) * 10 + (5 * 8) * 10 + 5 * 8 + (6 - 5) * (8 - 2) * 10 = 1820$$

oppure, scritto in un altro modo:

$$ab * cd = 100 * a * c + 10 * a * c + 10 * b * d + b * d + 10(a - b)(d - c)$$

In questo modo abbiamo solo 3 moltiplicazioni elementari anziché 4. L'algoritmo può essere generalizzato grazie a divide and conquer dividendo ogni numero in due ed applicando l'algoritmo di base. Analizzando il tempo in base al numero delle moltiplicazioni otteniamo che impiega circa $O(n^{1,58})$.

1.3 Maximum subarray (Pag. 20)

Dato un array di numeri il problema consiste nella ricerca del subarray con la somma degli elementi maggiore. Se essa è negativa il risultato è 0. Il metodo più efficiente per ricavare il risultato è il seguente:

```
//A=array da 1, ... n
max=0
scan=0
for (i=1; i<=n; i++){
    scan+=A[i]
    if scan < 0
        scan=0
    if scan > max
        max=scan
}
```

In questo modo il problema viene risolto in tempo lineare.

Capitolo 2

Sort

Per semplicità ammettiamo che si debba sempre ordinare un array (chiamato a) contenente n numeri (interi). In ogni caso con questi algoritmi è possibile ordinare qualsiasi oggetto appartenente ad un universo in cui vige un ordine totale.

2.1 Sortieren durch Auswahl (Pag. 82)

Selection sort consiste nel cercare ogni volta il minimo tra la posizione i e n . Una volta trovato esso viene scambiato con l' i -tesimo numero.

Esempio

	15	2	43	17	4
\Rightarrow	2	15	43	17	4
\Rightarrow	2	4	43	17	15
\Rightarrow	2	4	15	17	43

Implementazione

```
int i,j, min, temp
for i=1:n-1
    min=i
    for j=(i+1):n
        if a[j]< a[min]
            min=j
    temp=a[min]
    a[min]=a[i]
    a[i]=temp
```

Analisi

Dal doppio loop si vede semplicemente che l'algoritmo impiega $\Theta(n^2)$ comparazioni e nel peggior caso (i numeri sono ordinati dal più grande al più piccolo)

$O(n)$ scambi. Da notare che per trovare il minimo sono necessari almeno $n - 1$ confronti (Satz 2.1), quindi l'algoritmo non può andare più veloce di così.

2.2 Sortieren durch Einfügen (Pag. 85)

In inglese si chiama insertion sort. Per induzione i numeri fino a $i - 1$ sono già ordinati. Il principio consiste di piazzare l' i -tesimo elemento al giusto posto, se necessario scalando i restanti a destra di una posizione. Esempio:

```

      2  15  /  43  17  4
⇒ 2  15  43  /  17  4
⇒ 2  15  17  43  /  4
⇒ 2  4  15  17  43  /

```

Implementazione

```

int i,j,t
for i=2:n
    j=i
    t=a[i]
    while a[j-1] > t
        //scala a destra di una posizione
        a[j]=a[j-1]
        j=j-1
    a[j]=t

```

Si nota subito che se implementato così l'algoritmo può non fermarsi se t è il numero più piccolo. Serve quindi un elemento di stop, ad esempio inserendo $a[0] = t$ prima del `while` loop.

Analisi

Nel peggior caso $\Theta(n^2)$ comparazioni ed altrettanti spostamenti. Nel miglior caso $O(n^2)$ comparazioni e spostamenti. Il caso medio rispecchia il peggiore.

2.3 Bubblesort (Pag. 89)

Il principio di questo algoritmo è semplicissimo: ad ogni iterazione viene scambiato l'elemento $a[i]$ con $a[i+1]$ (chiaramente solo se maggiore). In questo modo l'elemento più grande si sposta verso destra. Esempio:

```

      15  2  43  17  4
⇒ 2  15  43  17  4
⇒ 2  15  17  43  4
⇒ 2  15  17  4  43
⇒ 2  15  4  17  43
⇒ 2  4  15  17  43

```

Implementazione

```

do
    flag=true
    for i=1:n-1
        if a[i] > a[i+1]
            swap(a[i],a[i+1])
            flag=false
    while (!flag)

```

Analisi

Nel miglior caso, se l'array è già ordinato, abbiamo $n - 1$ paragoni e nessuno scambio. Nel caso medio e peggiore l'algoritmo necessita di $\Theta(n^2)$ scambi e paragoni.

2.4 Quicksort (Pag. 92)

Il principio di quicksort è quello di scegliere un elemento come pivot (nel libro è sempre l'ultimo, ma ne basta uno casuale) e dividere l'array in due. A sinistra del pivot si trovano tutti gli elementi minori, mentre a destra quelli maggiori. Dopodiché viene richiamato l'algoritmo in modo ricorsivo sui due blocchi. L'algoritmo può essere eseguito "in situ", vale a dire che non serve spazio extra per salvare i dati (chiaramente un numero costante di variabili temporanee è permesso). Si usa quindi un solo array e si aggiungono due argomenti al metodo, ad esempio l ed r , ad indicare l'intervallo in cui eseguire quicksort. Per dividere i numeri rispettivamente a destra ed a sinistra del pivot si può semplicemente far scorrere verso il centro due puntatori (chiamati i e j) che partono rispettivamente alla posizione l e r . Quando $a[i] \geq pivot$ e $a[j] \leq pivot$, $a[i]$ ed $a[j]$ vengono scambiati. Alla fine, quando $i = j$, l'elemento $a[i]$ viene scambiato col pivot e viene richiamato l'algoritmo da l ad $i - 1$ e da $i + 1$ a r (il pivot si trova già alla posizione giusta). Di seguito un esempio:

Esempio

```

array: 5 7 3 1 6 4
quicksort(array, 1, 6)

5  7  3  1  6  (4)  ← pivot
↑           ↑
i           j
⇒ 1  7  3  5  6  (4)
    ↑  ↑
    i  j
⇒ 1  3  7  5  6  (4)
        ↑
        i,j
⇒ 1  3  (4)  5  6  7
quicksort(array, 1, 2), quicksort(array, 3, 6)

```

Implementazione

```
quicksort(int[ ] a, int l, int r)
    if r>l
        i=l-1
        j=r
        v=a[r] //pivot
        while (true)
            do
                i+=1
                until a[i]>=v
            do
                j-=1
                until a[j]<=v
            if i>=j
                break
            swap(i, j) //scambia a[i] con a[j]
        swap(i,r)
        quicksort(a, l, i-1)
        quicksort(a, i+1, r)
```

Analisi

Nel peggior caso, ad esempio se la sequenza è già ordinata o più in generale se il pivot è sempre l'elemento maggiore o minore, quicksort impiega $O(n^2)$ comparazioni, poiché ad ogni ricorsione c'è un solo elemento in meno. In questo caso avverrebbero $O(n)$ spostamenti. Nel miglior caso l'algoritmo impiega un tempo di $\Theta(n \log(n))$, poiché l'albero delle ricorsioni ha un'altezza logaritmica. Lo stesso ragionamento vale per il numero di spostamenti. A pagina 99 c'è una lunga dimostrazione per induzione che mostra che anche il caso medio ha lo stesso tempo del miglior caso. Nonostante l'algoritmo sia in situ, anche le ricorsioni occupano un determinato spazio nella memoria, vale a dire $\Omega(n)$ chiamate. Rendendo l'algoritmo semi-iterativo si possono ottenere solo $O(\log(n))$ chiamate. Si deve semplicemente richiamare in modo ricorsivo quicksort sul più piccolo sub-array, mentre si completa l'altra parte in modo iterativo (algoritmo illustrato a pagina 100). Alla pagina successiva è invece mostrato come fare a rendere quicksort totalmente iterativo (personalmente non ho capito molto).

Varianti di quicksort

Per evitare un tempo di $O(n^2)$ nel caso di un array già ordinato sono state pensate alcune varianti dell'algoritmo, le quali concernono solamente la scelta del pivot. La prima è la cosiddetta 3-Median-Strategie (median of three values strategy), che consiste semplicemente nel prendere tre elementi campione, rispettivamente a destra, sinistra e nel mezzo, e scegliere come pivot il valore medio tra questi. L'altra strategia si chiama Zufalls-Strategie (randomized quicksort) e consiste nel scegliere il pivot casualmente. Chiaramente può ancora avvenire un caso in cui necessita di un tempo quadratico, ma non esiste più una successione di numeri per cui questo accade. Una variante per rendere l'algoritmo glatt (smooth), cioè che impiega in media $O(n \log(n))$ comparazioni

e solo $O(n)$ quando l'input consiste in n elementi uguali, è la seguente. Praticamente gli elementi che sono uguali al pivot vengono spostati all'estrema destra o sinistra, dopodiché i due blocchi vengono riportati al centro e l'algoritmo prosegue come di consueto. L'implementazione ed una spiegazione più dettagliata possono essere trovate a pagina 104.

2.5 Heapsort (Pag. 106)

Heapsort si basa su insertion sort, ma invece di cercare il minimo/massimo ogni volta, che costa $O(n)$ paragoni, ci si affida ad un Heap (un tipo di albero binario). L'algoritmo è semplice ma efficace: finché l'albero non è vuoto si allontana la radice, nonché l'elemento massimo, e lo si scambia con l'ultimo elemento. Dopodiché tramite un indice si riduce l'albero di un elemento e si restaurano (tramite un metodo chiamato versickern) le sue proprietà (richiede un tempo di $O(\log(n))$). Rimane solo la parte iniziale, cioè la costruzione di un Heap a partire da un array qualsiasi. Un metodo efficiente consiste nel eseguire il metodo “versickern” sulla sequenza delle chiavi $k_{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor}, k_{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor - 1}, \dots, k_1$. Esempio:

```

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

```

Implementazione

```

//costruiamo l'heap
for (i=n/2; i>=1; i--)
    versickere(a,i,n) //array a da i a N
//heapsort
for (i=n; i>=2; i--)
    swap(a[1],a[i])
    versickere(a,1,i-1)

```

Dove versickere è:

```

versickere(int[] a, int i, int m)
    int j
    while 2*i<=m //a[i] ha un figlio a sinistra
        j=2*i
        if j<m //a[i] ha anche un figlio a destra
            if a[j]<a[j+1]
                j=j+1
        //ora a[j] e' il figlio con un valore maggiore
        if a[i]<a[j]
            swap(a[i],a[j])
            i=j //va avanti a restaurare
        else
            i=m //fine

```

Analisi

La costruzione dell'heap avviene in tempo lineare. Il resto dell'algoritmo prevede n volte il metodo *versickere*, quindi in totale l'algoritmo richiede $O(n \log(n))$ comparazioni e spostamenti nel peggior caso. Da notare che non occupa spazio extra, quindi è completamente "in situ". L'unico problema è che non è stabile, vale a dire che la posizione relativa di chiavi con lo stesso valore inizialmente adiacenti può cambiare.

2.6 Mergesort (Pag. 112)

Anche mergesort si basa su *divide and conquer*. Si basa sul fatto che due blocchi dell'array sono già ordinati, quindi possono semplicemente essere uniti in tempo lineare, lasciando scorrere due indici nelle rispettive parti e salvando i valori in ordine crescente in un array temporaneo.

Esempio

$A = \{2, 1, 3, 9, 5, 4\}$. Esso viene dunque diviso in due, vale a dire in $A_1 = \{2, 1, 3\}$ e $A_2 = \{9, 5, 4\}$. Per ricorsione essi vengono ordinati, quindi rimane da unire $A_1 = \{1, 2, 3\}$ e $A_2 = \{4, 5, 9\}$. Il passo *merge* prevede l'unione dei due insiemi, quindi si ottiene il risultato finale.

Implementazione

```
mergesort (int[] a, int l, int r)
    if l<r //altrimenti caso base: array rimane invariato
        m=(l+r)/2 //posizione media
        mergesort (a, l, m)
        mergesort (a, m+1, r)
        merge (a, l, m, r)

merge (int[] a, int l,m,r)
    i=l
    j=m+1
    k=l
    while (i<=m && j<=r)
        if a[i]<a[j]
            b[k]=a[i]
            i++
        else
            b[k]=a[j]
            j++
        k++
    if i>m //prima successione esaurita
        for h=j:r
            b[k+h-j]=a[h]
    else
        for h=i:m
            b[k+h-i]=a[h]
    for h=l:r
```

```
a[h]=b[h] //salva nuovamente nell'array originale
```

Analisi

Merge impiega sempre $O(n)$ spostamenti e comparazioni. Dato che l'array viene sempre diviso in due, il metodo merge viene chiamato $\log(n)$ volte. In totale l'algoritmo impiega sempre $\Theta(n \log(n))$. L'unico problema è che serve sempre $O(n)$ spazio extra per salvare l'array di supporto.

Mergesort iterativo

L'algoritmo può anche essere reso totalmente iterativo. Esso si chiama “reines 2-Wege-Mergesort” (straight 2-way merge sort). L'idea è quella di unire tramite il metodo merge intervalli sempre più grandi (esattamente il doppio) fino ad avere l'intero array completamente ordinato. Esempio:

```

      2  1  3  9  6  5
⇒  1  2| 3  9| 5  6|
⇒  1  2  3  9| 5  6
⇒  1  2  3  5  6  9|

```

```

straightmergesort(int[] a, int l,r)
    int size, ll, mm, rr
    size=1
    while size<r-l+1
        rr=l-1 //gli elementi fino ad a[rr] incluso sono a posto
        while rr+size<r //fino che tutti non sono elaborati
            ll=rr+1 //bordo sinistro successione 1
            mm=ll+size-1 //bordo destro successione 1
            if mm+size<=r
                rr=mm+size
            else
                rr=r
            merge (a, ll, mm, rr)
        size=2*size

```

Le performance sono identiche a prima, ma il metodo è completamente iterativo.

Mergesort naturale

L'unica differenza da straight 2-way merge sort è che al posto di unire successioni di lunghezza arbitraria sfruttiamo successioni già ordinate alla partenza. Ad esempio:

```

      2  1  3  6  9  5
⇒  2| 1  3  6  9| 5
⇒  1  2  3  6  9| 6|
⇒  1  2  3  5  6  9|

```

A livello di implementazione dobbiamo soltanto aggiungere la ricerca delle successioni già ordinate.

```

straightmergesort(int[] a, int l,r)
    int ll, mm, rr
    do
        rr=l-1
        while rr<r
            ll=rr+1
            mm=ll
            while (mm<r && a[mm+1]>=a[mm])
                mm++
            if mm<r
                while (rr<r && a[rr+1]>=a[rr])
                    rr++
                merge (a, ll, mm, rr)
            else
                rr=mm
        until ll=l

```

In questo modo cambiano anche le performance dell'algoritmo. Compare difatti un best case, ad esempio quando l'input è già ordinato. In questo caso avremmo $\Theta(n)$ comparazioni e 0 spostamenti. Il caso medio ed il peggior caso rispecchiano invece straight merge sort, nonché le tempistiche della prima analisi.

2.7 Radixsort (Pag. 121)

Radixsort si basa sulla comparazione delle cifre dei rispettivi numeri. Noi tratteremo solo la forma duale, ma il tutto funziona con qualsiasi forma, compresa quella decimale. Ammettiamo sempre che esista una funzione $z(i, k)$ che ritorna l' i -tesima cifra a partire dalla meno significativa del numero k . Ad esempio $z(0, 517) = 7$ e $z(2, 517) = 5$.

2.7.1 Radix-exchange sort

L'algoritmo segue un principio abbastanza simile a quicksort: tutti gli elementi il cui i -tesimo bit è 0 vanno a sinistra, mentre se è 1 vanno a destra. Il modo più semplice è quello, come in quicksort, di far scorrere due puntatori verso il centro e scambiare i numeri che si trovano al posto sbagliato. Dopodiché si richiama l'algoritmo sull' $(i - 1)$ -tesimo bit e sulle due parti dell'array.

Esempio

	1011	0010	1101	0011	3
⇒	0011	0010;	1101	1011;	2
⇒	0011	0010;	1011;	1101;	1
⇒	0011	0010;	1011;	1101;	0
⇒	0010	0011	1011	1101	

Implementazione

```

radixexchangesort(int[] a, int l,r,b)
    int i,j

```



```

if r>l
  i=l-1
  j=r+1
  while (true)
    do
      i++
    until
      z(b, a[i])=1 || i>=j
    do
      j--
    until
      z(b, a[j])=0 || i>=j
    if i>=j
      break
    swap (a[i], a[j])
if b>0
  radixexchangesort(a, l, i-1, b-1)
  radixexchangesort(a, i, r, b-1)

```

Analisi

L'algoritmo viene richiamato al massimo b volte ed ogni volta impiega $O(n)$ paragoni e movimenti. In totale impiega dunque $O(bn)$ (tempo pseudo polinomiale). Se $b > \log(n)$ radixsort non è l'algoritmo adeguato al problema.

2.7.2 Fachverteilung

Questo algoritmo viene spesso anche chiamato bucket sort, poiché vengono utilizzati dei bucket per ordinare i numeri. L'idea di base è semplice: per ordinare una serie di numeri con m cifre si inizia ad ordinarli dividendoli in bucket rappresentanti la cifra, sempre da destra a sinistra, dal basso all'alto. Dopo uno step bisogna "raccolgere" nuovamente la sequenza dai bucket e rieseguire il procedimento con la cifra successiva. Dopo m step la sequenza è ordinata. L'algoritmo può praticamente essere diviso in due parti, dividere e raccogliere.

Esempio

Sequenza originale: 40, 13, 22, 54, 15, 28. Primo step:

40		22	13	54	15			28	
F_0	F_1	F_2	F_3	F_4	F_5	F_6	F_7	F_8	F_9

La sequenza provvisoria diventa 40, 22, 13, 54, 15, 28. Secondo step:

		15	28						
		13	22		40	54			
F_0	F_1	F_2	F_3	F_4	F_5	F_6	F_7	F_8	F_9

Il risultato finale, letto da sinistra a destra e dal basso all'alto è quindi: 13, 15, 22, 28, 40, 54.

Implementazione

Un approccio “naiv” sarebbe quello di creare m bucket di dimensione n , in modo che nel peggior caso tutti i valori starebbero in un solo bucket. Questo però comporterebbe a $O(mn)$ spazio extra, quando realmente ne serve solo $\Theta(n)$ (ci sono sempre esattamente n elementi). Ci sono due possibili soluzioni al problema. La prima è di usare liste lineari dalla dimensione non fissa, la seconda è quella di sondare quanti elementi andranno in ciascun bucket e dividere un array di dimensione fissa in m scompartimenti tramite degli indici di divisione (Verteilungszahlen). Analizziamo dapprima la prima possibilità:

```
radixsort_list(int[] a)
    List<Integer>[] l=new List<Integer>[m]
    int i,j,t
    for j=0:m-1
        l[j]=new List<Integer>() //inizializza la lista
    for t=0:bit_length
        //fase di divisione
        for i=0:n-1
            j=z(t,a[i])
            l[j].pushtail(a[i]) //aggiunge all'ultima posizione
        //fase di raccolta
        i=0
        for j=0:m-1
            while (!l[j].isEmpty())
                a[i]=l[j].pophead()
                i++
```

Adesso la possibilità utilizzando un sondaggio prima della fase di divisione:

```
radixsort_sond(int[] a)
    int[] b //array di dimensione n, numerato da 1 a n
    int[] c //array di dimensione m, Verteilungszahlen, da 0 a m-1
    int i,j,t
    for t=0:l-1
        //sondaggio
        for i=0:m-1
            c[i]=0 //inizializzazione
        for i=1:n
            j=z(t,a[i])
            c[j]++
        //futuri indici dell'array b
        c[m-1]=n+1-c[m-1]
        for i=2:m
            c[m-i]=c[m-i+1]-c[m-i]
        //fase di divisione
        for i=1:n
            j=z(t,a[i])
            b[c[j]]=a[i]
            c[j]++
        //fase di raccolta
        for i=1:n
            a[i]=b[i]
```

Analisi

Entrambe le implementazioni richiedono $O(l(m+n))$ passaggi e memoria di $O(n+m)$.

2.8 Untere Schranke (Pag. 153)

Per ora tutti gli algoritmi che usano comparazioni (praticamente tutti tranne radix sort) impiegano almeno $\Omega(n \log(n))$.

Theorem 2.4

Ogni algoritmo di ordinamento impiega nel caso medio e nel caso peggiore almeno $\Omega(n \log(n))$ paragoni per ordinare n chiavi.

Dimostrazione Per dimostrare questo teorema valutiamo tutte le possibili $n!$ permutazioni di n chiavi e le inseriamo in un albero binario. Inizialmente l'algoritmo generico non conosce nulla sulla permutazione corrente, ma man mano che compara le chiavi si sposta tra i rami fino a raggiungere la foglia contenente la giusta permutazione. Praticamente un nodo $i : j$ rappresenta una comparazione. Esso ha due figli: a sinistra se $a[i] < a[j]$ e a destra se $a[i] \geq a[j]$. Dato che ci sono $n!$ permutazioni possibili devono per forza esserci $n!$ foglie. Ora non ci rimane che dimostrare che l'altezza massima e media di un albero binario con k foglie sia di almeno $\log_2(k)$. In questo caso avremmo:

$$\log(k!) \geq \log\left(\left(\frac{n}{2}\right)^{\frac{n}{2}}\right) = \frac{n}{2} \log\left(\frac{n}{2}\right) \in \Omega(n \log(n))$$

■

Theorem 2.4.1

L'altezza massima e media di un albero binario con k chiavi è di almeno $\log_2(k)$.

Dimostrazione La prima parte è triviale, in quanto un albero di altezza t può avere al massimo 2^t foglie. La seconda parte viene dimostrata per assurdo. Sia T il più piccolo albero per cui l'ipotesi non regge. T ha k foglie, dunque $k \geq 2$ e T deve avere un Teilbaum T_1 con k_1 foglie a sinistra e T_2 con k_2 foglie a destra. Chiaramente $k_1 + k_2 = k$. Dato che sia T_1 sia T_2 sono più piccoli di T , allora le loro altezze medie devono essere maggiori di $\log_2(k_1)$ e rispettivamente $\log_2(k_2)$. Ovviamente l'altezza media di T deve essere maggiore di uno rispetto ai due Teilbäume. Quindi:

$$\begin{aligned} \text{altezza_media}(T) &= \frac{k_1}{k}(\text{altezza_media}(T_1) + 1) + \frac{k_2}{k}(\text{altezza_media}(T_2) + 1) \\ &\geq \frac{k_1}{k}(\log_2(k_1) + 1) + \frac{k_2}{k}(\log_2(k_2) + 1) \\ &= \frac{1}{k}(\log_2(2k_1) + \log_2(2k_2)) = f(k_1, k_2) \end{aligned} \quad (2.1)$$

Secondo la condizione che $k_1 + k_2 = k$, f assume valore minimo quando $k_1 = k_2 = \frac{k}{2}$ quindi:

$$altezza_media(T) \geq \frac{1}{k} \left(\frac{k}{2} \log_2(k) + \frac{k}{2} \log_2(k) \right) = \log_2(k)$$

Si incappa dunque in una contraddizione.

■

Capitolo 3

Search

3.1 Auswahlproblem (Pag. 168)

Il primo approccio nel cercare di trovare l' i -tesimo elemento più piccolo è quello di ordinare dapprima la sequenza per poi eliminare i primi $i - 1$ elementi. In questo caso si ottiene un tempo di $O(n \log(n))$. Seguendo lo stesso principio di quicksort è però possibile arrivare alla soluzione in tempo lineare. Per l'implementazione faremo uso del metodo, simile a quello usato in quicksort:

```
int divide(int l,r, pivot)
/* divide a[l], ... , a[r] in due gruppi
   a[l], ..., a[m-1] sono < pivot
   a[m], ..., a[r] sono >= pivot
   restituisce il valore di m */
```

Una volta trovato m abbiamo tre possibilità: la chiave si trova nel primo gruppo, o nel secondo, o l'abbiamo trovata.

```
find (int l,r,i)
int m,v
if r>l
    //scegliere pivot v
    m=divide(l,r,v)
    if i<=m-1
        find (l, m-1, i)
    else
        find (m,r,i-m+1)
else
    //r=l, quindi i=1
    //l'elemento si trova nella posizione a[l]
```

Se scegliamo male il pivot l'algoritmo impiega $\Omega(n^2)$ passi. Se invece il pivot divide l'array in qn e $(1 - q)n$ elementi, con $0.5 < q < 1$ impiega:

$$\begin{aligned} T(n) &= T(qn) + cn \\ &\leq cn \sum_{i=0}^{+\infty} q^i = cn \cdot \frac{1}{1-q} \in O(n) \end{aligned}$$

Per scegliere il pivot adeguato si può usare l'algoritmo proposto da Blum, chiamato "median of median strategy".

1. (caso base) Se $n < \text{costante}$ calcola l' i -tesimo più piccolo elemento direttamente.
2. Dividi gli n elementi in $\lfloor \frac{n}{5} \rfloor$ gruppi di cinque elementi e un gruppo con i restanti.
3. Ordina questi gruppi (in tempo costante) e per ogni gruppo trova la mediana. Se il gruppo ha un numero pari di elementi scegli il più grosso degli elementi medi.
4. Applica l'algoritmo ricorsivamente alle $\lceil \frac{n}{5} \rceil$ mediane per trovare la mediana delle mediane.
5. Utilizza quest'elemento come pivot e procedi normalmente.

Questa strategia assicura che ci sono almeno

$$3 \left(\left\lceil \frac{1}{2} \left\lceil \frac{n}{5} \right\rceil \right\rceil - 2 \right) \geq \frac{3n}{10} - 6$$

elementi più piccoli di v . Segue quindi che l'algoritmo deve essere richiamato al massimo $\lceil \frac{7n}{10} + 6 \rceil$ volte ricorsivamente. Il tempo impiegato è dunque:

$$T(n) \leq T\left\lceil \frac{n}{5} \right\rceil + T\left\lceil \frac{7n}{10} + 6 \right\rceil + an \leq \dots \leq cn \in O(n)$$

3.2 Sequenziali Suche (Pag. 173)

Ammettiamo che le n chiavi siano salvate in un array o in una lista. Il modo più semplice per sondare la sequenza è quello di controllare le n chiavi fino ad a trovare l'elemento desiderato. Per fare in modo che l'algoritmo si fermi iniziamo dal fondo e mettiamo uno stopper alla posizione 0.

```

sequentialsearch (int k)
    int i
    a[0]=k //stopper
    i=n+1
    do
        i--
    while a[i] != k
    if i != 0
        //a[i] elemento ricercato
    else
        //non esiste nessun elemento k

```

Chiaramente l'algoritmo impiega 0 passaggi nel miglior caso e n nel peggiore. Nel caso medio:

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n i = \frac{n+1}{2} \in O(n)$$

3.3 Binäre Suche (Pag. 174)

La ricerca binaria si basa su divide and conquer. Ammettendo di avere un array ordinato si può descrivere l'algoritmo come segue:

1. Se la sequenza è vuota la ricerca finisce senza successo, altrimenti guarda l'elemento $a[m]$ (posizione media).
2. Se $k < a[m]$ applica sulla sequenza $a[1], \dots, a[m-1]$ lo stesso procedimento.
3. Se $k \geq a[m]$ applica sulla sequenza $a[m], \dots, a[n]$ lo stesso procedimento.
4. Se $k = a[m]$ l'elemento è stato trovato.

```
binsearch(int l,r,k)
  int m=(l+r)/2
  if l > r
    //ricerca conclusa senza successo
  else
    if k < a[m]
      binsearch(l, m-1, k)
    else if k > a[m]
      binsearch(m+1, r, k)
    else
      //a[m]=k, elemento trovato
```

Un'altra variante iterativa è la seguente:

```
binsearch(k)
  int m,l,r
  l=1
  r=n
  do
    m=(l+r)/2
    if k < a[m]
      r=m-1
    else
      l=m+1
  until
    k=a[m] || l>r
  if k=a[m]
    binsearch=m
  else
    binsearch=0
```

In questo modo una ricerca non impiega più che $\lceil \log_2(n+1) \rceil \in O(n)$ passaggi.

3.4 Interpolationsuche (Pag. 179)

Nella ricerca binaria scegliamo ogni volta l'elemento a metà dell'array come pivot. Non sempre si tratta di una buona idea. Ad esempio se cerchiamo

nell'elenco telefonico "Bernasconi" non lo apriamo al centro. L'unica differenza dalla ricerca binaria è dunque la scelta della m :

$$m = \lceil l + \frac{k - a[l]}{a[r] - a[l]}(r - l) \rceil$$

Nel miglior caso impieghiamo un numero di paragoni costante, ma nel caso medio $O(\log_2(\log_2(n)))$ comparazioni. Perdiamo però a causa della maggiore complessità delle operazioni aritmetiche e nel caso sfortunato, in cui impiega $O(n)$ paragoni.

3.5 Selbstanordnende lineare Liste (Pag. 180)

Ammettiamo di avere una lista contenente n chiavi. Per cercare e dunque accedere all' i -tesimo elemento impieghiamo i paragoni. Avrebbe senso spostare gli elementi più ricercati all'inizio della lista. Consideriamo pertanto alcune strategie:

- Move to front: l'elemento ricercato viene spostato all'inizio della lista
- Transpose: l'elemento ricercato viene spostato una posizione all'indietro (scambiato con il vicino a sinistra)
- Frequency count: ad ogni elemento viene abbinato un contatore. Inizialmente esso è 0 ma ad ogni accesso aumenta di un'unità. La lista viene sempre ordinata in modo che ogni i contatori di frequenza (Häufigkeitszähler) siano ordinati in ordine decrescente.

Qual'è la migliore strategia? Si può notare che la transpose strategy presenta alcuni problemi se si accede ogni volta ad elementi adiacenti in modo alternato, ad esempio $n, n-1, n, \dots$. In generale move to front è la tecnica migliore, anche perché non necessita di spazio extra (per salvare gli indici).

Theorem 3.2

Per qualsiasi algoritmo A di auto ordinamento di liste e per qualsiasi successione s di m operazioni d'accesso vale:

$$C_{MF}(s) \leq 2C_A(s) + X_A(s) - F_A(s) - m$$

Dove C indica i costi delle operazioni, F il numero delle operazioni gratuite e X il numero delle operazioni a pagamento. In altre parole move to front non può essere più di due volte peggio di qualsiasi altro algoritmo. La dimostrazione per analisi ammortizzata si trova da pagina 183 a 186.

■

Capitolo 4

Hashing

Al posto di salvare gli elementi in una lista e cercarli tramite comparazioni si può salvare ogni elemento ad un determinato indice e calcolare dove si trova in modo matematico. Questo è il principio di una hash table. La funzione che collega le chiavi all'indirizzo di allocamento (m posizioni possibili) è detta Hashfunktion (hash function):

$$h : K \rightarrow \{0, \dots, m-1\}$$

Questa funzione non deve essere forzosamente iniettiva, difatti due chiavi con $h(k) = h(k')$ sono dette sinonimi. Quando questo accade succede però anche una collisione, che vedremo come trattare. Per una tabella di grandezza m contenente n chiavi definiamo $\alpha = \frac{n}{m}$ come il fattore di utilizzazione (Belegungsfaktor, utilization factor). Una buona hash function deve essere facile da computare ed evitare il maggior numero possibile di collisioni. Nel nostro caso utilizziamo il cosiddetto Division-Rest-Methode, ma esistono anche altri metodi, quale la moltiplicazione della chiave con un numero irrazionale. Comunque

$$h(k) = k \bmod m$$

Una buona scelta per m è che sia un numero primo.

4.1 Hashing perfetto ed universale

Se il numero di chiavi possibili è minore alla grandezza della tabella e già conosciuto in partenza, possiamo costruire una funzione di hashing iniettiva che evita qualsiasi collisione. In questo caso si parla di hashing perfetto (perfektes Hashing). Nella maggior parte dei casi non sappiamo però se è possibile evitare collisioni. Sia H una collezione finita di hash functions. H si chiama universale se per ogni diversa coppia di chiavi x e y vale:

$$\frac{|\{h \in H : h(x) = h(y)\}|}{|H|} \leq \frac{1}{m}$$

In altre parole H è universale se per ogni coppia di chiavi differenti al massimo la m -esima parte delle funzioni porta ad una collisione. La probabilità che

due chiavi collidano con una funzione di H è dunque al massimo $\frac{1}{m}$. Per una funzione h e due chiavi x e y definiamo:

$$\delta(x, y, h) = \begin{cases} 1 & \text{se } h(x) = h(y) \text{ e } x \neq y \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Per un insieme di chiavi Y , rispettivamente di funzioni H :

$$\delta(x, Y, h) = \sum_{y \in Y} \delta(x, y, h)$$

$$\delta(x, y, H) = \sum_{h \in H} \delta(x, y, h)$$

H è universale quando per due differenti chiavi x e y : $\delta(x, y, H) \leq \frac{|H|}{m}$. Ammettiamo che vogliamo aggiungere la chiave x ad un'hash table universale in cui è già stata salvata una successione S di elementi. Calcoliamo quindi l'Erwartungswert (penso sia il numero di elementi che andrà a collidere con x , pf

Verificare!

verificare):

$$\begin{aligned} E[\delta(x, S, h)] &= \frac{1}{|H|} \sum_{h \in H} \delta(x, S, h) \\ &= \frac{1}{|H|} \sum_{y \in S} \delta(x, y, H) \\ &\leq \frac{1}{|H|} \sum_{y \in S} \frac{|H|}{m} \\ &= \frac{|S|}{m} \end{aligned} \tag{4.1}$$

Adesso dimostriamo che esiste una classe di funzioni hashing universali (tramite esempio).

Theorem 4.2

Sia $|K| = p$ un numero primo e $a \in \{1, \dots, p-1\}, b \in \{0, \dots, p-1\}$. La funzione $h_{a,b} : K \rightarrow \{0, \dots, m-1\}$ viene definita nel modo seguente:

$$h_{a,b}(x) = ((ax + b) \bmod p) \bmod m$$

La classe di funzioni $H = \{h_{a,b} : 1 \leq a < p \text{ e } 0 \leq b < p\}$ è una classe universale di hash functions. Dimostrazione a pagina 197. ■

4.2 Hashverfahren mit Verkettung der Überläufer (Pag. 198)

Penso sia anche chiamato separate chaining. In ogni caso si tratta di un metodo per gestire le collisioni. Quando due chiavi collidono esse vengono semplicemente salvate in una lista. Questo metodo può essere implementato in due modi

differenti, rispettivamente separate Verkettung der Überläufer e direkte Verkettung der Überläufer. Nel primo caso gli elementi della Hashtabelle hanno due campi, uno per il valore e l'altro per il puntatore, mentre nel secondo caso c'è solo un puntatore e tutti gli elementi vengono salvati in una lista esterna. In questo caso la tabella presenta dimensioni più piccole, poiché in ogni voce è salvato solo un puntatore.

Analisi

Poniamo che un indirizzo j abbia la stessa probabilità di essere scelto indipendentemente dagli altri, quindi $p(j) = \frac{1}{m}$, $\forall j$. Con C'_n verrà indicato il tempo (in numero di elementi valutati) di una ricerca infruttuosa, mentre C_n indica una ricerca in cui viene trovato un risultato. Nel caso della direkte Verkettung abbiamo:

$$C'_n = \frac{n}{m} = \alpha$$

$$C_n = 1 + \frac{\alpha}{2}$$

Nell'altro caso cambia solo il tempo della ricerca infruttuosa:

$$C'_n = \alpha + e^{-\alpha}$$

I principali vantaggi di “appendere” una lista alle voci dell'hash table sono quelli della facilità di eliminare una voce e che in questo modo è possibile avere un Belegungsfaktor maggiore delle dimensioni della tabella. Il più grande svantaggio è invece rappresentato dal fatto che serve spazio extra oltre alla tabella stessa.

4.3 Offene Hashverfahren

Attenzione: da non confondere con open hashing (in inglese si dice open addressing). Questo metodo consiste nel salvare le chiavi in voci libere presenti nella tabella. Si introduce pertanto una nuova funzione s in modo da creare una Sondierungsfolge per la ricerca di altri spazi liberi. Definiamo quindi una funzione $s(j, k)$ in funzione del numero di collisioni e della chiave. k verrà dunque salvato alla posizione:

$$(h(k) - s(j, k)) \bmod m$$

Già a partire da questa definizione si può notare che l'allontanamento di una chiave è problematica. Ad esempio se k' collide con k esso verrà salvato in una voce differente. Eliminando k risulta dunque impossibile ritrovare k' . La soluzione a questo problema è quella di indicare k come eliminato senza però cancellarlo definitivamente finché non viene inserita una nuova chiave al suo posto.

Vocabolario

- **Search(k)**: inizia dall'indirizzo $i = h(k)$. Finché $t[i]$ non è libero o l'elemento non è stato trovato vai avanti ed aumenta j . Se si giunge in una casella libera la ricerca è infruttuosa.

- Add(k): prima cerca k . Se è già stata inserita non fare nulla, altrimenti inseriscila nella prima posizione libera.
- Delete(k): cerca k e marca l'indirizzo i come eliminato.

```

//Array t
//Array mark

search(Dato ds)
    int i,j
    j=0 //collisioni
    do
        i=(h(ds.key)-s(j,ds.key)) mod m
        j++
    until
        t[i].key==ds.key || mark[i]==free
    if mark[i]==occupied
        ds.item=t[i].item
    else
        print ("Ricerca infruttuosa")

add (Dato ds)
    int i,j
    j=0 //collisioni
    do
        i=(h(ds.key)-s(j,ds.key)) mod m
        j++
    until
        mark[i] != occupied
        //ammettiamo che la chiave non sia stata inserita in precedenza
    t[i]=ds
    mark[i]=occupied

delete (int k)
    int i,j
    j=0 //collisioni
    do
        i=(h(ds.key)-s(j,ds.key)) mod m
        j++
    until
        t[i].key==k || mark[i]==free
    if mark[i]==occupied
        mark[i]=deleted
    else
        print ("Chiave non presente")

```

4.3.1 Lineares Sondieren

$$s(j, k) = j$$

Abbastanza inefficiente, poiché grossi pezzi occupati tendono a crescere ancora di più, aumentando così il numero di collisioni.

$$C'_n = \frac{1}{2} \left(1 + \frac{1}{(1-\alpha)^2} \right)$$

$$C_n = \frac{1}{2} \left(1 + \frac{1}{(1-\alpha)} \right)$$

4.3.2 Quadratisches Sondieren

$$s(j, k) = \lceil \frac{j}{2} \rceil^2 (-1)^j$$

In questo modo si riesce a sondare molto più velocemente, ma il fenomeno del sekundäre Häufung (secondary clustering) influenza l'efficienza. Due sinonimi hanno difatti la stessa sequenza durante la ricerca proprio come nel lineares Sondieren.

$$C_n = 1 + \ln \left(\frac{1}{1-\alpha} \right) - \frac{\alpha}{2}$$

$$C'_n = \frac{1}{1-\alpha} - \alpha + \ln \left(\frac{1}{1-\alpha} \right)$$

4.3.3 Double hashing

$$s(j, k) = jh'(k)$$

In cui h' è una seconda hash function. Per scegliere una buona funzione h' bisogna essere sicuri che il risultato non sia influenzato dal risultato della prima, quindi che abbiano probabilità disgiunte. Da ricordarsi che $h'(k) \neq 0$ e che non sia divisore di m . Normalmente i tempi sono i seguenti:

$$C'_n = \frac{1}{1-\alpha}$$

$$C_n = \frac{1}{\alpha} \ln \left(\frac{1}{1-\alpha} \right)$$

Grazie all'algoritmo di Brent è però possibile migliorare il tempo della ricerca con successo:

//hh = la seconda hash function

```
BrentEinfuegen (Datensatz ds)
  int i, b, bb
  i=h(ds.key)
  while mark[i]=occupied
    b=(i-hh(ds.key)) mod m
    bb=(i-hh(t[i].key)) mod m
    if mark[b]==free || mark[bb]=occupied
      i=b
    else
      swap (da, t[i])
      i=bb
  t[i]=ds
  mark[i]=occupied
```

Grazie a questo algoritmo il tempo diventa il seguente:

$$C_n = 1 + \frac{\alpha}{2} + \frac{\alpha^3}{4} + \dots < 2,5$$

4.4 Dynamische Hashverfahren (Pag. 225)

In questa sezione tratteremo di un sistema di hashing dinamico, vale a dire in cui la dimensione della tabella hash varia in base al numero di elementi che ospita. Risulta quindi necessario trovare una funzione hash che cambi col tempo. Questo principio si applica molto bene quando la hash table si situa in una memoria esterna, ad esempio un hard disk. Anche in questo caso (come nei B-Bäume) dividiamo il disco rigido (Festplatte) in m blocchi, ognuno dei quali ospita b elementi. Siano m il numero di blocchi, n il numero di elementi e ds un dato. Da notare che gli indirizzi dei blocchi vanno in questo caso da 0 ad $m - 1$. Di seguito ecco il principio generale:

```
add (Dato ds)
    while (hd con m blocchi e n chiavi troppo piccolo per ds)
        //inserisci un nuovo blocco all'indirizzo m
        //scegli un indirizzo i tra 0 ed m-1
        //adatta la funzione h
        //dividi i dati del blocco i in funzione di h tra i ed m
        m=m+1
    //inserisci ds al blocco con indirizzo h(ds.key)
```

La ricerca consiste soltanto nel controllare il contenuto del blocco $h(k)$. Per la rimozione di un elemento si procede in modo analogo all'inserimento, riducendo di un blocco la tabella se troppo grande.

4.4.1 Lineares Hashing (Pag. 227)

Nell'hashing lineare la funzione h consiste in due funzioni h_1 ed h_2 . Per una grandezza iniziale di m_0 blocchi vale sempre che: $m_0 2^l \leq m \leq m_0 2^{l+1}$, dove l indica il Dateilevel, nonché il numero di volte che si è dovuto raddoppiare la dimensione dei blocchi. Per ogni chiave vale $h_2(k) = h_1(k)$ oppure $h_2(k) = h_1(k) + m_0 2^l$. Un esempio concreto di funzioni è il seguente: $h_1(k) = k \bmod (m_0 2^l)$, $h_2(k) = k \bmod (m_0 2^l)$. Le collisioni vengono trattate nel seguente modo: finché c'è spazio nel blocco primario vengono aggiunte le chiavi, dopodiché viene inserito un puntatore ad un blocco esterno (blocco secondario). Da notare che questo blocco secondario è da contare come memoria extra utilizzata. Il fattore per aumentare la dimensione della tabella di un blocco è il fattore di occupazione $\frac{n}{bm}$. Quando questo fattore supera una certa soglia viene aggiunto un nuovo blocco.

Esempio In questo esempio utilizziamo la seguente funzione: rappresentando i numeri in forma binaria essi vanno a finire nel blocco il cui indirizzo corrisponde ai most significant bit della chiave (letti al contrario).

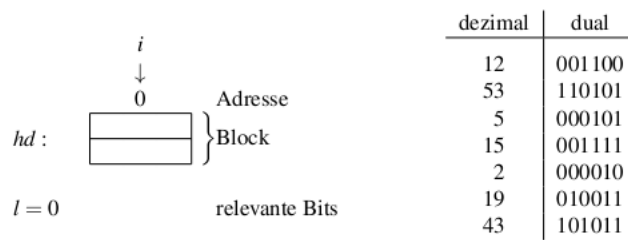


Abbildung 4.3

Beispiel: Betrachten wir die mit linearem Hashing und der beschriebenen ordnungserhaltenden Hashfunktion organisierte Hashdatei, die sich durch Einfügen der Schlüssel 12, 53, 5, 15, 2, 19, 43 in dieser Reihenfolge in die Hashdatei ergibt, die anfangs aus einem leeren Datenblock besteht ($m_0 = 1$). In jedem Datenblock können bis zu zwei Datensätze gespeichert werden; wir zeigen im Folgenden nur deren Schlüssel. Wählen wir 0.9 als Schwellenwert des Belegungsfaktors zum Erweitern der Datei und die feste Darstellungslänge von 6 Bits für jeden Schlüssel, so ergibt sich bei der in Abbildung 4.3 gezeigten Ausgangssituation vor dem Einfügen des zweiten Schlüssels ein Split des Blocks 0 in Blöcke 0 und 1 und nach dem Eintragen dieses Schlüssels die in Abbildung 4.4 gezeigte Situation.

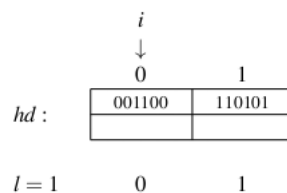


Abbildung 4.4

Schlüssel 5 kann auf dem freien Platz in Block 0 gespeichert werden; der Schwellenwert für den Belegungsfaktor wird nicht überschritten. Dies geschieht erst bei der Einfügung von Schlüssel 15. Hierbei wird ein neuer Block, nämlich mit Adresse 2, an die Hashdatei angehängt. Die in Block 0 gespeicherten Schlüssel werden gemäss ihrem zweiten Bit auf Blöcke 0 und 2 verteilt: Schlüssel mit führenden Bits 00 bleiben im Block 0, Schlüssel mit führenden Bits 01 (solche treten bisher nicht auf) werden in Block 2 gespeichert (01 rückwärts gelesen ergibt 10, also die duale Darstellung der Hashadresse 2). Dann wird der einzufügende Schlüssel 15 gemäss seiner beiden führenden Bits in Block 0 eingetragen. Hierbei muss für Block 0 ein Überlaufblock angelegt werden. Die Adresse des Überlaufblocks entstammt einem anderen Adressbereich und sei hier nicht von Bedeutung. Damit ergibt sich die in Abbildung 4.5 dargestellte Situation.

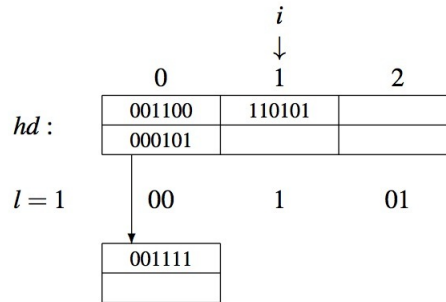
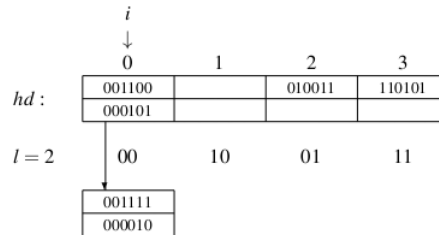


Abbildung 4.5

Schlüssel 2 kann ohne weitere Reorganisation der Datei in Block 0 (genauer: Dessen Überlaufblock) eingefügt werden. Erst Schlüssel 19 führt wieder zu einem Überschreiten des Schwellenwerts des Belegungsfaktors und damit zum Anhängen eines neuen Datenblocks an die Hashdatei. Damit ist eine weitere Dateiverdoppelung beendet und wir erhalten die in Abbildung 4.6 gezeigte Situation. Schliesslich kann Schlüssel 43 in Datenblock 1 eingetragen werden und die Folge der Einfügungen ist beendet.



```

add (Datensatz ds, int m,n,i,l, double schwelle)
    if (n+1)/(b*m)>schwelle
        //riserva un blocco con indirizzo m
        //dividi i dati del blocco i secondo h(l+1)
        m++
        if i<m0*2^l-1
            i++
        else
            i=0
            l++
        n++
    if (i<=h(l)(ds.key) && h(l)(ds.key)<=m0*2^l-1)
        //scrivi ds nel blocco h(l)(ds.key)
    else
        //scrivi ds nel blocco h(l+1)(ds.key)

```

4.4.2 Virtuelles Hashing (Pag. 232)

Con questo tipo di hashing si evitano totalmente gli Überlaufblöcke. La dimensione della tabella raddoppia ogni qualvolta si vuole inserire una chiave in un blocco pieno. Vengono salvati inoltre l bit: $bit_i = 1$ quando la funzione h_i indirizza troppe chiavi in quel blocco.

Esempio Guardiamo l'esempio trattato in precedenza. Le chiavi 12 e 53 vengono indirizzate inizialmente nello stesso blocco. L'inserimento di 5 porta a dover raddoppiare la dimensione della tabella, quindi alla seguente situazione:

	0	1
hd	001100	110101
	000101	
bit0	1	

Adesso viene inserito 15. Dapprima si testa $h_1(15) = 0$, ma siccome $bit_0 = 1$ si deve testare $h_2(15) = 0$. È dunque necessario un ulteriore ampliamento, che porta alla seguente situazione:

	0	1	2	3
hd	001100	110101		
	000101			
bit0	1			
bit1	1	0		

Ancora una volta 15 verrebbe inserito nel primo blocco, quindi è necessario aumentare nuovamente le dimensioni.

	0	1	2	3	4	5	6	7
hd	000101	110101			001100			
					001111			
bit0	1							
bit1	1	0						
bit2	1	0	0	0				

Ora vogliamo inserire 2. Otteniamo dapprima $bit_0(h_0(2)) = bit_1(h_1(2)) = bit_2(h_2(2)) = 1$. Dato che $l = 3$ la chiave viene infine inserita nel blocco $h_3(2) = 0$. 19 viene inserito rispetto ad h_2 nel blocco 2 e 43 al secondo colpo nel blocco 1. Di seguito ecco la situazione finale:

	0	1	2	3	4	5	6	7
hd	000101	110101	010011		001100			
	000010	101011			001111			
bit0	1							
bit1	1	0						
bit2	1	0	0	0				

È quindi evidente che l'attuale indirizzo di una chiave k è dato da:

```
int find_address(Key k)
    j=0
    while (j<l && bit_j[h_j(k)]==1)
```

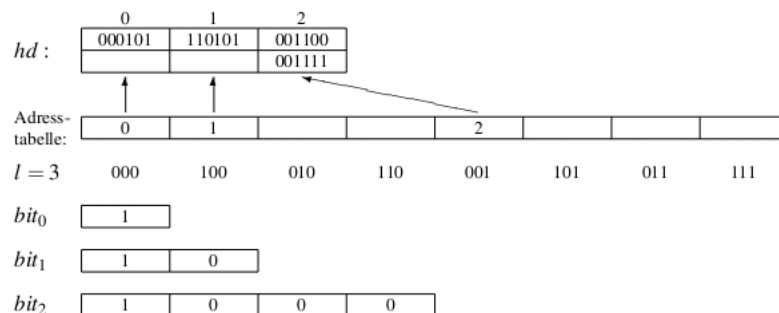
```

        j++
        h(k)=h_j(k)
        return h(k)

add(Datensatz ds)
    int j
    int address=find_address(ds.key)
    while (block[address].isFull)
        if j=1
            //raddoppia hd
            l++
            //crea bit_j=(0,...,0)
            bit_j[h_j(ds.key)]=1
            //dividi valori di h_j(ds.key) secondo h_{j+1}
            //determina nuovamente h_j(ds.key)
            //scrivi ds nel blocco h_j(ds.key)

```

Per evitare che ogni volta venga raddoppiato il numero dei blocchi si rende questo processo virtuale. Nella tabella vengono salvati soltanto gli indirizzi dei blocchi in cui sono salvati i dati (che aumentano uno alla volta). Risulta possibile dimostrare che l'utilizzo di memoria medio si aggira attorno a $\log(2) = 0,69$.



4.4.3 Erweiterbares Hashing (Pag. 236)

Grazie ad extendible hashing è possibile trovare l'indirizzo di una chiave ricercata con al massimo 2 accessi alla memoria esterna. Il sistema prevede di utilizzare tutti gli indirizzi disponibili. Nell'esempio precedente c'è un solo numero che inizia con 1 ma 4 celle nella tabella degli indirizzi. Si potrebbe benissimo utilizzarne solo uno. Con * vengono marcati indirizzi fittizi, vale a dire blocchi in cui non viene salvato niente.

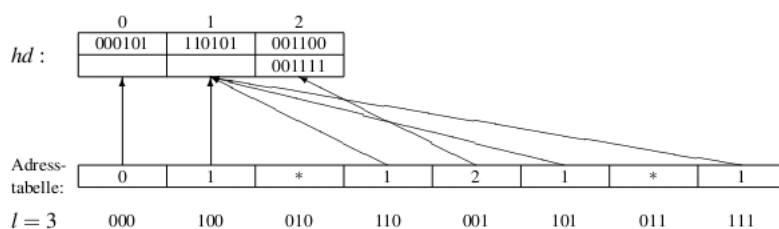


Abbildung 4.12

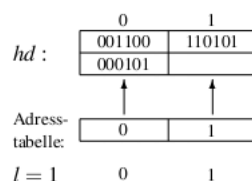


Abbildung 4.13

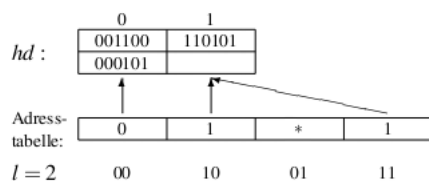
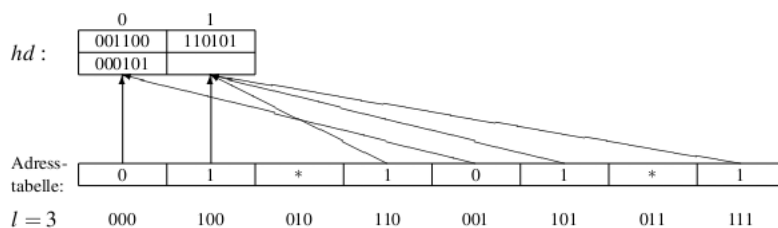


Abbildung 4.14

Iniziamo dal principio: l'inserimento delle prime 3 chiavi porta all'immagine 4.13. L'inserimento di 15 provoca due divisioni (Split) del blocco 0 (poiché un solo split non basta per dividere i due elementi contenuti, che iniziano entrambi con 00). Si arriva dunque alla seguente situazione (la tabella degli indirizzi è già stata raddoppiata, ma non il blocco):



Adesso risulta possibile sdoppiare il blocco 0, che porta al risultato già esposto nella figura 4.12. Ammettendo che sia la tabella degli indirizzi sia i blocchi siano salvati su una memoria esterna si arriva all'elemento ricercato in massimo due accessi. Per evitare di dover fare ulteriori accessi mentre si inserisce un nuovo elemento bisogna marcarsi, oltre che al livello l (a volte chiamato anche

globale Tiefe), la lokale Tiefe di ogni blocco. Essa è definita come la lunghezza minore del prefisso che differisce una chiave dalle altre. Ad esempio nell'ultima immagine è sempre 1, mentre nella 4.12 per il blocco 0 e 2 è 3. L'eliminazione di una chiave avviene all'opposto dell'inserimento: prima viene cancellata dal blocco, dopodiché si verifica se il blocco può essere unito con un altro (fratello, con la stessa lokale Tiefe). Quando la lokale Tiefe diventa minore della globale Tiefe è possibile dimezzare l'Adresstabelle. In questo caso l'occupazione media ammonta a $\frac{n}{b} \log(2)$ blocchi, vale a dire che l'occupazione media di un singolo blocco è del 69%.

Capitolo 5

Bäume

A volte può essere molto utile simulare le seguenti strutture dati. Questo può essere fatto semplicemente visitando il sito: <http://www.cs.usfca.edu/~galles/visualization/Algorithms.html>.

5.1 AVL-Tree (Pag. 284)

Abbiamo visto che un albero binario naturale può degradare ad una lista. In tal caso la ricerca di un elemento richiede un tempo pari a $\Theta(n)$, poiché l'altezza dell'albero diventa n e non più $\log(n)$. Gli alberi AVL mantengono invece questa proprietà: essi sono difatti nominati bilancierte Binärbäume (self-balancing binary trees). La condizione di base è difatti che per ogni nodo dell'albero l'altezza del figlio sinistro differisce da quello destro di al massimo 1. Può essere dimostrato che un albero AVL di altezza h contiene al minimo n elementi, dove:

$$n \geq F_{h+2} = 1,7171 \times 1,618^h$$

Quindi risolvendo secondo l'altezza:

$$h \leq 1,44 \cdot \log_2(n) + 1 \in O(\log(n))$$

Suchen

È dunque chiaro che applicando la ricerca come in normali alberi binari ordinati si impiega sempre $O(\log(n))$.

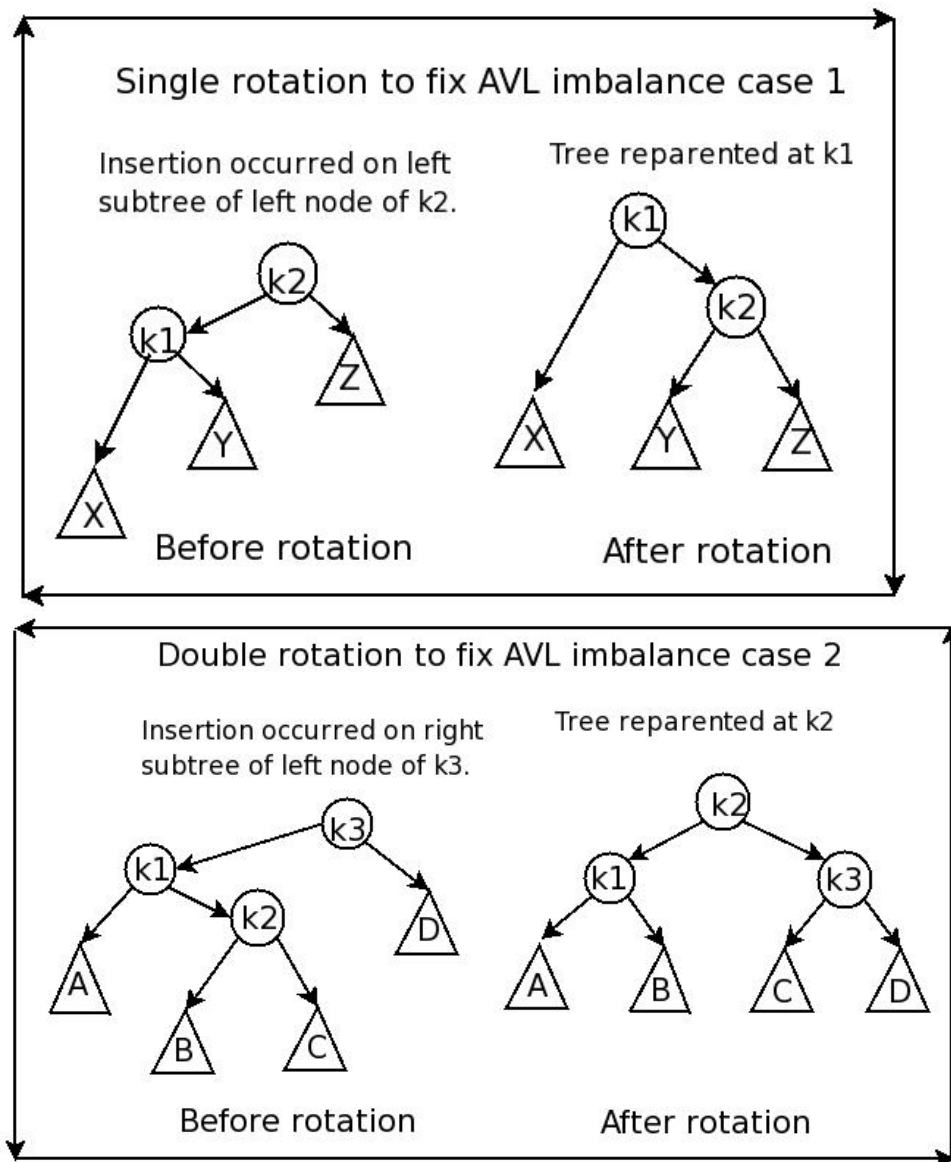
Einfügen

Non è sempre detto che aggiungendo un elemento all'albero esso mantenga le sue proprietà AVL. Definiamo dunque:

$$bal(p) = \text{Altezza del sottoalbero di destra} - \text{altezza sottoalbero di sinistra}$$

Chiaramente $bal(p) \in \{-1, 0, 1\}$. Per inserire una nuova chiave facciamo innanzitutto una ricerca per quel valore. Se la chiave viene trovata non dobbiamo far nulla poiché è già presente nell'albero, altrimenti la ricerca finisce in una foglia vuota, rappresentante l'ipotetica posizione della chiave. Noi inseriamo la nuova

chiave in quella posizione, dopodiché aggiustiamo le condizioni AVL chiamando la procedura `upin(p)`, dove p è il padre della nuova chiave. La condizione di uscita dal metodo `upin` è che `bal(p)` diventi 0. In tutti gli altri casi il metodo viene applicato ricorsivamente fino alla radice, quindi non più di $O(\log(n))$ volte. Definiamo con pp il padre della chiave p . Ci sono due casi: p è il figlio sinistro di pp , o il destro. Entrambi i casi sono analoghi, analizzeremo però il primo caso. Se le condizioni AVL continuano ad essere mantenute durante gli “aggiornamenti” della variabile `bal`, il tutto prosegue normalmente. Può però accadere che $|bal(pp)| > 1$, quindi bisogna intervenire con una rotazione o una doppia rotazione:



Entfernen

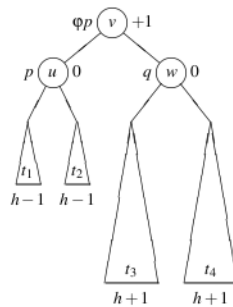
1. Se la chiave che si vuole allontanare non ha figli la si elimina direttamente e si chiama il metodo `upout(p)` al padre (analogo a `upin`)
2. Se la chiave p ha un solo figlio q per forza q non può avere figli. q prende quindi la posizione di p , dopodiché viene chiamato `upout(pp)`.
3. Se p ha invece due figli si inverte la posizione di p con il suo successore/predecessore simmetrico finché la situazione non si riduce ad una precedente. Anche in questo caso viene chiamato `upout`.

non ho capito bene, Fall 3 Pag. 293

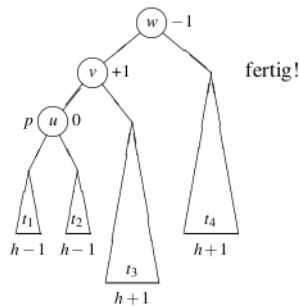
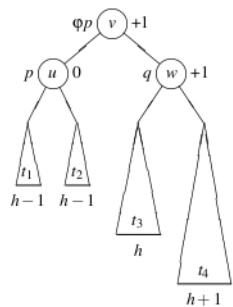
Il metodo `upout` è analogo ad `upin`, cambia soltanto l'invariante (condizione d'uscita quando $bal(pp) = 1$) e l'ordine delle rotazioni:

5.2 Balancierte Binärbäume

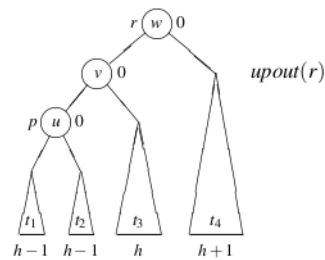
295

Fall 1.3.1 [$bal(q) = 0$]

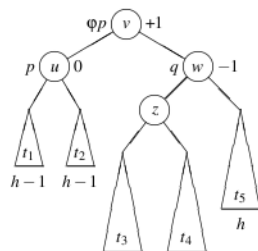
⇒
Rotation
nach links

Fall 1.3.2 [$bal(q) = +1$]

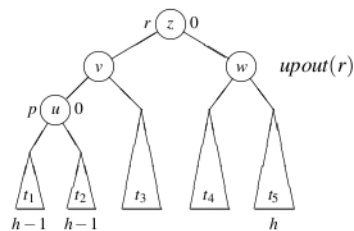
⇒
Rotation
nach links



Man beachte, dass vor dem rekursiven Aufruf von `upout` die Invariante für r gilt!

Fall 1.3.3 [$bal(q) = -1$]

⇒
Doppel-
rotation
rechts-links



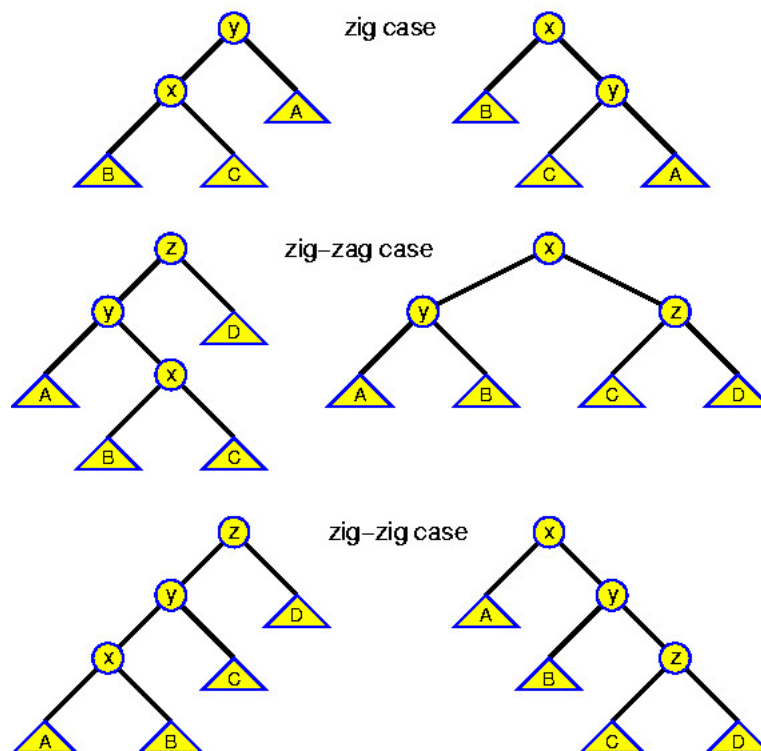
5.2 Splay tree (Pag. 328)

Uno splay tree è un albero binario che può essere visto come una variante di move to front, poiché l'ultima chiave inserita, cercata o eliminata (se non c'è nell'albero viene sostituita dal padre) viene sempre resa radice (move to root strategy) grazie all'operazione `splay(x)`. Quest'ultima è definita nella seguente maniera:

1. Cerca x nell'albero. Sia p il nodo in cui finisce la ricerca, altrimenti il padre della foglia nel caso di una ricerca infruttuosa.
2. Ripeti le seguenti operazioni di ordinamento (zig, zig-zig, zig-zag) finché p non diventa la radice.

Non ci resta che elencare le operazioni:

SPLAY OPERATIONS for NODE X



Vocabolario

- **Insert(x):** eseguire innanzitutto `splay(x)`. Se la radice è x non fare niente, poiché la chiave è già presente nell'albero. Altrimenti nella radice si trova una chiave y che è il precedente/successivo simmetrico di x . Piazza dunque x come radice ed y come figlio sinistro rispettivamente destro.
- **Remove(x):** `splay(x)`. Se la radice non è uguale ad x l'elemento non appartiene all'albero, altrimenti x si trova alla radice. Elimina dunque x e

cerca la chiave più grande nel sottoalbero di sinistra (può essere fatto con `splay(t_l, ∞)`).

- **Search(x):** `splay(x)`. Se la radice è x , l'elemento è stato trovato, altrimenti no.

Un'analisi ammortizzata, descritta completamente nel capitolo 5.4.2, porta al seguente teorema.

Theorem 5.1

L'esecuzione di qualsiasi sequenza di m operazioni, in cui compare al massimo n volte inserisci, su uno splay tree inizialmente vuoto costa $O(m \log(n))$.



5.3 Optimal binary search tree (Pag. 377)

In questo caso abbiamo i seguenti valori (che non cambiano nel tempo) e vogliamo costruire un albero di ricerca ottimale:

- $S = \{k_1, k_2, \dots, k_n\}$ insieme di n chiavi, dove $k_1 < k_2 < \dots < k_n$.
- a_i la probabilità assoluta che venga cercato k_i .
- $I = (k_0, k_{n+1})$ intervallo in cui appartengono le chiavi.
- b_j probabilità assoluta che venga cercato un $x \in (k_j, k_{j+1})$, quindi che non venga trovato.

Definiamo dunque il peso dell'albero come:

$$W = \sum_i a_i + \sum_j b_j$$

La gewichtete Pfadlänge è invece:

$$P = \sum_{i=1}^n (\text{altezza}(k_i) + 1) a_i + \sum_{j=0}^n (\text{altezza}(\text{foglia}(k_i, k_{i+1}))) b_j$$

Un albero di ricerca ottimale T è formato da sottoalberi anch'essi ottimali:

$$P(T) = P(T_l) + \text{peso della radice} + P(T_r) + W(T_l) + W(T_r) = P(T_l) + P(T_r) + W(T)$$

Se T è una foglia $P(T) = 0$. Dividiamo dunque I in sempre più grossi intervalli fino ad ottenere l'albero ottimale secondo i principi della programmazione dinamica. Siano:

- $T(i, j)$ l'albero ottimale per l'intervallo (k_i, k_{j+1}) .
- $W(i, j)$ il peso di $T(i, j)$, dunque $W(i, j) = b_i + a_{i+1} + \dots + a_j + b_j$.
- $P(i, j)$ la gewichtete Pfadlänge di $T(i, j)$.

Grazie alla formula precedente si può calcolare $P(i, j)$ utilizzando l'indice l della radice di $T(i, j)$ e i due sottoalberi $T(i, l-1)$ e $T(l, j)$. Definendo:

$$\begin{aligned} W(i, i) &= b_j \\ W(i, j) &= W(i, j-1) + a_j + b_j \\ P(i, i) &= 0 \\ P(i, j) &= W(i, j) + \min_{i < l \leq j} \{P(i, l-1) + P(l, j)\} \end{aligned}$$

e $r(i, j)$ come gli indici delle radici di $T(i, j)$ possiamo calcolare induttivamente su $h = j - i$ (larghezza dell'albero) l'albero ottimale:

- $h = j - i = 0$: $T(i, i)$ = foglia (k_i, k_{i+1}) . Poni $W(i, i) = b_i$, $P(i, i) = 0$ e $r(i, i)$ indefinito
- $h = j - i = 1 \rightarrow j = i + 1$. Dunque $T(i, i + 1)$ ha k_{i+1} come radice.

$$\begin{aligned} W(i, i + 1) &= W(i, i) + a_{i+1} + W(i + 1, i + 1) \\ P(i, i + 1) &= W(i, i + 1) \\ r(i, i + 1) &= i + 1 \end{aligned}$$

- $h \geq 2$:

$$\begin{aligned} W(i, j) &= W(i, l-1) + W(l, j) + a_l \\ P(i, j) &= P(i, l-1) + P(l, j) + W(i, j) \\ r(i, j) &= l \end{aligned}$$

Il procedimento elencato sopra necessita di $\Theta(n^2)$ di spazio. I casi con $h = 0$ o $h = 1$ possono essere completati in $O(n)$, per il caso $h > 1$:

```

for h=2:n
    for i=0:(n-h)
        j=i+h
        /*trova la max l (i<l<=j) per cui
        P(i,l-1)+P(l,j) diventa minimo*/
        P(i,j)=P(i,l-1)+P(l,j)+W(i,j)
        r(i,j)=l
    end
end

```

Questo procedimento richiede un tempo di:

$$\sum_{h=2}^n \sum_{i=0}^{n-h} O(h+1) = \sum_{h=2}^n O((n-h+1)(h+1)) = O(n^3)$$

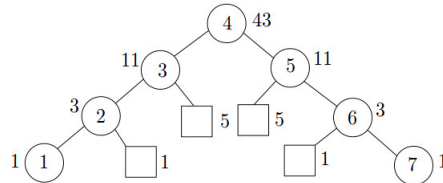
Un possibile miglioramento deriva dal principio di monotonia, cioè:

$$r(i, j-1) \leq r(i, j) \leq r(i+1, j)$$

In questo modo la ricerca di l avviene semplicemente nell'intervallo $r(i, j-1) \leq l \leq r(i+1, j)$. Così si può ridurre il tempo a $O(n^2)$. Per la dimostrazione e un esempio guardare a pagina 380-381. In ogni caso non è sempre conveniente cercare un albero ottimale con questo algoritmo, a volte basta un albero quasi

ottimale. Ad esempio nella Serie 12 è stato calcolato un albero ottimale basandosi semplicemente sul fatto che la somma dei pesi di due sottoalberi sia minore della probabilità del nodo.

- b) An example is $a_1, \dots, a_7 = 1, 3, 11, 43, 11, 3, 1$ and $b_0, \dots, b_7 = 0, 0, 1, 5, 5, 1, 0, 0$ with keys $1, \dots, 7$ (the access frequencies are indicated next to the nodes/leaves):



This example is obtained by defining the weights in a bottom-up fashion. We require that in every subtree the root has a frequency that is higher than the total frequencies of its two subtrees, and that the two subtrees have the same frequency (these conditions are slightly stronger than necessary, but they for sure give the desired tree structure).

5.4 Binary Heap

Abbiamo già in parte visto questa struttura per Heapsort. La sua principale caratteristica è che una chiave $k_i \leq k_{\lfloor \frac{i}{2} \rfloor}$, $2 \leq i \leq n$. In questo caso si tratta di un max Heap, se la relazione è al contrario si tratta di un min Heap.

Vocabolario A seguire l'implementazione di un min heap. Poniamo che le chiavi siano salvate in un array di dimensioni sufficienti. Salviamo inoltre la variabile n , che indica il numero di elementi presenti nell'array.

- **Min**: ritorna $A[1]$
- **Add(x)**: incrementiamo n di 1 e piazziamo x alla posizione $A[n]$. Per restaurare le proprietà dell'heap (x può essere minore del suo predecessore) chiamiamo **bottom-up(i)**.
- **Delete(i)**: chiamiamo **replace(i, A[n])**. Dopodiché la chiave $A[n]$ compare due volte, quindi riduciamo la dimensione dell'heap di 1.
- **Replace(i,k)**: poniamo $k' = A[i]$. Innanzitutto $A[i] = k$, poi dobbiamo distinguere due casi: se $k < k'$ chiamiamo **bottom-up(i)**, altrimenti **shift-down(i)**. Da ricordarsi che **shift-down(i)** altro non è che **versickere(i,n)** trattato nel capitolo "Sort". In ogni caso è analogo a **bottom-up(i)**.

```
bottom-up(int i)
while i>=2
    int j=i/2
    if A[j]<=A[i]
        break
    else
        swap(A[i],A[j])
        i=j
```

Analisi Ogni operazione del vocabolario può essere effettuata in tempo logaritmico.

5.5 B-Bäume

In questa sezione trattiamo di un tipo di albero bilanciato molto importante se si lavora su una memoria esterna. Ci sono due tipi di memorie esterne: quelle con accesso sequenziale, ad esempio una banda magnetica, e quelle che permettono un accesso diretto, come ad esempio i cd e gli hard disk. In questo caso il supporto è diviso in blocchi, accessibili tramite un determinato indirizzo. Nel caso che gli indirizzi possano essere totalmente salvati nella memoria interna è sufficiente fare una "Indextabelle", organizzata ad esempio come albero AVL. Il tempo di accesso ad un indice può essere in questa maniera tralasciato, poiché impiega molto meno che l'accesso e la lettura del blocco da parte del disco rigido. Se però gli indici non possono essere salvati nella memoria del computer è dunque necessario ricorrere a questa particolare struttura dati, in cui i nodi rappresentano le pagine ed ogni nodo contiene chiavi e puntatori verso altri nodi.

Definizione Un B-Baum dell'ordine m (anche $\lceil \frac{m}{2} \rceil - m - Baum$) è definito nel seguente modo:

- Tutte le foglie hanno la stessa altezza
- Ogni nodo interno tranne la radice e chiaramente le foglie ha almeno $\lceil \frac{m}{2} \rceil$ figli
- La radice ha almeno 2 figli
- Ogni nodo ha al massimo m figli
- Ogni nodo con i figli contiene $i-1$ chiavi
- Per ogni nodo p con l chiavi s_1, \dots, s_l e $(l+1)$ figli p_0, \dots, p_{l+1} tutte le chiavi del sottoalbero $T_{p_{i-1}}$ minori di s_i che a sua volta è minore di tutte le chiavi in T_{p_i}

In numero di foglie è sempre superiore di uno a quello delle chiavi. Da qui segue che:

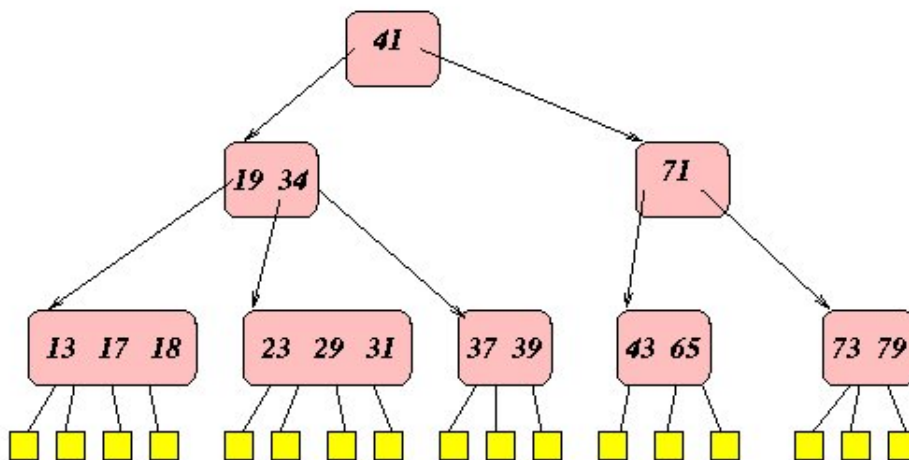
Theorem

$N_{min} = 2^{\lceil \frac{m}{2} \rceil^{h-1}} \leq N + 1 \leq m^h = N_{max}$, quindi che:

$$\log_m(N + 1) \leq 1 + \log_{\lceil \frac{m}{2} \rceil} \left(\frac{n + 1}{2} \right)$$

L'altezza dell'albero appartiene dunque alla classe $O(\log(n))$. Dimostrazione a pagina 343 (deriva direttamente dai sei punti di definizione).

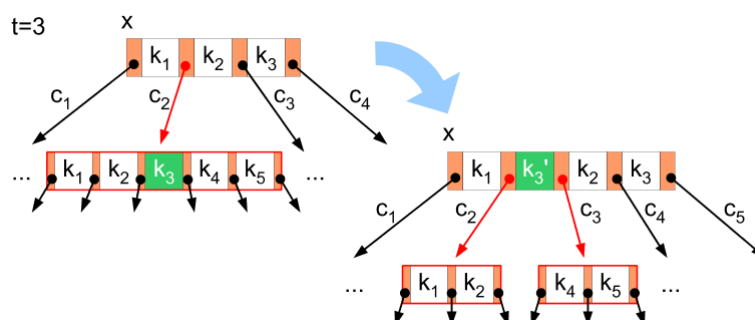
■



Search La ricerca di una chiave può essere vista come una generalizzazione della ricerca bianria. Da notare che la ricerca all'interno di un nodo avviene nella memoria principale (poiché il blocco viene interamente caricato), quindi può essere trascurata.

Extend Per aggiungere una nuova chiave si cerca innanzitutto nell'albero. La ricerca finisce senza successo in una foglia rappresentante la posizione in cui avrebbe dovuto trovarsi la chiave (chiamiamola x). Sia p il padre di questa foglia con l chiavi.

- Se p ha ancora meno di $m-1$ chiavi inserisci x nelle chiavi di p e crea una nuova foglia (bisogna aggiungere anche un puntatore).
- Se p ha già $m-1$ chiavi aggiungiamo dividiamo in due il nodo (da una parte tutte le chiavi $> x$ e dall'altra tutte quelle $<$). Dopodiché aggiungiamo x al padre di p assieme ad un puntatore che punta su una delle due parti (vedi immagine).



Dato che l'altezza dell'albero è logaritmica è chiaro che la ricorsione va avanti per massimo $O(\log(n))$ volte.

Remove Funziona in modo analogo ad extend ma con una ricorsione al contrario: se dopo l'eliminazione ci sono meno chiavi del numero consentito si unisce il nodo con un fratello.

Capitolo 6

Manipolazioni di dati

6.1 Priority Queue (Pag. 404)

Le priority queue (in tedesco dette Vorrangswarteschlangen) sono semplicemente delle code in cui ad ogni elemento è abbinata una priorità. Ad esempio chi ha il numero più basso passa prima di chi ha il numero più alto. Esse possono essere implementate in due differenti modi.

Heap Il primo e più efficiente metodo è quello di usare un heap come una coda prioritaria. È possibile estrarre il minimo in tempo costante, inserire e rimuovere elementi in tempo logaritmico. L'unico problema è unire due heap. Questo può essere effettuato demolendo le strutture precedenti e creando un nuovo albero in $O(n + k)$ passi.

Lista Il metodo più intuitivo è forse quello di usare una semplice lista. Per unire due liste basta puntare il puntatore dell'ultimo elemento al primo della nuova lista. L'aggiunta di un nuovo elemento avviene in tempo costante, inserendolo o all'inizio o alla fine, mentre per rimuovere un elemento è necessario cercarlo in tutta la lista (quindi $O(n)$). La ricerca del minimo avviene anch'essa come nel caso della ricerca del massimo in un array, quindi in $O(n)$. Una possibile variante è quella di ordinare gli elementi in ordine crescente. In questo caso il minimo può essere trovato in tempo costante, ma per inserire, rimuovere ed unire due liste si impiegherebbe $O(n)$.

6.2 Fibonacci heap (Pag. 420)

I Fibonacci heap (anche chiamati F-Heap) sono collezioni di heap con insiemi di chiavi disgiunti. Le radici degli alberi sono collegate da una doppia lista lineare circolare. Ogni nodo ha un puntatore sul padre e su uno dei suoi figli. Inoltre i figli sono uniti da una doppia lista circolare. Il puntatore dell'heap indica direttamente l'elemento minimo, quindi la radice con il valore più piccolo.

```
class HeapNode<Comparable>
    //parametri salvati
    HeapNode<E> destro, sinistro
```

```

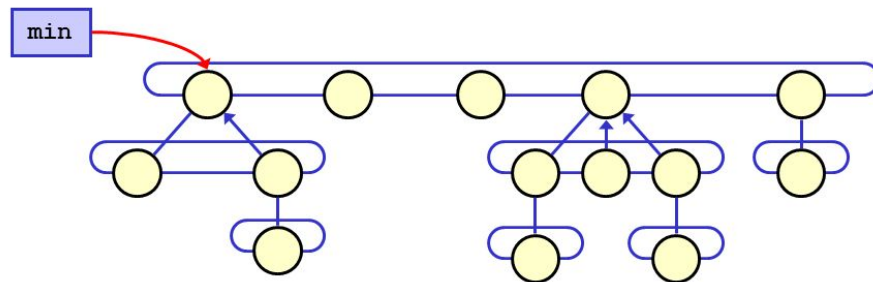
HeapNode<E> padre, figlio
Comparable chiave
int rango, marcato

```

23

Fibonacci-Heaps

Def.: Ein *Fibonacci-Heap* ist eine Datenstruktur, die einen Wald von Bäumen mit Heapeigenschaft besitzt. Jeder der Knoten (außer den Wurzeln) trägt ein zusätzliches Markierungsbit **mark**. Das Element **min** zeigt auf die kleinste Wurzel des Walds. Die Wurzeln sind doppelt zyklisch verkettet, ebenso die Kinder eines jeden Knotens.



Vocabolario

- **Insert(x)**: costruisci un F-Heap h' formato dalla sola chiave x ed uniscilo con h tramite **meld(h')**.
- **Min**: il minimo è indicato dal puntatore dell'heap.
- **Meld(h')**: inserisci la radice di h' nella lista di radici di h . L'elemento più piccolo tra il minimo di h e quello di h' diventa l'elemento minimo del nuovo F-Heap. Chiaramente le precedenti operazioni possono essere eseguite in tempo costante.
- **DeleteMin**: I figli del minimo vengono inseriti nella lista delle radici, dopodiché il minimo viene rimosso. In seguito coppie di heap dallo stesso rango r vengono uniti in un heap dal rango $r + 1$ (rendendo la radice più grande figlia di quella più piccola) finché nella Wurzelliste non rimangono più heap dallo stesso rango. Richiede $O(\log(n))$ ammortizzato.
- **Decrease-key(x, k)**: Diminuiamo il valore della chiave x con k .


```

if k > key[x]
    //error "new key is greater than current key"
key[x]=k
y=p[x] //padre di x
if y!=null && key[x] < key[y]
    CUT(H,x,y)
    CASCADING-CUT(H,y)
if key[x] < key[min[H]]
    min[H]=x //il minimo dell'heap diventa x

CUT(H,x,y)
/*
1 remove x from the child list of y, decrementing degree[y]

2 add x to the root list of H
*/
p[x]=null
mark[x]=false

CASCADING-CUT(H,y)
z=p[y]
if z!=null
    if mark[y] == false
        mark[y]= true
    else
        CUT(H,y,z)
        CASCADING-CUT(H,z)

```

Praticamente se incontriamo un nodo già marcato (ha già perso un figlio in precedenza), lo tagliamo ed aggiungiamo nella lista delle radici finché non incontriamo un nodo non marcato o raggiungiamo la radice stessa. In questo caso abbiamo un tempo ammortizzato costante.

- **Delete(x)**: Per eliminare la chiave x la cambiamo con un valore più basso del minimo dell'heap tramite **decrease-key**($x, -\infty$) e poi eliminiamo il minimo. Otteniamo così un tempo ammortizzato pari a **deleteMin**, quindi logaritmico.

capire analisi

6.3 Union-Find-Strukturen (Pag. 428)

Queste speciali strutture servono a manipolare delle classi di equivalenza, vale a dire formate da una relazione di equivalenza o semplicemente delle partizioni (guarda matematica discreta). Le operazioni di vocabolario sono:

- **make-set**(e, i): inserisce un nuovo insieme i con un unico elemento e . i è il nome dell'insieme, mentre si suppone che e non appartenga a nessun altro insieme (si tratta di partizioni).
- **find**(x): restituisce il nome della partizione che contiene x .
- **union**(i, j, k): i due insiemi i e j vengono uniti in un insieme k per poi essere eliminati dalla collezione.

Una possibile rappresentazione di un set è quella di un albero non ordinato. Ogni elemento ha un puntatore sul padre, mentre la radice punta su se stessa e contiene il nome dell'insieme. Una collezione è dunque un array di elementi abbinato ad un altro array p , contenente il padre degli elementi. Ad esempio:

$$\begin{array}{rcl} x & : & a \quad b \quad c \quad d \quad e \quad f \\ p[x] & : & a \quad a \quad a \quad b \quad b \quad f \end{array}$$

Questi array rappresentano la seguente collezione:

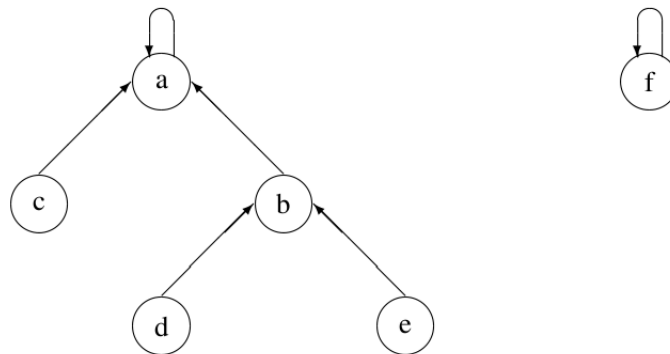


Abbildung 6.18

Per evitare che un set degeneri ad una lista ci sono due soluzioni: l'unione in base alla grandezza o all'altezza. In entrambi i casi l'idea è di rendere l'albero più piccolo un sottoalbero di quello più grande. Necessitiamo dunque di un altro array in cui viene salvata la grandezza. Per semplicità adottiamo una nomenclatura diretta, vale a dire che un insieme porta il nome del suo primo elemento (radice).

```
int[] size, p //di grandezza n
//elementi da 1 a n

make-set(x)
    p[x]=x
    size[x]=1

union(e,f)
    if size[e]<size[f]
        swap(e,f)
    p[f]=e
    size[e]+=size[f]

int find(x)
    int y=x
    while p[y]!=y //non si tratta di una radice
        y=p[y]
    return y
```

Theorem 6.3

Il processo “unione per grandezza” (Vereinigung nach Grösse) conserva la seguente caratteristica: un albero di altezza h ha almeno 2^h nodi.

Dimostrazione Ammettiamo che dobbiamo unire gli alberi T_1 e T_2 e che il primo sia più grande del secondo, quindi $g(T_1) \geq g(T_2)$. Secondo l'ipotesi T_i ha almeno 2^{h_i} nodi.

- **Caso 1:** $altezza(T_1 \cup T_2) = \max\{h_1, h_2\}$ Quindi l'altezza dell'unione è per forza almeno $2^{altezza(T_1 \cup T_2)}$.
- **Caso 2:** l'altezza del $\max\{h_1, h_2\}$ è cresciuta di uno. Questo è possibile solo se $altezza(T_1 \cup T_2) = h_2 + 1$. Quindi:

$$g(T_1) \geq g(T_2) \geq 2^{h_2}$$

$$g(T_1 \cup T_2) = g(T_1) + g(T_2) \geq 2 * 2^{h_2} = 2^{h_2+1} = 2^{altezza(T_1 \cup T_2)}$$

■

Come diretta conseguenza **find(x)** impiega al massimo $\log(n)$ passi. Le altre operazioni sono fattibili in tempo costante.

Capitolo 7

Tecniche per lo sviluppo di algoritmi

7.1 Dynamische Programmierung

7.1.1 Principio

Il principio di base della programmazione dinamica è quello di descrivere il problema in una tabella. Da un certo punto di vista è simile all'induzione, ma al posto di procedere in modo ricorsivo si sfruttano i dati già calcolati nelle righe e colonne precedenti. Lo spazio richiesto rispecchia le dimensioni della tabella (diciamo nm), mentre la complessità è $O(mnc)$, dove c è la complessità necessaria per riempire una cella. Per leggere la soluzione bisogna solitamente leggere il risultato nella cella (n, m) per poi procedere con il backtracking.

7.1.2 Rucksackproblem (Pag. 452)

Sia G la capienza massima dello zaino, $w[i]$ il valore dell' i -tesimo oggetto e $g[i]$ il peso di esso. La formula ricorsiva per la soluzione del problema è la seguente:

$$\text{maxvalue}(i, g) = \max\{\text{maxvalue}(i-1, g), w[i] + \text{maxvalue}(i-1, g - g[i])\}$$

```
int maxvalue (int[] w, int[] g, int G)
int n=w.length
int[] [] maxvalue=new int[n+1][G+1]
//initialize
for g=0:G
    maxvalue[0][g]=0
for i=1:n
    maxvalue[i][0]=0
//induction
for i=1:n
    for j=1:G
        maxvalue[i][g]=maxvalue[i-1][g]
        if g[i]<=g && maxvalue[i-1][g-g[i]]+w[i]>maxvalue[i][g]
            maxvalue[i][g]=maxvalue[i-1][g-g[i]]+w[i]
```

7.1.3 Längste gemeinsame Teilfolge (Pag. 456)

In questo caso:

$$LGT(n, m) = \begin{cases} LGT(n-1, m-1) + 1 & \text{se } a_n = b_m \\ \max\{LGT(n-1, m), LGT(n, m-1)\} & \text{altrimenti} \end{cases}$$

In questo caso la tabella avrebbe la forma seguente:

<i>LGT</i>	<i>—</i>	<i>K</i>	<i>R</i>	<i>I</i>	<i>S</i>	<i>E</i>
<i>—</i>	0	0	0	0	0	0
<i>L</i>	0	0	0	0	0	0
<i>I</i>	0	0	0	1	1	1
<i>E</i>	0	0	0	1	1	2
<i>B</i>	0	0	0	1	1	2
<i>E</i>	0	0	0	1	1	2

7.2 Branch and bound

```

BranchAndBound(Problem P )
1 Berechne globale untere Schranke, falls existent.
2 while Optimum nicht gefunden do
3   if obere Schranke in jedem Blatt <= untere Schranke then
4     Optimum gefunden. STOP
5   Waehle Blatt v mit maximaler oberer Schranke
6   if v hat keine gueltige Erweiterung then
7     Markiere v als nicht erweiterbar
8   for each gueltige Erweiterung der an v gespeicherten Teilloesung do
9     Erzeuge einen Nachfolgerknoten w von v, der die entsprechend
      erweiterte Teilloesung s w speichert
10    Schliesse auf erzwungene Teile von s w
11    Berechne obere Schranke von s w
12    Aktualisiere untere Schranke, falls noetig

```

Capitolo 8

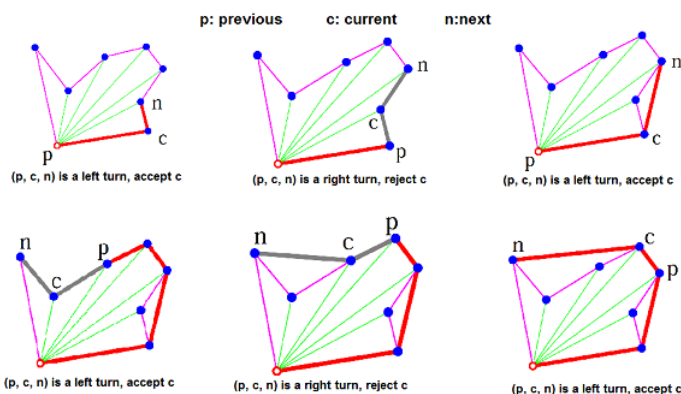
Geometrische Algorithmen

8.1 Konvexe Hülle (Pag. 472)

Di seguito presenterò soltanto la soluzione migliore che si può trovare senza utilizzare il principio Scan line, vale a dire Graham's scan. La Konvexe Hülle altro non è che una figura che contiene tutti i punti (noi siamo interessati nella minima, quindi quella formata da meno segmenti).

8.1.1 Graham's scan

Si sceglie inizialmente un qualsiasi punto (al centro) e si calcolano le equazioni delle rette che connettono il punto scelto con gli altri punti. Dopodiché si ordinano i punti in base all'angolo (dato dalla pendenza), partendo da ore sei e procedendo in senso antiorario (vedi immagine). Dopodiché non rimane che collegare i punti seguendo questo ordine. Dato che siamo interessati alla minima Konvexe Hülle, se un segmento va verso sinistra (in relazione al senso di marcia antiorario) per poi tornare verso destra significa che questi due segmenti possano essere sostituiti da un segmento più lungo. Bisogna in seguito anche ricontrollare i segmenti precedenti.



In the above algorithm and below code, a stack of points is used to store convex hull points. With reference to the code, p is next-to-top in stack, c is top of stack and n is points[i].

Secondo l'analisi ammortizzata ogni segmento candidato può essere allontanato al massimo una volta, quindi $O(n)$. Il costo dell'algoritmo è quindi dato dal sort, quindi si tratta di $O(n \log(n))$.

8.2 Scan line principle

8.2.1 Il principio (Pag. 478)

Il principio consiste nell'analizzare il problema utilizzando una linea verticale (o anche orizzontale), la scan line, che si ferma ad ogni punto discreto analizzando il problema. Risulta quindi necessario ordinare questi punti in base ad una determinata coordinata. La scan line divide gli oggetti geometrici in tre tipi: attivi (sulla scan line), morti (a sinistra) e inattivi (a destra). Di seguito l'algoritmo:

```

Q=insieme di punti discreti (Haltepunkten)
L=null //punti attivi
while !Q.isEmpty()
    //scegli il prossimo punto p da Q ed allontanalo da Q
    update(L,p) //aggiorna gli oggetti attivi
    //risolvi la parte del problema

```

8.2.2 Sichtbarkeitsproblem (Pag. 480)

Come esempio facile osserviamo questo problema. Dato un insieme di segmenti orizzontali ritorna le coppie visibili tra di loro, vale a dire che possono essere collegati da una retta verticale senza che essa si incroci con altri segmenti.

```

Q=punti di inizio e fine segmento ordinati secondo l'asse Ox
L=null
while !Q.isEmpty()
    p=Q.next
    if (p punto sinistro del segmento s)
        L.add(s)
        //trova i vicini f e g di s in L
        //ritorna le coppie (s,f) e (s,g)
    else
        //trova i vicini f e g di s in L
        L.remove(s)
        //ritorna (f,g)

```

L'algoritmo impiega $O(n \log(n))$ e uno spazio di $O(n)$.

8.2.3 Schnittpunktproblem für iso-orientierte Liniensegmente (Pag. 483)

Il problema è quello di trovare i tutti punti di intersezione, dato un disegno composto di segmenti verticali e orizzontali.

```

Q=insieme delle coordinate x dei punti di inizio e di fine dei segmenti
L=null //insieme dei segmenti orizzontali attivi secondo le coordinate y

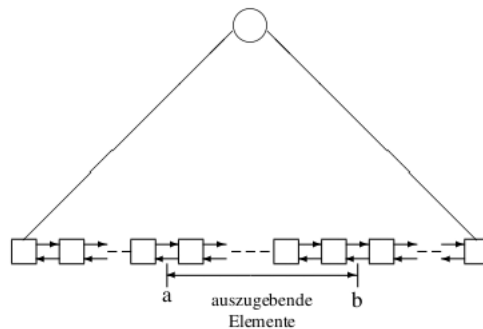
```

```

while !Q.isEmpty
  p=Q.next
  if (p punto sinistro di un segmento orizzontale s)
    L.add(s)
  else if (p punto destro di un segmento orizzontale s)
    L.remove(s)
  else
    /*p coordinata x di un segmento verticale s con delimitato da
      (p,yu) e (p,yo) */
    //trova tutti i segmenti t di L con yu<=y(t)<=yo
    //ritorna questi punti

```

Non ci rimane che trovare la struttura dati ideale per L . Essa deve riuscire ad effettuare delle cosiddette Bereichsanfrage (range query) nel tempo minore possibile. Un'implementazione possibile è quella di organizzare L come un albero AVL in cui le chiavi vengono totalmente salvate nelle foglie (Blattsuchbaum). Inoltre le foglie devono essere collegate da una doppia lista lineare, in modo da poter semplicemente determinare gli elementi tra una chiave ed un'altra.



Una Bereichsanfrage può dunque essere effettuata in $O(\log(n)+r)$ passi, dove r è il numero di elementi tra a e b . La soluzione del problema avviene dunque in $O(n \log(n) + k)$ passi, dove k è il numero di segmenti che si incrociano.

8.2.4 Caso generale

Nel caso generale non abbiamo più segmenti perpendicolari tra loro, bensì segmenti con qualsiasi pendenza. Definiamo dunque una relazione d'ordine totale tra i segmenti in un determinato punto, chiamata $>_x$. $A >_x B$ se la retta verticale passante da x taglia sia A sia B e la coordinata y di A in quel punto è maggiore di quella di B .

```

Q=2n estremi sinistri e destri dei segmenti ordinati secondo asse 0x
L=null //insieme dei segmenti attivi ordinati secondo >_x
found=false
while (!Q.isEmpty && !found)
  p=Q.next
  if (p estremo sinistro di s)
    L.add(s)
    f=figlio di s in L

```

```

g=padre di s in L
if (s interseca f) || (s interseca g)
    found=true
else
    f=figlio di s in L
    g=padre di s in L
    L.remove(s)
    if (f interseca g)
        found=true

```

Quest'algoritmo ha una complessità $O(n \log(n))$ e occupa $O(n)$ spazio extra. Per trovare tutti i punti di intersezione è necessario aggiungere i punti trovati all'insieme dei punti d'arresto Q per cambiare l'ordine dei segmenti. In questo caso è interessante implementare Q come una priority queue (in realtà è più efficiente un albero AVL e trovare ogni volta l'elemento minimo in tempo logaritmico).

```

Q=punti di arresto organizzati come priority queue
L=null //segmenti attivi secondo l'ordine >x
while !Q.isEmpty
    p=Q.extractMin
    if (p estremo sinistro di s)
        L.add(s)
        f=Nachfolger(s,L)
        g=Vorganger(s,L)
        if (s interseca f)
            Q.add(punto di intersezione)
        if (s interseca g)
            Q.add(punto di intersezione)
    else if (p estremo destro di s)
        f=Nachfolger(s,L)
        g=Vorganger(s,L)
        if (f interseca g)
            Q.add(punto di intersezione)
        L.remove(s)
    else
        //p punto di intersezione tra f e g
        //ritorna (f,g)
        L.swap(f,g) //dopo l'intersezione cambia l'ordine dei segmenti
        t=Vorganger(g,L)
        if (g interseca t)
            Q.add(punto di intersezione)
        t=Nachfolger(f,L)
        if (f interseca t)
            Q.add(punto di intersezione)

```

Da ricordarsi che i presupposti del corretto funzionamento dell'algoritmo sono che non esistano segmenti completamente verticali (quindi non hanno due volte la stessa coordinata x) e che un punto di intersezione non possa essere anche un estremo di un segmento. In ogni caso il tempo impiegato dall'algoritmo è $O((n+k) \log(n))$ dove k è il numero di intersezioni. Lo spazio occupato ammonta a $\Omega(n^2)$ ma può essere ridotto ad $O(n)$.

8.2.5 Rechteckschnittproblem (Pag. 502)

In questo caso abbiamo la scan line che si muove dall'alto verso il basso. Il problema a due dimensioni viene ridotto ad una sola dimensione nel seguente modo: per ogni segmento orizzontale si cercano eventuali sovrapposizioni (Überlappungen) con altri segmenti orizzontali di rettangoli attivi.

```

Q=successione di segmenti orizzontali ordinati in verticale
L=null //insieme dei segmenti attivi
while !Q.isEmpty
    q=Q.next
    if (q segmento superiore di R)
        //q=[xl(R),xr(R)]
        /*trova tutti i rettangoli T aventi un intervallo in L
        [xl(T),xr(T)] che si sovrappone con q*/
        L.add(q)
    else
        //q segmento inferiore
        L.remove(q)

```

Per trovare una sovrapposizione dobbiamo rispondere ad una cosiddetta Aufspiessfrage (stabbing query). Tramite gli Intervall-Bäume l'algoritmo impiega $O(n \log(n) + k)$ e uno spazio lineare.

8.3 Divide and conquer

8.3.1 Segmentschnitt (Pag. 493)

Affrontiamo lo stesso problema del paragrafo 7.2.3 tramite divide and conquer.

ReportCuts(S)

- Divide: dividi S con una linea verticale in $S1$ e $S2$. Se S contiene meno di due elementi non fare niente (non possono esserci intersezioni).
- Conquer: **ReportCuts(S1)**, **ReportCuts(S2)**.
- Merge: trova tutte le intersezioni di segmenti orizzontali con estremo sinistro in $S1$ o l'estremo destro in $S2$.

Come strutture dati utilizziamo ($.h$ significa estremo sinistro, h . estremo destro):

- $L(S) = \{y(h) | h \text{ è un segmento orizzontale con: } .h \in S, h. \notin S\}$
- $R(S) = \{y(h) | h \text{ è un segmento orizzontale con: } h. \in S, .h \notin S\}$
- $V(S) =$ insieme dei segmenti verticali di S

La complessità dell'algoritmo è di:

$$T(n) = O(1) + 2T\left(\frac{n}{2}\right) + O(n)$$

Sappiamo che risolvendo la formula si ottiene $O(n \log(n) + k)$. Lo spazio è lineare.

8.3.2 Inklusion für Rechtecke (Pag. 498)

L'obiettivo è di trovare i punti contenuti in rettangoli.

`ReportInc(S)`

- Divide: come in precedenza
- Conquer: `ReportInc(S1)`, `ReportInc(S2)`
- Merge: trova tutte le coppie (p, R) contenute sul bordo della divisione

Anche in questo caso il tempo è quello del paragrafo 7.3.1.

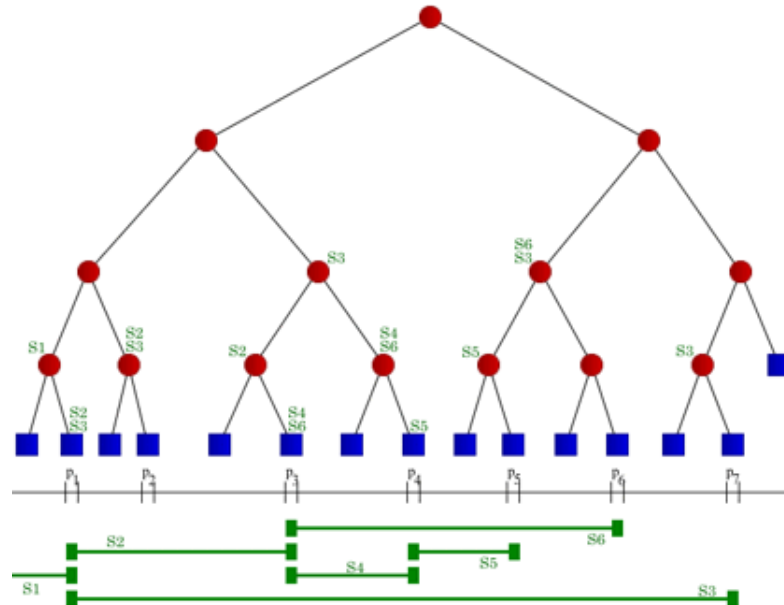
8.3.3 Schnitt für Rechtecke (Pag. 501)

Unendo i due precedenti algoritmi si può risolvere il problema nello stesso tempo. Innanzitutto si rappresentano i rettangoli come quattro segmenti e si trova i punti di intersezione con altri rettangoli, dopodiché si riduce ogni rettangolo ad un punto rappresentativo (ad esempio il centro) e si usa il secondo algoritmo per trovare le inclusioni.

8.4 Strutture dati geometriche

8.4.1 Segment Bäume (Pag. 505)

Praticamente si tratta di un albero binario semi dinamico (vale a dire non espandibile, viene creato una sola volta e riempito in seguito). Le foglie sono gli intervalli elementari, mentre i nodi interni l'unione dei due figli. La radice rappresenta dunque l'intervallo completo S .



Ad ogni nodo/foglia è “appesa” una lista indicante i nomi degli intervalli.

```

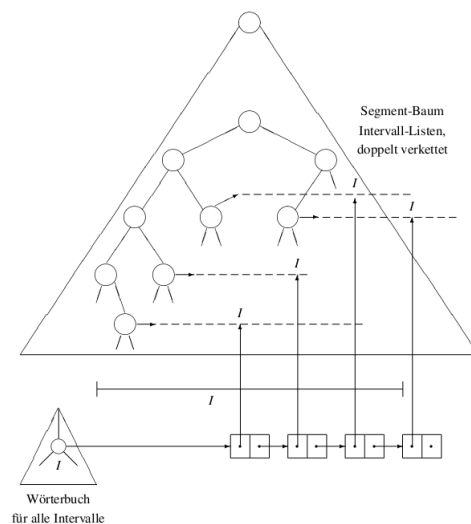
void add(Intervall I, Node p)
    if (I(p) is in I)
        //inserisci I nella lista di intervalli di p
    else
        if (p ha un figlio sinistro s) && (I(s) intersect I)
            add(I,s)
        if (p ha un figlio destro d) && (I(d) intersect I nicht)
            add(I,d)

/*cerchiamo intervallo elementare che contiene x e ritorniamo tutti gli
intervalli in cui x viene contenuto*/
report(Node p, Point x)
    //dai tutti gli intervalli nella lista di p
    if (p ist ein Blatt)
        //fine
    else
        if (p ha un figlio sinistro s) && (x is in I(s))
            report(s,x)
        if (p ha un figlio destro d) && (x is in I(d))
            report(d,x)

```

Per implementare in modo efficiente il metodo remove abbiamo bisogno di un trick: dobbiamo creare una sorta di dizionario, implementato come albero AVL, che contenga i nomi degli intervalli. Ogni nome punta all'inizio di una lista lineare di puntatori, che a loro volta puntano nelle posizioni degli intervalli della struttura base. In questo modo ogni operazione può essere completata in tempo logaritmico. Purtroppo la struttura occupa $O(n \log(n))$ di spazio.

Secondo wikipedia in add I(s) ed I devono intersecarsi, secondo il libro no



8.4.2 Intervall Bäume (Pag. 512)

Vogliamo una struttura dati che riesca a contenere n intervalli in spazio lineare e che esegua tutte le operazioni di vocabolario in tempo logaritmico (tranne l'inizializzazione). Come si può vedere dall'immagine esso è composto da uno

scheletro di intervalli ordinati a cui vengono appese due liste anche ordinate: la *o*-list è ordinata in base ai punti finali, mentre la *u*-list ai punti iniziali.

```

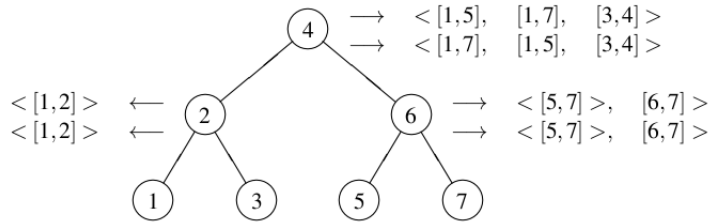
//add an interval I=[a,b] to the node p
add (Interval i, Node p)
  if (p.key is in I)
    //add I in the two lists and finish
  else
    if p.key < a
      add(I,p.right_child)
    else
      add(I,p.left_child)

report(Node p, Point x)
  if x==p.key
    //return the intervals in the o-list (or u-list)
    //finish
  else
    if x < p.key
      /*return all intervals I=[a,b] in the u-list with
        a <= x */
      report(p.left_child,x)
    else
      /*return all intervals I=[a,b] in the o-list with
        b >= x */
      report(p.right_child,x)

```

$$\{[1,2], [1,5], [3,4], [5,7], [6,7], [1,7]\}$$

von Intervallen mit Endpunkten in $\{1, \dots, 7\}$.



Capitolo 9

Graphenalgorithmen

9.1 Topologisches Sortieren (Pag. 597)

Topological sort non è altro che la creazione di una relazione di ordine totale a partire da una parziale (esse possono essere rappresentate in forma di grafi e matrici, vedi Diskrete Mathematik). Una relazione di ordine parziale richiede che il grafo non abbia cicli, quindi si presta bene come test a riguardo.

ord //array che da un ordine ad ogni nodo

```
topSortBasic(Graph G)
    int count=0
    while (G ha almeno un nodo v con indeg=0){
        count++
        ord[v]=count
        G=G-v
    }
    if G=null
        //G senza cicli
    else
        //G ha cicli
```

Questa è l'idea di base dell'algoritmo. Per trovare un nuovo nodo col grado di entrata 0 (nella relazione di ordine parziale non ha valori che lo precedono), si può seguire le frecce in ordine opposto partendo da un nodo qualsiasi. In questo modo si impiega $\Omega(n^2)$ passi per l'algoritmo. Una variante più efficiente è la seguente:

```
topSort(Graph G)
    int lfdNr=0
    Stack<Node> degzero
    indeg //array [Node] of integers

    //set indeg[v]
    for v=1:n //assume that G has n nodes
        indeg[v]=0
    for v=1:n
        p=adjacencyList[v]
```

```

        while p!=null
            indeg[p.endnode]++
            p=p.next

//set degzero
for v=1:n
    if indeg[v]=0
        degzero.push(v)

//topsort
while degzero!=null
    v=degzero.pop()
    lfdNr++
    ord[v]=lfdNr
    p=adjacencyList[v]
    while p!=null
        w=p.next.endnode
        indeg[w]--
        if indeg[w]=0
            degzero.push(w)
//conditions
if lfdNr=n
    //cycle free
else
    //has cycle

```

L'algoritmo impiega $O(|V| + |E|)$.

9.2 Transitive Hülle

È esattamente la stessa cosa che la transitive closure (matematica discreta, capitolo relazioni). Dato un grafo G come matrice, l'algoritmo ritorna la matrice rappresentante la reflexive and transitive closure. Praticamente se $A[i, j] = 1$ significa che esiste una via da i a j .

```

for i=1:n
    A[i,i]=1
for j=1:n
    for i=1:n
        if A[i,j]==1
            for k=1:n
                if A[j,k]==1
                    A[i,k]=1

```

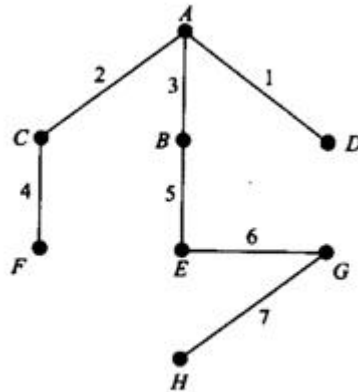
Approssimativamente richiede $O(|V|^3)$, nel dettaglio $O(|V|^2 + |E||V|)$.

9.3 Search

9.3.1 Breadth first search

Vertex	QUEUE
<i>A</i>	<i>A</i>
<i>D</i>	<i>B, C, D</i>
<i>C</i>	<i>B, C</i>
<i>B</i>	<i>F, B,</i>
<i>F</i>	<i>E, F</i>
<i>E</i>	<i>E</i>
<i>G</i>	<i>G</i>
<i>H</i>	<i>H</i>

(a)



(b)

Da notare che se al posto della coda si utilizza uno stack si ottiene una depth first search.

```

BFS(Graph G, Vertex v)
    create a queue Q
    create a set V
    enqueue v onto Q
    add v to V
    while Q is not empty loop
        t=Q.dequeue()
        if t is what we are looking for
            return t
        for all edges e in G.adjacentEdges(t)
            u = G.adjacentVertex(t,e)
            if u is not in V
                add u to V
                enqueue u onto Q

```

L'algoritmo impiega uno spazio di $O(|V|^2)$ e una complessità di $O(|V| + |E|)$. Da notare che ogni nodo viene raggiunto per la miglior via.

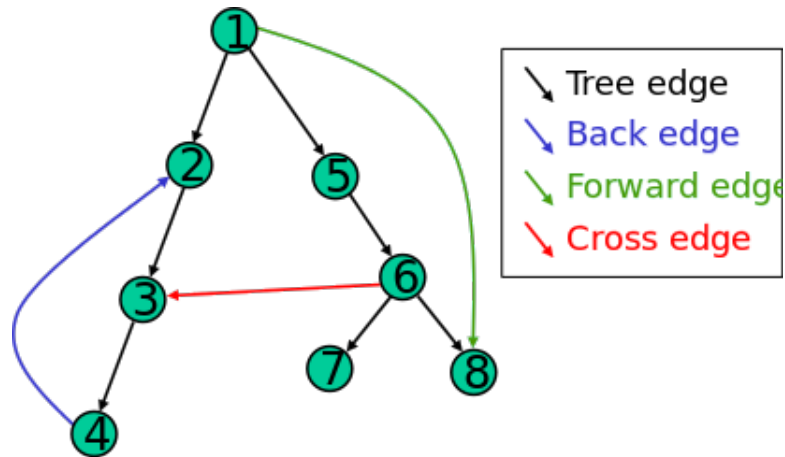
9.3.2 Depth first search (Pag. 607)

Al posto di usare una coda usiamo uno stack. Nel caso di prima l'ordine con cui i lati vengono visitati sarebbe quindi: A, B, E, G, H, C, F, D. Possiamo usare questo algoritmo per apprendere alcune caratteristiche del grafo, quali la suddivisione dei vari tipi di lati. Definiamo l'albero risultante dai lati utilizzati dalla ricerca (Baumpfeile) come DFS-tree. Ad ogni nodo associamo un indice, che rappresenta l'ordine con cui viene visitato. Differenziamo il depth-first-begin-index (DFBI), che rappresenta l'ordine con cui vengono inseriti nello stack, e il

depth-first-end-index (DFEI), l'ordine con cui vengono allontanati dallo stack. Definiamo dunque i tipi possibili di lati:

- Appartenenti al DFS-tree: Baumpfeile.
- Frecce che arrivano ad un nodo già visitato: Vorwärtspfeile.
- Frecce che tornano ad un predecessore del DFS-tree: Rückwärtspfeile.
- Altrimenti chiamate Seitwärtspfeile.

Esempio:



Con l'aiuto di questo algoritmo ricorsivo possiamo arrivare a tutte le informazioni:

```

Set<Vertex> B=nullSet
int dfbi=dfei=0
Set<Edge> BP=VP=RP=SP=nullSet
Graph G
Node start
int[] DFEI,DFBI

public static void main(String[] args)
    DFS(G, start, null)

DFS(Graph G, Node v,w)
    //depth first search, starting from node v, that comes from w
    if !B.has(v)
        //v not reached yet
        B=B+{v} //where + denotes the union of two sets
        BP=BP+{(w,v)}
        dfbi++
        DFBI[v]=dfbi
        for (Edge (v,u):G.E) //G.E=set of edges of G
            DFS(G, u,v)
        dfei++
        DFEI[v]=dfei

```

```

else
    //classify edge
    if DFBI[w] <= DFBI[v]
        //forward edge
        VP=VP+{(w,v)}
    else if DFEI[w]==0
        //DFS not finished for w, that means w is an ancestor of v
        BP=BP+{(w,v)}
    else
        //cross edge
        SP=SP+{(w,v)}

```

In un grafo non diretto non ci sono cross edges. Interessante notare che invertendo l'ordine del DFEI si ottiene un topological sort (dimostrato in un esercizio, penso accada lo stesso senza invertire il DFBI in un grafo connesso e senza cicli). Un'altra possibile applicazione potrebbe essere quella di ricavare uno spanning tree.

Supposizioni logiche, non sicure e non dimostrate

9.4 Kürzeste Weg (Pag. 619)

Per ogni lato definiamo una funzione $c((v, u))$ che ne associa il costo.

9.4.1 Dijkstra

Ammettiamo che tutti i costi siano positivi. Se $p = (a, \dots, f)$ è una via più corta tra a ed f , allora lo devono essere anche tutte le vie intermedie.

```

int infinity //a big number
Set<Node> R=nullSet

Dijkstra(Graph G, Node s)
    for (Node v: V-{s})
        v.predecessor=null
        v.distance=infinity
        v.chosen=false
    s.predecessor=s
    s.distance=0
    s.chosen=true
    //i vertici adiacenti a s appartengono al bordo (Rand)
    fillR(s)
    while !R.isEmpty()
        //scegli v con v.distance minima e allontanalo da R
        v.chosen=true
        fillR(v)

fillR(Node v)
    for (Edge (v,u):E)
        if !u.chosen && (v.distance+c((v,u))<u.distance)
            u.predecessor=v
            u.distance=v.distance+c((v,u))
            R.add(u)

```

L'efficienza dell'algoritmo dipende dalla struttura dati rappresentata da R , che necessita di eseguire le seguenti operazioni nel minor tempo possibile:

1. Inizializzare
2. Controllare se è vuoto
3. Trovare e allontanare il nodo con la distanza minima
4. Aggiungere una nuova voce

Di seguito le possibili implementazioni con i loro costi:

Non salvarlo esplicitamente Inizialmente tutti i nodi che non sono stati scelti appartengono a R . Dopodiché 1. e 4. non devono più essere eseguiti. Per 2. e 3. basta controllare tutti i nodi. Il tempo richiesto dall'algoritmo diventa dunque $O(|V|^2)$, molto efficiente solo se ci sono molti lati.

Heap Le operazioni 1. e 2. richiedono tempo costante, mentre 3. e 4. tempo logaritmico. In totale $O(|E| \log(|V|))$.

Fibonacci Heap 1, 2, 4 possono essere eseguite in tempo ammortizzato costante, mentre 3. in tempo logaritmico. In totale $O(|E| + |V| \log(|V|))$.

9.4.2 Bellman-Ford

Nel caso di un grafo con valori negativi il percorso più breve si lascia trovare nel seguente modo:

```
int infinity //a big number
Set<Node> R=nullSet

Bellman-Ford(Graph G, Node s)
    for (Node v: V-{s})
        v.predecessor=null
        v.distance=infinity
    s.predecessor=s
    s.distance=0
    //i vertici adiacenti a s appartengono al bordo (Rand)
    fillR(s)
    while !R.isEmpty()
        //scegli v allontanalo da R
        fillR(v)

fillR(Node v)
    for (Edge (v,u):E)
        if v.distance+c((v,u))<u.distance
            u.predecessor=v
            u.distance=v.distance+c((v,u))
            R.add(u)
```

Attenzione: se c'è un ciclo negativo il processo potrebbe non finire. Altrimenti il tempo impiegato è $O(|V||E|)$.

```
//controlla la presenza di cicli negativi
for each arco uv in archi:
    u := uv.source
    v := uv.destination
    if v.distance > u.distance + uv.weight:
        error "Il grafo contiene un ciclo di peso negativo"
```

9.5 Minimale spannende Baum (Pag. 631)

Per risolvere questo problema utilizziamo un procedimento greedy, vale a dire l'applicazione iterativa delle seguenti regole:

Regola 1 Tra due “cut” non connessi scegli l'arco dal costo minore.

Regola 2 Se ci troviamo in un ciclo, elimina il nodo dal costo maggiore.

Invariante L'invariante dell'algoritmo è che l'applicazione di queste regole mantiene il minimum spanning tree parziale minimo.

Theorem 9.1

Qualsiasi algoritmo che rispetti le precisazioni fatte sopra garantisce l'invariante.

Dimostrazione Fatta in classe e leggibile a Pag. 629 (abbastanza triviale). ■

9.5.1 Kruskal

Il principio dell'algoritmo è semplice: inizialmente ogni nodo rappresenta un albero minimale separato. Dopodiché avviene un'iterazione in base al prezzo degli archi: se l'arco appartiene già a uno dei sottoalberi non viene scelto, altrimenti sì, quindi i due sottoalberi vengono uniti. Per un'efficiente implementazione i lati devono essere ordinati in senso crescente già all'inizio e i nodi vengono salvati in una Union find structure.

```
Set<Edge> S //solution
UnionFind uf
sort E
for (Vertex v:V)
    uf.makeSet(v)
for (Edge (v,w):E)
    if uf.find(v)!=uf.find(w)
        S.add((v,w))
        uf.union(find(v),find(w))
```

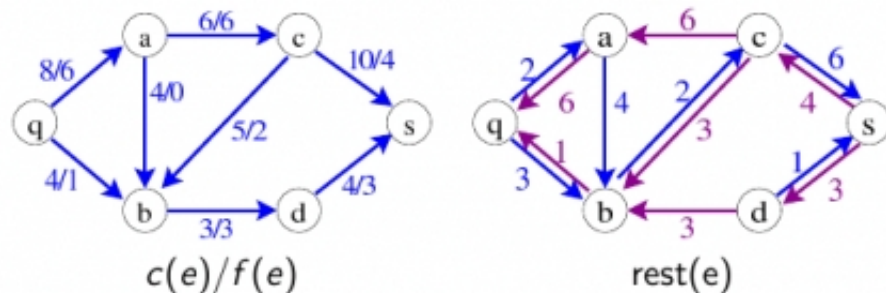
L'algoritmo impiega $O(|E| \log(|V|))$.

9.5.2 Prim, Dijkstra

Iniziamo con un nodo e finché non siamo alla fine, quindi $n - 1$ passi, scegliamo ogni volta l'arco che possiede un solo nodo nell'albero e con costo minimo. In questo modo impieghiamo $O(|E| + |V| \log(|V|))$.

9.6 Flüsse in Netzwerken (Pag. 637)

Innanzitutto si cerca una via che collega q a s (Quelle und Senke). Dopodiché si costruisce un cosiddetto Restgraph nel modo seguente:



Le frecce viola indicano la capacità utilizzata, mentre quelle blu ciò che ancora rimane. Finché esiste ancora un percorso nel grafo, che può essere trovato ad esempio tramite breadth first search, è ancora possibile aumentare la capacità su quella via. Intuitivamente si può capire che la capacità massima del flusso è limitata dal taglio minimo (mincut), più precisamente essi sono uguali.

```
//initialize
for (Edge e:E)
    f(e)=0
//iterations, the flow f grows up
while (there is a path p from q to s)
    r=min{rest(e)|e is in p}
    grow f across p of r units
```

Si tratta di una semplice versione che richiede $O(|V||E|^2)$ (algoritmo di Edmon-ton e Karp). Tramite l'inserimento di una soglia c approssimativa (Schwelle) che viene dimezzata ad ogni iterazione possiamo migliorarne il tempo. In questo caso consideriamo solo i lati con una capacità maggiore della soglia, aumentiamo la capacità per poi diminuire la soglia. Il tempo richiesto è di $O(\log(c)m^2)$. Esiste anche l'algoritmo di Dinic, che impiega $O(|V|^2|E|)$. Esso calcola il blocking flow ad ogni iterazione, praticamente viene aggiunta più di una via per volta.

Ecco una versione completa dell'algoritmo di base, estratta dall'API condivisa sul seguente link: <https://db.tt/ftsSt6j9>.

```
package GraphAPI;
import java.util.LinkedList;
import DataStructure.Queue;
```

```

public class MaxFlow {
    private int infinity=100000000;
    private boolean[] marked; // marked[v] = true if s->v path in
        residual Network
    private FlowEdge[] edgeTo; // edgeTo[v] = last edge on shortest
        residual s->v path
    private Network G;
    private int s, t;

    public MaxFlow(Network G, int s, int t) {
        this.G=G;
        this.s=s;
        this.t=t;
    }

    public int compute(){
        int res=0;
        while (hasPath()){
            int min=infinity;
            //compute the min flow on the residual Network
            BreadthFirstSearch search=new BreadthFirstSearch(G);
            Iterable<Integer> path=search.pathToFrom(t,s); //path from s
                to t
            for (int e:path)
                if (edgeTo[e].residualCapacityTo(e)<min)
                    min=edgeTo[e].residualCapacityTo(e);

            //add min to all edges on the path
            for (int e: path)
                edgeTo[e].addResidualFlowTo(e, min);
            res+=min;
        }
        return res;
    }

    private boolean hasPath(){
        edgeTo=new FlowEdge[G.V()];
        marked=new boolean[G.V()];

        Queue<Integer> q=new Queue<Integer>();
        q.enqueue(s);
        while(!q.isEmpty()){
            int v=q.dequeue();
            marked[v]=true;
            for (FlowEdge e : G.adj(v)){
                int w=e.other(v);
                if (e.residualCapacityTo(w)>0 && !marked[w]){
                    edgeTo[w]=e;
                    q.enqueue(w);
                }
            }
        }
        return marked[t];
    }
}

```

```

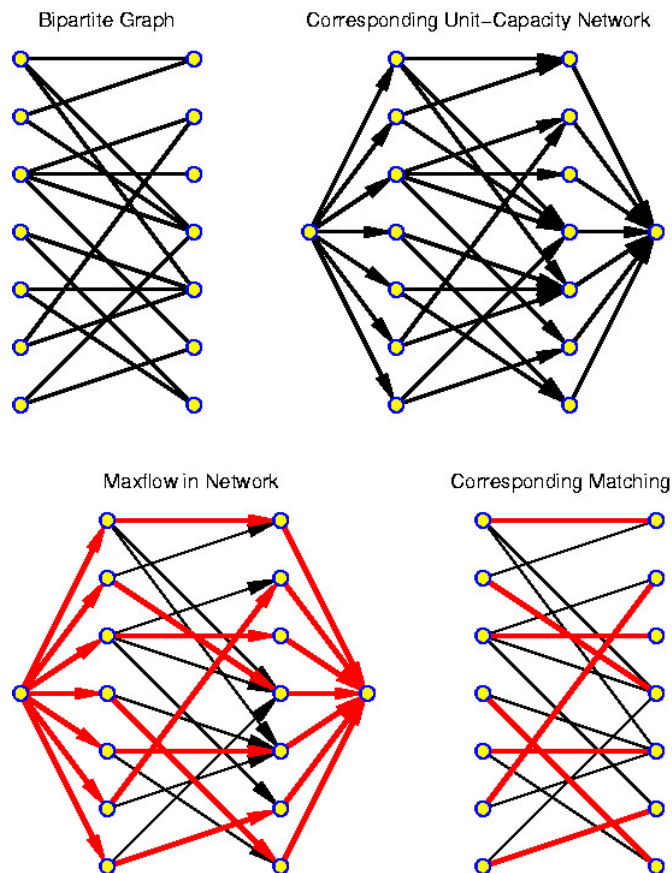
public Iterable<Integer> path(){
    LinkedList<Integer> path=new LinkedList<Integer>();
    int pos=t;
    while (pos!=s){
        path.addFirst(pos);
        pos=edgeTo[pos].other(pos);
    }
    return path;
}
}

```

9.6.1 Maximale Zuordnung in bipartiten Graphen (Pag. 646)

Consideriamo il problema del matching ottimale tra due set. Le coppie possibili possono essere semplicemente modellate come un grafo bipartito, che a sua volta può essere trasformato nella forma utilizzata per i flussi:

USING MAXFLOW for BIPARTITE MATCHING



In questo caso, dato che il costo è sempre 1, la crescita del Restgraph consiste semplicemente nel cambiamento di direzione delle frecce. In un livello di astrazione più concreto questo corrisponde nel liberare una coppia per poterne formare altre due. L'esecuzione dell'algoritmo in questo speciale tipo di grafo richiede solamente $O(\sqrt{|V|}|E|)$.

9.6.2 Teoria sul matching

Sia $G = (V, E)$ un grafo non diretto. Un insieme $M \subseteq E$ si chiama matching se ogni coppia $e, e' \in E$ non hanno nessun vertice in comune. Un matching della grandezza $\lceil \frac{|V|}{2} \rceil$ si dice perfetto.

Theorem Satz von Hall

Non esiste un matching perfetto in un grafo bipartito se esiste un insieme M di vertici per cui:

$$|\Gamma(M)| < |M|$$

dove $\Gamma(M)$ denota i vicini dei vertici in M .

■