



TECHNISCHE UNIVERSITÄT CHEMNITZ

---

Informatik

Praktische Informatik

Proseminar

**Sorted Sequences**  
**Parallele Programmierung**

Joshua Jeschek

Chemnitz, den 30. November 2020  
Technische Universität Chemnitz

**Prüfer:** Ronny Kramer, Thomas Jakobs  
**Betreuer:** Ronny Kramer, Thomas Jakobs

**Jeschek, Joshua**

Sorted Sequences

Proseminar, Informatik

Technische Universität Chemnitz, November 2020

# Inhaltsverzeichnis

<b>1. Sorted Sequences</b>	<b>1</b>
1.1. Doppelt verkettete Listen . . . . .	2
1.2. Binäre Suchbäume . . . . .	3
1.3. (a,b)-Bäume . . . . .	4
<b>2. Operationen an Sortierten Sequenzen</b>	<b>6</b>
2.1. Finden . . . . .	6
2.2. Einfügen & Entfernen . . . . .	7
2.3. Zusammenfügen & Teilen . . . . .	8
<b>3. Parallelisierung</b>	<b>10</b>
<b>4. Implementierung in Python</b>	<b>11</b>
4.1. Testreihen an locate . . . . .	12
<b>5. Zusammenfassung &amp; Reflexion</b>	<b>14</b>
<b>A. Liste der implementierten Klassen und Methoden</b>	<b>17</b>
A.1. dll.py . . . . .	17
A.2. abTree.py . . . . .	17
<b>B. weitere Testergebnisse</b>	<b>19</b>



# Abbildungsverzeichnis

1.1.	Eine sortierte Sequenz $\langle 2, 3, \dots, 17, 19, \infty \rangle$ , bestehend aus einer doppelt verketteten Liste und einer Navigationsstruktur. Das Dummy Element besitzt den Schlüssel $\infty$ . [San+19] . . . . .	2
1.2.	Ein (2,4)-Baum über einer doppelt verketteten List (DVL). [San+19] . . . . .	5
4.1.	Test von <code>locate</code> mit 0 bis 300.000 Elementen, blau dargestellt sind die Messwerte, grün die Trendlinie. . . . .	13
4.2.	Die Trendlinien der Ergebnisse des Testes an (a,b)-Bäumen (grün) und doppelt verketteten Listen im Bereich von $0 < n \leq 500$ zeigen die Überlegenheit von (a,b)-Bäumen eindrucksvoll. . . . .	13
B.1.	Die unbearbeiteten Ergebnisse des Tests an einer sortierten Sequenz mit maximal 10.000 Elementen. Dargestellt ist die Dauer der Funktion <code>locate</code> . Durch die großen Messspitzen sind die Ergebnisse nicht gut ablesbar. . . . .	19
B.2.	Die bearbeiteten Ergebnisse des Testes mit 10.000 Elementen zeigen die logarithmische Laufzeit von <code>locate</code> , sowie die Abhängigkeit von der Höhe des Baumes (orange dargestellt) . . . . .	20
B.3.	Die unbearbeiteten Ergebnisse des Tests an einer Doppelt Verketteten List (DVL) mit maximal 300.000 Elementen. Dargestellt ist die Dauer der Funktion <code>locate</code> . Die Messspitzen lenken hier weniger vom Ergebnis ab als bei (a,b)-Bäumen. Die lineare Laufzeit ist deutlich erkennbar. . . . .	21



# 1. Sorted Sequences

Jeden Tag produziert die Menschheit ungefähr 2,5 Trillionen Bytes Daten. Das sind ungefähr 1,7 Megabyte pro Person und pro Sekunde.[Bul20] Diese unglaublich großen Datenmengen werden gespeichert, verändert, aufgerufen und wieder gelöscht. Dabei spielen ausgereifte Datenstrukturen eine entscheidende Rolle, damit schnell und flexibel Daten bearbeitet werden können. Bei der Entwicklung von Datenstrukturen erkannte man sehr zeitig, dass es einfacher ist, eine geordnete Ansammlung von Daten zu verwalten, als eine zufällige Anordnung derer. Schon bevor das Internet oder Computer existierten, wandte man dies bei Wörterbüchern und Lexika an. Wenn wir etwas nachschlagen wollen, finden wir es dort viel schneller, weil wir uns sicher sein können, das „foo“ nach „bar“ im Wörterbuch stehen muss.

Sortierte Sequenzen funktionieren nach dem gleichen Prinzip. Wie in Abbildung 1.1 zu sehen, besteht eine sortierte Sequenz aus zwei Teilen. Die Grundstruktur bildet eine geordnete, doppelt verketteten Liste, in der die Elemente anhand ihrer Schlüssel sortiert sind. Das würde schon ausreichen, aber man verwendet zusätzlich noch eine Navigationsstruktur, welche das Auffinden von Elementen deutlich beschleunigt. In einer doppelt verketteten Liste würde das Lokalisieren von einem Element  $e_n$  bis zu  $n$  Schritte benötigen, also müssen im schlimmsten Fall alle Elemente der Liste durchlaufen werden, um das gesuchte Element zu finden.<sup>1</sup> Im Gegensatz dazu hat eine sortierte Sequenz mit einem (a,b)-Baum als Navigationsstruktur (Vgl. Abschnitt 1.3) drastisch verbesserte Laufzeiten von bis zu  $\log n$ .<sup>2</sup> [San+19]

Vergleicht man sortierte Sequenzen mit anderen Datenstrukturen, kann man sowohl Nach- als auch Vorteile feststellen. Einerseits ist der Aufbau einer sortierten Sequenz komplizierter als der einfacher Datenstrukturen wie Feldern, sie sind allerdings deutlich flexibler, da sie das Einfügen und Entfernen von Elementen effizient unterstützen. Im Vergleich zu Hashtabellen sind sie langsamer, aber mächtiger, da man auch Elemente findet, wenn man nach einem Schlüssel  $s$  sucht, zu dem kein Element  $e$  existiert (genauer: man findet das Element  $e'$  für das gilt:  $s' \leq s$ ).

Somit können sortierte Sequenzen die Anforderungen Geschwindigkeit und Flexibilität sehr gut erfüllen. Auf der Grundlage des Buches „*Sequential and Parallel Algorithms and Data Structures - The Basic Toolbox*“ [San+19] werde ich die Funktionsweise von sortierten Sequenzen erklären, wie sie in Kapitel 7 des genannten Buches beschrieben werden. Das Hauptaugenmerk wird auf sortierten Sequenzen mit (a,b)-Bäumen als Navigationsstruktur liegen, es sind jedoch auch diverse andere Arten von sortierten Sequenzen vorstellbar, welche auch in logarithmischer Zeit arbeiten können. Andere Navigationsstrukturen können eine Baumstruktur besitzen, wie beispielsweise AVL-Bäume oder Splay-Bäume. Dies muss aber nicht der Fall sein, es existieren einige andere Implementierungen von Navigationsstrukturen, auf die in dieser Arbeit nicht eingegangen wird.

---

<sup>1</sup>Man schreibt auch:  $\mathcal{O}(n)$

<sup>2</sup> $\mathcal{O}(\log n)$

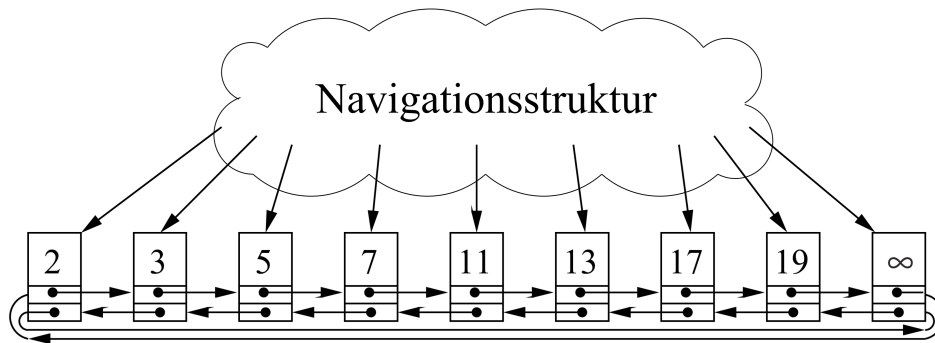


Abbildung 1.1.: Eine sortierte Sequenz  $\langle 2, 3, \dots, 17, 19, \infty \rangle$ , bestehend aus einer doppelt verketteten Liste und einer Navigationsstruktur. Das Dummy Element besitzt den Schlüssel  $\infty$ .  
[San+19]

## 1.1. Doppelt verkettete Listen

Verkettete Listen bestehen aus Elementen, die miteinander verknüpft werden. In einer einfach verketteten Liste zeigt jedes Element auf seinen Nachfolger, in einer doppelt verketteten Liste zeigt es zusätzlich auf seinen Vorgänger. Diese Struktur ermöglicht es, auf jedes Element zuzugreifen, auch wenn man anfangs nur ein Element gegeben hat. Des Weiteren sind vielseitige Modifizierungen umsetzbar, namentlich das Einfügen und Löschen von Elementen oder von Teillisten, sowie das Verknüpfen von Listen. Ein Direktzugriff wird nicht unterstützt, da zuerst durch die Liste iteriert werden muss, um auf ein Element zuzugreifen.

Einfach verlinkte Listen benötigen weniger Platz und sind schneller als doppelt verkettete Listen, weshalb es meistens besser ist, einfach verkettete Listen einzusetzen, wenn ihre Funktionalität ausreichend ist. Für sortierte Sequenzen benötigen wir jedoch doppelt verkettete Listen. [San+19]

Die Anforderungen an eine doppelt verkettete Liste sind relativ simpel und führen bei Einhaltung zur korrekten Funktionsweise. Für jedes Element sollte  $e_n$  gelten, dass der Vorgänger des Nachfolgers  $e_{n+1}$  wieder das Element  $e_n$  ist, und dass der Nachfolger des Vorgängers  $e_{n-1}$  auch das Element  $e_n$  ist. Somit können die Operationen *next* und *previous* ausgeführt werden, um durch eine doppelt verkettete Liste zu iterieren.[San+19]

Doppelt verkettete Listen sind in sortierten Sequenzen für das Speichern der Daten zuständig, während die Navigationsdatenstruktur für das Lokalisieren derselben eingesetzt wird. In Abbildung 1.1 ist dies dargestellt. Zu beachten ist, dass das sogenannte „Dummy Element“<sup>3</sup> kein Element im engen Sinne ist, da es ausschließlich die Pointer zu Nachfolger und Vorgänger enthält, jedoch keinen Wert. Dieses Dummy Element ist jedoch von entscheidender Bedeutung, da es so lange besteht, wie die Liste selbst besteht und somit immer den Zugriff auf alle restlichen Elemente gewährt. Diesen Weg habe ich auch in meiner Implementierung gewählt, worauf ich im Detail in Kapitel 4 eingehen werde.

<sup>3</sup>In Abbildung 1.1 besitzt es den Schlüssel  $\infty$



## 1.2. Binäre Suchbäume

Eine sortierte Sequenz benötigt eine Navigationsstruktur, die das Auffinden von Elementen beschleunigt. Eine Möglichkeit kann sein, binäre Suchbäume zu benutzen. Dessen Funktionsweise werden ich nun betrachten.

Wer das Konzept der binäre Suche verstanden hat, kann dieses einfach auf binäre Suchbäume anwenden. Bei der binären Suche wird das „Teile und Herrsche“-Prinzip angewandt, man teilt den Datensatz, und vergleicht den Suchschlüssel mit der Stelle, an der man geteilt hat. Ist der Schlüssel kleiner oder gleich dem größten Element im linken Datensatz <sup>4</sup> wird die Suche auf den linken Datensatz beschränkt und wieder geteilt. Diese Vorgehensweise wird so oft wiederholt, bis nur noch ein Element übrig bleibt. Dieses Element muss dann den Schlüssel besitzen, wenn es im Datensatz vorhanden war.

Ein binärer Suchbaum besteht aus „Knotenpunkten“ und „Blättern“. Knoten speichern Schlüssel, welche den Weg zum gesuchten Element weisen. Diese Teiler-Schlüssel geben den maximalen Wert der Blätter in dem Unterbaum an, welcher sich auf der Linken Seite des Knotenpunktes befindet. Für alle Blätter im linken Unterbaum des Knotenpunktes mit dem Teilerschlüssel  $s_t$  gilt  $s \leq s_t$ .

Um ein Element mit dem Schlüssel  $s$  zu finden, gilt also folgende Vorgehensweise: Man startet an der Wurzel des Baumes, sprich der Knotenpunkt ohne Eltern, der in einer visuellen Darstellung ganz oben stehen würde. Ist der Suchschlüssel  $s_s$  kleiner oder gleich dem Teilerschlüssel  $s_t$ , steigt man in den linken Unterbaum ab. Ist  $s_s > s_t$ , führt man das Verfahren im rechten Unterbaum weiter. Falls das Element  $e$  mit dem Schlüssel  $s = s_s$  existiert, wird man es so finden. Falls das nicht der Fall sein sollte, gibt es zwei Möglichkeiten. Entweder der Unterbaum enthält den Vorgänger des Elementes gesuchten Elementes,  $e'$  oder das gesuchte Element wäre der Nachfolger von  $e'$ . Ersteres tritt auf, wenn  $s_s \leq \text{Schlüssel}(e')$  und zweites ist anzunehmen, wenn  $s_s > \text{Schlüssel}(e')$ . [San+19] Die doppelt verkettete Liste erledigt dann den Rest.

Die Anzahl der Ebenen von der Wurzel bis zu den Blättern bezeichnet man als *Höhe* des Suchbaumes. Bei Bäumen mit  $n + 1$  Blättern und einer Höhe von  $\lceil \log(n + 1) \rceil$  bezeichnet man als perfekt ausbalanciert.<sup>5</sup> Da an bei der Suche an jedem Knotenpunkt ein Schritt benötigt wird, entspricht die Zeit für das Suchen der Höhe des Baumes, das heißt  $\mathcal{O}(\lceil \log(n + 1) \rceil)$ . [San+19] Dieser Wert ist sehr anstrebenswert, da er eine deutliche Verbesserung gegenüber anderen Datenstrukturen bietet, wie zum Beispiel die Doppelt verkettete Liste alleine. Wenn wir es mit einem gleichbleibenden Datensatz zu tun hätten, wäre das ohne Abstriche zu genießen. Das entspricht aber leider nicht der Realität. Beim Einfügen und Entfernen von Elementen müsste der Baum balanciert bleiben, das Ausgleichen benötigt allerdings viele Ressourcen. Beim unkontrollierten Einfügen könnte es im schlimmsten Fall passieren, dass jeder Knotenpunkt auf der einen Seite zu einem Blatt zeigt und auf der anderen Seite zu dem restlichen Unterbaum. An diesem Punkt ist der Baum nicht besser als eine Liste.

Da beim zufälligen Einfügen von Elementen nicht immer der schlimmste Fall eintritt, kann man davon ausgehen, dass die Höhe zu  $\approx 2,99 \log n$  konvergiert. [San+19]

---

<sup>4</sup>bei Sortierung von klein nach groß, beziehungsweise von links nach rechts

<sup>5</sup> $n$  Elemente und ein Dummy Element, daher  $n + 1$

### 1.3. (a,b)-Bäume

Wie in Abschnitt 1.2 erwähnt, ist es sehr aufwendig, binäre Suchbäume zu balancieren. Bei jeder Operation <sup>6</sup> müsste der Baum zu einem großen Grad umstrukturiert werden. An diesem Punkt setzen *(a,b)-Bäume* an. Sie agieren nach dem gleichen Prinzip, besitzen eine Wurzel und Knotenpunkte, die zu den Blättern führen. Der Unterschied liegt in den Knotenpunkten. Anstatt von zwei Verzweigungen hat jeder Knotenpunkt zwischen  $a \in \mathbb{N}$  und  $b \in \mathbb{N}$  Unterbäume. Man bezeichnet die Anzahl der Unterbäume, die von einem Knotenpunkt ausgehen, als Grad  $d$  des Knotenpunktes. Für (a,b)-Bäume gilt:  $a \leq d \leq b$ , wobei eine leere Sequenz eine Ausnahme bilden kann, da diese nur aus der Wurzel mit einem Kind, dem Dummy-Element besteht. Des Weiteren definiert man  $a \geq 2$  und  $b \geq 2a - 1$ , da somit  $d$  flexibel genug ist, um sicherzustellen, dass alle Blätter die gleiche Tiefe haben. Die Wichtigkeit dieser Anforderung an  $a$  und  $b$  werden wir in Abschnitt 2.2 erkennen. In der Literatur [San+19] werde  $a$  und  $b$  meistens als 2 und 4 definiert, da diese Werte einfacher zu visualisieren sind und man somit das Konzept schneller versteht. In Abbildung 1.2 ist ein solcher (2,4)-Baum dargestellt.

Jeder Knotenpunkt besteht aus einem Feld von Zeigern zu den Unterbäumen (Blätter oder weitere Knotenpunkte)  $c[1 \dots d]$ , einem Feld von Zeigern zu Teilerschlüsseln  $s[1 \dots d-1]$  und dem Grad  $d$ , um zu überprüfen, ob die Invariante  $a \leq d \leq b$  erfüllt wird, oder ob Knotenpunkten geteilt oder zusammengeführt werden müssen.

Man betrachte einen Knotenpunkt mit  $s[1 \dots d-1]$  und  $c[1 \dots d]$ . Für alle Blätter mit Schlüssel  $k$  am Fuße des Unterbaumes  $c[i]$  gilt:  $s[i-1] < k \leq s[i]$ . Diese Invariante ermöglicht die Suche in (a,b)-Bäumen, welche in Abschnitt 2.1 genauer betrachtet wird. Bei Betrachtung von Abbildung 1.2, erklärt sich auch, wieso nur  $d-1$  Teilerschlüssel vorhanden sind, und nicht  $d$ . Alle Elemente, die einen Schlüssel haben, der größer als der Teilerschlüssel  $s[d-1]$  ist, müssen zwangsläufig zu  $c[d]$  gehören. Zur Vereinfachung definiert man  $s[d]$  als  $\infty$ , da jeder verbleibende Schlüssel die Anforderung  $k \leq \infty$  erfüllt. Mehr dazu in Kapitel 4.

Bevor in Kapitel 2 auf Operationen an sortierten Sequenzen mit (a,b)-Bäumen eingegangen wird, gilt es noch eine wichtige Beobachtung zu machen. Die Höhe eines (a,b)-Baumes beschreibt die Anzahl der Ebenen, beziehungsweise die maximale Anzahl von Knotenpunkten die man auf dem Weg von der Wurzel bis zu einem Blatt in einem gegebenen Baum maximal auffindet. Da man bei der Suche einen Baum von Wurzel bis zum gesuchten Blatt durchschreitet, ist die Höhe von entscheidender Bedeutung für die Laufzeit von Operationen. Für einen Baum mit  $n$  Elementen beträgt die Höhe maximal  $1 + \lfloor \log_a(n+1)/2 \rfloor$ . [San+19]

In diese Formel kann man beliebige Werte einsetzen und man merkt schnell, dass die Höhe bei steigender Anzahl von Elementen weiterhin klein bleibt. Diese Eigenschaft macht (a,b)-Bäume ideal für große Datenmengen, da schnelle Zugriffszeiten garantiert sind. In der vorliegenden Literatur liegt das Hauptaugenmerk auf (a,b)-Bäumen, und diesem Beispiel werde ich folgen.

---

<sup>6</sup>Einfügen und Entfernen von Elementen

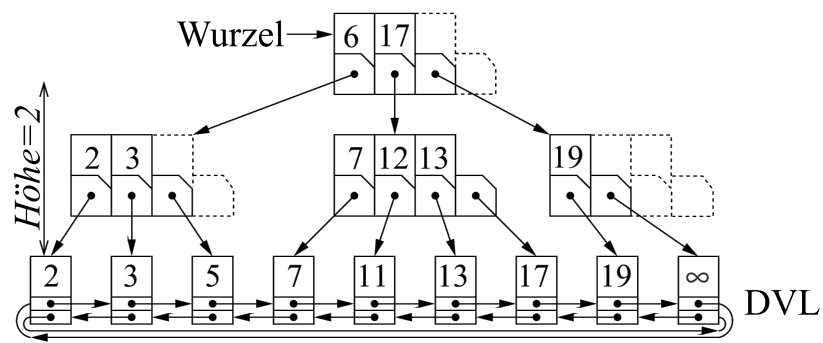


Abbildung 1.2.: Ein (2,4)-Baum über einer doppelt verketteten List (DVL).  
[San+19]

## 2. Operationen an Sortierten Sequenzen

In diesem Kapitel werde ich auf fünf verschiedene Operationen an sortierten Sequenzen eingehen. Ich werde auf das **Finden**, **Einfügen** und **Entfernen** von Elementen eingehen, sowie das **Teilen** und **Zusammenführen** von ganzen Sequenzen darstellen. Nach den einzelnen Erläuterungen werde ich des Weiteren auf die Laufzeiten dieser Operationen eingehen.

Aufgrund der doppelt verketteten Liste sind weitere Operationen relativ einfach realisierbar, wie beispielsweise das finden des ersten und letzten Elementes in der Sequenz. Das Dummy Element besitzt Pointer zu Vorgänger und Nachfolger, also genau zum ersten und letzten Element. Deshalb können diese Operationen in konstanter Zeit durchgeführt werden.

Außerdem sind Abfragen von Bereichen möglich, indem zuerst der Anfang durch **Finden** lokalisiert wird, und man dann Schritt für Schritt in der doppelt verketteten Liste voranschreitet, bis man auf ein Element trifft, welches größer als der gegebene Endpunkt ist.

[San+19]

### 2.1. Finden

Um ein Element zu finden, muss man dem richtigen Pfad folgen, der einem zum gewünschten Element führt. Der Schlüssel  $s_s$  stellt die Eingabe dar. Wie bei binären Suchbäumen startet die Suche an der Wurzel, aber ist etwas komplizierter. Anstatt von nur einem Vergleich an jedem Knotenpunkt, müssen mehrere Vergleiche getätigt werden, da ein Knotenpunkt mehr als zwei Verzweigungen haben kann. An jedem Knotenpunkt soll, das Kind  $c[i]$  identifiziert werden, für das gilt:  $s[i-1] < k < s[i]$ , wobei  $s[i]$  den zu  $c[i]$  zugehörigen Teilerschlüssel darstellt,  $s[i-1]$  den Teilerschlüssel des Kindes links von  $c[i]$  und  $k$  den Suchschlüssel. In anderen Worten vergleicht man  $k$  mit den Teilerschlüsseln, bis man den kleinsten Teilerschlüssel findet, der größer oder gleich  $k$  ist. Aufgrund des in Abschnitt 1.3 beschriebenen Aufbau kann man sich sicher sein, dass sich das gesuchte Element mit dem Schlüssel  $k$  im Unterbaum des Kindes  $c[i]$  befindet, insofern es existiert. Der Vorgang wird bei  $c[i]$  weitergeführt, bis man den Fuß des Baumes erreicht.

Um zu wissen, wann der Fuß des Baumes erreicht ist, übergibt man am Anfang der Suche den Parameter  $h$ , der die Höhe des Baumes angibt. Jedes Mal, wenn man eine Ebene weiter absteigt, reduziert man  $h$  um 1. Sobald  $h = 1$  erreicht ist, weiß man, dass die Kinder des aktuellen Knotenpunktes Blätter sind, also Elemente enthalten.

Falls das Element mit Schlüssel  $k$  im Baum enthalten ist, endet die Suche bei diesem Element und ist erfolgreich. Ist dies nicht der Fall, enthält der aktuellen Knotenpunkt <sup>1</sup> das Element mit  $k'$ , wobei  $k' > k$  ist oder den Vorgänger dieses Elements bei  $c[d]$ . Dann gibt man das Nachfolger-Blatt von  $c[i]$  zurück, welches einen größeren Schlüssel als  $k$  haben wird.

**Laufzeit:** Wenn man für die Vergleiche an den Knotenpunkten binäre Suche verwendet, braucht man maximal  $\lceil \log b \rceil$  Vergleiche pro Knotenpunkt. Die maximale Anzahl an Vergleichen pro Suche ist  $\lceil \log b \rceil (1 + \log_a((n+1)/2))$ , da der zweite Teil dieses Terms die Höhe

<sup>1</sup>Der letzte Knotenpunkt in der Suche, wenn  $h = 1$

des Baumes beschreibt, und somit auch die Anzahl an Knotenpunkten angibt, die von der Suche durchlaufen werden müssen. Da sich die Anzahl der Vergleiche auf einen konstanten Durchschnittswert belaufen <sup>2</sup>, ist die Laufzeit für das **Finden** eines Elementes linear von der Größe des Baumes und somit logarithmisch von der Anzahl  $n$  der Elemente abhängig.  
[San+19]

## 2.2. Einfügen & Entfernen

Um ein Element einzufügen oder zu entfernen, muss zuerst sein Platz gefunden werden, beziehungsweise das Element selbst. Dies wird rekursiv durchgeführt, da es so möglich ist, den Pfad wieder zurückzuverfolgen, nachdem das Element eingefügt oder gelöscht wurde. Das Finden wird wie in Abschnitt 2.1 beschrieben durchgeführt. Im Folgenden nennen wir das einzufügende Element  $e$  mit dem Schlüssel  $k$ . Durch die Suche erhalten wir das Element  $e'$  mit  $k'$ . Wenn  $k = k'$ , können wir das Element ersetzen und die Operation ist abgeschlossen, da jeder Schlüssel maximal ein Mal in der sortierten Sequenz vorkommt. Wenn  $k < k'$  ist, muss das neue Element  $e$  vor  $e'$  in der doppelt verketteten Liste eingefügt werden. Kommen wir zum letzten Fall, wenn  $k > k'$  ist. In diesem Fall wird logischerweise  $e$  nach  $e'$  eingefügt. In den beiden letzten Fällen müssen die Zeiger der Nachbarn von  $e$  angepasst werden.

Nun folgt der komplizierte Part, die Knotenpunkte über  $e$  müssen gemäß der Invariante  $a \leq d \leq b$  angepasst werden, falls sie nicht erfüllt ist. Beim Einfügen von Elementen kann es passieren dass der Grad  $d > b$  wird, und wieder reduziert werden muss. Dazu wird der betroffene Knotenpunkt in der Mitte geteilt. Das wird erreicht, indem man auf der linken Seite des Knotenpunktes einen neuen Knotenpunkt erschafft und die linke Hälfte der Kinder  $c$  mit den dazugehörigen Teilerschlüsseln  $s$  zu diesem neuen Knotenpunkt verschiebt. Es ist darauf zu achten, die Werte von  $d$  zu korrigieren und die Invariante  $s[0] = -\infty, s[d] = \infty$  wiederherzustellen.

Nun ist der Vorgang jedoch noch nicht abgeschlossen, da durch die Teilung der Grad der Eltern erhöht wurde. Da wir durch die Rekursion Zugriff auf die Elternknotenpunkte haben, können wir diesen Vorgehensweise so oft wiederholen, bis keine Teilung mehr nötig ist, oder wir bei der Wurzel angekommen haben, und diese notfalls auch geteilt haben. Beim Teilen der Wurzel muss eine neue Wurzel erstellt werden, und die Höhe des Baumes erhöht sich um eins.

Beim Entfernen von Elementen kann es passieren, dass  $d < a$  wird. Nun wird der betroffene Knotenpunkt  $t$  mit seinem Nachbarn  $u$  ausbalanciert. Es existieren zwei Fälle. Wenn  $d$  von  $u$  größer als  $a$  ist, können eins oder mehrere Kinder von  $u$  an  $t$  übergeben. Wenn  $d(u) = a$  ist, ist dies nicht möglich, da so  $d(u) < a$  werden würde, und man das gleiche Problem wie anfangs hätte. Glücklicherweise kann man in diesem Fall  $t$  und  $u$  einfach miteinander kombinieren, und somit einen Knotenpunkt mit  $d = 2a - 1$  erschaffen. Dies kann die Invarianten des (a,b)-Baumes nicht verletzen, da die Anforderung  $b \geq 2a - 1$  existiert (Vgl. Abschnitt 1.3).

Wie beim Einfügen kann sich dieses Ausbalancieren bis zur Wurzel hocharbeiten und somit die Höhe des Baumes um eins verringern. Es gibt jedoch noch einen Sonderfall: Der Baum hatte bereits die Höhe 1, und besteht somit nur noch aus der Wurzel und dem Dummy Item. An diesem Punkt ist die Sequenz komplett geleert und die Höhe kann nicht weiter verringert werden.

---

<sup>2</sup>Da  $b$  konstant ist und somit die Anzahl immer  $\leq \log b$  ist

**Laufzeit:** Wie beim Finden sind die Laufzeiten von Einfügen und Entfernen linear abhängig von der Höhe des Baumes, und somit logarithmisch abhängig von der Anzahl der Elemente in der Sequenz.

Für alle ganzen Zahlen  $a$  und  $b$  mit  $a \geq 2$  und  $b \geq 2a - 1$ , unterstützen (a,b)-Bäume die Operationen Einfügen, Löschen und Finden an sortierten Sequenzen der Größe  $n$  in der Zeit  $\mathcal{O}(\log n)$ . [San+19]

Die hier beschriebene logarithmische Abhängigkeit der Laufzeiten von  $n$  ist von entscheidender Bedeutung für sortierte Sequenzen und deren Erfolg. Sie erreichen damit sehr kleine Zugriffszeiten, die bei wachsender Länge  $n$  der Sequenz immer weniger schnell ansteigen. Somit haben sortierte Sequenzen einen großen Vorteil gegenüber anderen Datenstrukturen, deren Zugriffszeiten bei wachsendem  $n$  schneller ansteigen.

## 2.3. Zusammenfügen & Teilen

Das Zusammenfügen und Teilen von sortierten Sequenzen ist nicht nur praktisch im Umgang mit mehreren Sequenzen, sondern ist sogar essentiell für die Parallelisierung der bereits beschriebenen Operationen. Für das Zusammenfügen muss eine Anforderung erfüllt werden: Das größte Element von der ersten Sequenz  $S_1$  darf nicht größer sein, als das kleinste Element der zweiten Sequenz,  $S_2$ . In anderen Worten dürfen sich die zwei Sequenzen nicht überlappen. Dies lässt sich schnell überprüfen, da das Dummy Element der doppelt verketteten Listen Zeiger auf das jeweils kleinste und größte Element enthält.

Das Vorgehen beim Zusammenfügen ist wie folgt: Zuerst fügt man die beiden doppelt verketteten Listen zusammen, darauf achtend, das Dummy Element, welches sich in der Mitte der beiden Listen befinden würde, zu entfernen. Als nächstes wird die Wurzel des kleineren der beiden (a,b)-Bäume mit einem passenden Knotenpunkt zusammengefügt. Ein Knotenpunkt gilt als passend, wenn bei ihm die Höhe des Baumes der Höhe des kleineren entspricht. Anders ausgedrückt: Wenn  $Höhe(S_1) \geq Höhe(S_2)$  gilt, folgen wir von der Wurzel von  $S_1$  dem Pfad, der am weitesten rechts ist  $Höhe(S_1) - Höhe(S_2)$  Schritte. Nachdem wir so den richtigen Knotenpunkt gefunden haben, können wir ihn mit der Wurzel von  $S_2$  zusammenfügen. Außerdem müssen die Teilerschlüssel angepasst werden. Ab diesem Punkt gleicht die Vorgehensweise dem Reparieren des Baumes wie beim Einfügen, da Knotenpunkte geteilt werden müssen und sich dies bis zur Wurzel fortsetzen kann.

Wenn  $Höhe(S_1) < Höhe(S_2)$  wahr ist, ist das Vorgehen analog, nur mit vertauschten Rollen. Außerdem muss man dem Pfad folgen, der ganz links ist - an dieser Seite fügt man  $S_1$  an. [San+19]

Werfen wir nun einen Blick auf das Teilen zweier Sequenzen. Das Ziel ist es, die Sequenz  $S = \langle w, \dots, x, y, \dots, z \rangle$  in  $S_1 = \langle w, \dots, x \rangle$  und  $S_2 = \langle y, \dots, z \rangle$  zu teilen. Zuerst folgt man dem Pfad bis zum Blatt  $y$  und teilt die doppelt verkettete Liste. Entlang dieses Pfades teilt man jeden Knotenpunkt in eine linke und rechte Hälfte. Jede Knotenpunkt-Hälfte bekommt dann die Kinder, die auf ihrer Seite des Pfades bis zu  $y$  liegen. Durch dieses Vorgehen können nun Knotenpunkte entstehen, die einen Grad von Null bis  $b$  haben. Jeder Knotenpunkt mit mindestens einem Kind, also  $d = 1$ , kann als Wurzel eines neuen (a,b)-Baumes betrachtet werden und mit der restlichen Baumhälfte zusammengefügt werden. Dies ist etwas einfacher als das Zusammenfügen zweier Bäume im allgemeinen Fall, da die doppelt verkettete Liste bereits zusammengefügt ist.

**Laufzeit:** Die Laufzeit des Zusammenfügen von (a,b)-Bäumen hängt von der Differenz der Höhen von  $S_1$  und  $S_2$  ab, da für die Knotenpunkte über der Stelle, wo man die Bäume zusammenfügt, eine Angleichung gemäß  $a \leq d \leq b$  erfolgen kann. Wenn die Höhe der Bäume bekannt ist, entspricht die Laufzeit  $\mathcal{O}(1 + |Höhe(S_1) - Höhe(S_2)|)$ . Ist dies nicht der Fall, müssen die Höhe noch berechnet werden, und man erhält eine Laufzeit von  $\mathcal{O}(\max\{|S_1|, |S_2|\})$ . [San+19]

Beim Teilen beläuft sich die Laufzeit auf  $\mathcal{O}(\log n)$ . [San+19]

### 3. Parallelisierung

Trotz der bereits schnellen Laufzeiten von Operationen wie **Einfügen** oder **Entfernen** bei sortierten Sequenzen mit (a,b)-Bäumen kann es von Vorteil sein, Parallelisierung einzusetzen. Es ist jedoch nicht einfach, sortierte Sequenzen so zu parallelisieren, dass mehrere Prozesse gleichzeitig auf den gleichen Baum zugreifen können und ihn verändern. Sowohl das Einfügen als auch das Entfernen von Elementen verändert die Struktur des Baumes <sup>1</sup>, sodass Probleme auftreten können. Es könnte beispielsweise passieren, dass ein Prozess rekursiv im Baum absteigt, seine Operation ausführt, aber in dieser Zeit von einem anderen Prozess der Baum bereits verändert wurde. Dies führt unweigerlich zu Konflikten. Es benötigt großen Aufwand, diesen Problemen aus dem Weg zu gehen und es scheint sehr schwierig zu sein, signifikante Verbesserung der Laufzeit zu erreichen [San+19]

Zur Parallelisierung von Programmen wird die Rechenlast auf mehrere Prozessoren, Threads oder auch virtualisierte Threads aufgeteilt. Somit kann ein großes Problem schneller bearbeitet werden, da es in kleinere Probleme aufgeteilt wird, welche schneller lösbar sind. Der Gesamtaufwand entspricht dann nur noch dem Aufwand, das Problem aufzuteilen, die kleinen Probleme gleichzeitig zu lösen, und dann die Lösungen zur Gesamtlösung zusammenzusetzen. Diese Herangehensweise bezeichnet man als das „Teile-und-Herrsche“-Prinzip.

Betrachten wir zuerst das parallele Einfügen von mehreren Elementen. Zuerst teilt man die Sequenz mittels der in Abschnitt 2.3 beschriebenen Operation Teilen so, dass man geeignete Bäume erhält, in die man die Elemente einfügen kann. Um die Elemente  $\langle 3, 5, 7, 11 \rangle$  in die sortierte Sequenz  $S = \langle 1, 2, 6, 10, 12 \rangle$  einzufügen, würde man  $S$  also erst in  $S_1 = \langle 1, 2, 6 \rangle$  und  $S_2 = \langle 10, 12 \rangle$  aufteilen und dann parallel  $\langle 3, 5, 7 \rangle$  in  $S_1$  einfügen und  $\langle 11 \rangle$  in  $S_2$  einfügen. Danach können die Sequenzen  $S_1$  und  $S_2$  wieder zu  $S = \langle 1, 2, 3, 5, 6, 7, 10, 11, 12 \rangle$  zusammengefügt werden. Dies ist nur ein Minimalbeispiel und kann so erweitert werden, dass große Felder von Elementen gleichzeitig eingefügt werden können. Besonders dann ergibt die Parallelisierung viel Sinn und resultiert in einer erkennbaren Verbesserung der Laufzeit. [San+19]

Das „Teile-und-Herrsche“-Prinzip wird natürlich nicht nur bei sortierten Sequenzen angewandt, sondern findet auch in vielen anderen Algorithmen Anwendung. Ein prominentes Beispiel ist die binäre Suche, dort teilt man den Suchbereich immer wieder in kleinere Bereiche und vereinfacht so das Problem bis zum Trivialfall, wenn der Suchbereich nur einem Element entspricht und man es so entweder gefunden hat oder es nicht existiert.

Bei der konkreten Umsetzung der Parallelisierung des Einfügen ist darauf zu achten, die sortierte Sequenz richtig zu teilen, und die richtigen Elemente an der richtigen Stelle einzufügen. Falls beim Zusammenfügen der resultierenden Sequenzen eine Überlappung auftritt, ist die Operation fehlgeschlagen und die Sequenzen sind nicht mehr zusammenführbar. Typische Fallstricke der Parallelen Programmierung, wie Wetlaufsituationen, bei denen zwei Prozesse auf das gleiche Objekt zugreifen oder Verklemmungen, bei denen die Prozesse auf einander warten [Bol08], dürften nicht auftreten, da es sich bei den einzelnen Sequenzen um komplett selbstständige Objekte handelt.

---

<sup>1</sup>Mit Ausnahme der Fälle, dass beim Einfügen bereits ein Element mit dem Schlüssel existiert oder beim Entfernen der Schlüssel nicht vorhanden ist.



## 4. Implementierung in Python

Die Implementierung von sortierten Sequenzen in einer Programmiersprache erwies sich für mich als Berg- und Talfahrt. Zuerst begann ich, doppelt verkettete Listen in C zu programmieren, was auch innerhalb eines Nachmittages Erfolg hatte. Danach versuchte ich mich an (a,b)-Bäumen, musste jedoch schnell feststellen, dass ich an meine Grenzen stieß, was C-Programmierung angeht. Ich hatte erst dieses Semester angefangen, C zu lernen, und kam noch nicht mit Speicherverwaltung und Datentypen zurecht.

Also entschloss ich mich, die Entwicklung auf Python zu verlegen, und fing wieder mit doppelt verketteten Listen an. Im Nachhinein denke ich, dass dies die richtige Entscheidung war, denn in Python konnte ich echt objektorientiert programmieren, was in C nur behelfsmäßig mit Hilfe von `structs` möglich war. Außerdem besitze ich in Python etwas mehr Erfahrung, ein gutes halbes Jahr.

Unter <https://github.com/joshuaajeschek/SortedSequences> ist der Code meine Implementierung einsehbar. Alle dort verfügbaren Dateien sind mit Kommentaren zu den Klassen und Methoden versehen, deshalb werde ich nicht auf jede einzelne Methode eingehen. Für meine Implementierung habe ich insgesamt 4 Klassen benutzt. `Leaf` und `DoublyLinkedList` für doppelt verkettete Listen (siehe `dll.py`), sowie `Node` und `ABTree` für (a,b)-Bäume (siehe `abTree.py`). Im Folgenden werde ich die zugehörigen Methoden erläutern, und Anmerkungen zu meiner Implementierung machen.

Das Programmieren von doppelt verketteten Listen war recht unkompliziert. Methoden wie `locate` basieren auf den Referenzen zu den Vor- und Nachfolgern der einzelnen Elemente. Dies war jedoch nur die Vorbereitungsarbeit für sortierte Sequenzen mit (a,b)-Bäumen. Die Klassen `Node` und `ABTree` waren durchaus komplizierter.

Ich orientierte mich am Pseudocode aus dem Buch ([San+19]), was jedoch nicht immer ohne Probleme „übersetzbar“ war. Der Pseudocode ist an C++ angelegt. Manche Vorgänge konnte ich durch die Benutzung von Python vereinfachen, manche stellten sich als etwas schwieriger heraus. Im Pseudocode findet man oft Notationen, um auf die Elemente eines Arrays zuzugreifen, wie beispielsweise  $s'[b+2-d..b]$ . Hier ist die obere Grenze als inklusiv aufzufassen. In Python müsste man also schreiben  $s'[b+2-d : b+1]$ , da dort die obere Grenze exklusiv ist.

Da es sich beim Umsetzen der Methoden in Python nicht nur um ein stures Abschreiben handelte, konnte ich so die Funktionsweise komplett verstehen, was alleine durch das Lesen des Buches nicht der Fall war. Nach der Behebung von mehreren Fehlern die sich eingeschlichen hatten, wusste ich genau, worauf bei Operationen `locate`, `insert`, `remove` zu achten ist. Dies half mir dann auch, `merge` umzusetzen, wo es nur die Beschreibung im Text als Anhaltspunkt gab. Die Funktion `mergeRec` hätte man vielleicht etwas kürzer gestalten können, wenn man sie in zwei Funktionen aufteilt. Eine für den Fall, dass der Baum von Sequenz 1 höher als der von Sequenz 2, und eine für die restlichen Fälle. Ich habe jedoch eine Funktion für beide Fälle definiert, bei der man mittels der Variable `l_r` angibt, ob man auf der rechten oder linken Seite des Baumes absteigt. Bei der Übergabe von  $\infty$  steigt man auf der rechten Seite ab, bei der Übergabe von  $-\infty$  auf der linken Seite. Das ermöglichen die Teilerschlüssel `self.s[0]`

und `self.s[d]`, welche bei jedem Knotenpunkt den Weg nach links und rechts weisen.

Es gibt allerdings auch eine offensichtliche Schwäche in meiner Implementierung, in der Methode `locateLocally` der Klasse `Node`. Die Suche nach dem passenden Teilerschlüssel in `self.s` erfolgt dort mittels einer einfachen Schleife, die den ersten Index des ersten Wertes zurückgibt, für den gilt  $key \leq self.s[i]$ . Hierbei handelt es sich um eine einfache Lösung, denn wir wollen den kleinsten Index erhalten, für den dies gilt. Eine potentiell schnellere Lösung würde den Einsatz von binärer Suche beinhalten, was aber durch den Fakt erschwert werden würde, dass man ein Ergebnis erhalten kann, welches nicht der kleinste Index ist, für den die Bedingung gilt. Deshalb müsste man dies dann nochmals dann nochmals überprüfen. Bei kleinen Werten für  $b$  ist die Auswirkung nicht bemerkbar, die Ausführung kann sogar etwas schneller als mit binärer Suche sein, wenn sich der Wert am Anfang von `self.s` befindet. Außerdem spart man Zeit für die Überprüfung ein. Bei großen Werten von  $b$  wäre binäre Suche jedoch deutlich überlegen.

Eine komplette Auflistung aller implementierten Klassen und Methoden ist in Anhang A zu finden.

## 4.1. Testreihen an locate

Nach erfolgreicher Implementierung aller Klassen und den wichtigen Methoden, wollte ich sehen, wie schnell sortierte Sequenzen wirklich sind. Ich startete mit einem Test, bei dem ich 10.000 Elemente einfügte, und nach jeder Einfügung die Laufzeit der Operation `locate` maß. Dazu benutzte ich die Funktion `perf_counter()` aus dem `time`-Modul. Diese Funktion gibt Werte als Sekundenbruchteile zurück, also immer  $0, \dots$  Sekunden. Die Ergebnisse nahm ich in einer `.csv`-Datei auf. Beim Analysieren der Werte stellte ich fest, dass sich große Messspitzen ergeben hatten, welche die Lesbarkeit des Graphens beeinträchtigen. Dieser erste Graph ist in Anhang B zu sehen. Diese Spitzen führe ich auf die unregelmäßige Auslastung meines Prozessors in der Testphase zurück. Ich entfernte die Messspitzen und erhielt somit Abbildung B.2. Man erkennt die Abhängigkeit von Laufzeit (blau) und Höhe des Baumes (orange), sowie das logarithmische Verhalten der Graphen (grün).

Meinen zweiten Test führte ich in der gleichen Art und Weise durch, jedoch mit insgesamt 300.000 eingefügten Elementen und mit fünffacher Wiederholung. Um weniger Messspitzen zu produzieren, führte ich den Test auf meinem Server aus, dessen Auslastung gleichmäßig gering ist. Eine Wiederholung des Testes dauerte gut sechs Stunden. Nach Abschluss der Tests entfernte ich offensichtliche Messfehler und bildete den Durchschnitt der einzelnen Ergebnisse mit gleichem  $n$  (Anzahl der Elemente). Daraus resultierte Abbildung 4.1. In Blau dargestellt ist die Kurve mit dem Durchschnitt der Messwerte in Abhängigkeit von  $n$ . Trotz der Entfernung von extremen Messfehlern sind die Ergebnisse noch relativ weit verteilt. Man kann dennoch den logarithmischen Kurvenverlauf erkennen, was auch die Trendlinie, in Grün dargestellt, zeigt.

Die Daten von Abbildung 4.1 sind zwar schon beeindruckend, aber sagen ohne einen Vergleich noch relativ wenig aus. Deshalb führte ich den gleichen Test mit meiner Implementierung der doppelt verketteten Liste durch. Der Vergleich der Trendlinien der beiden Testergebnisse ist in Abbildung 4.2 zu sehen. Ich beschränkte mich hierbei auf ein Maximum von 250 Elementen, da schon so die unterschiedliche Entwicklung der Graphen auf eine beeindruckende Art und Weise zu erkennen ist.

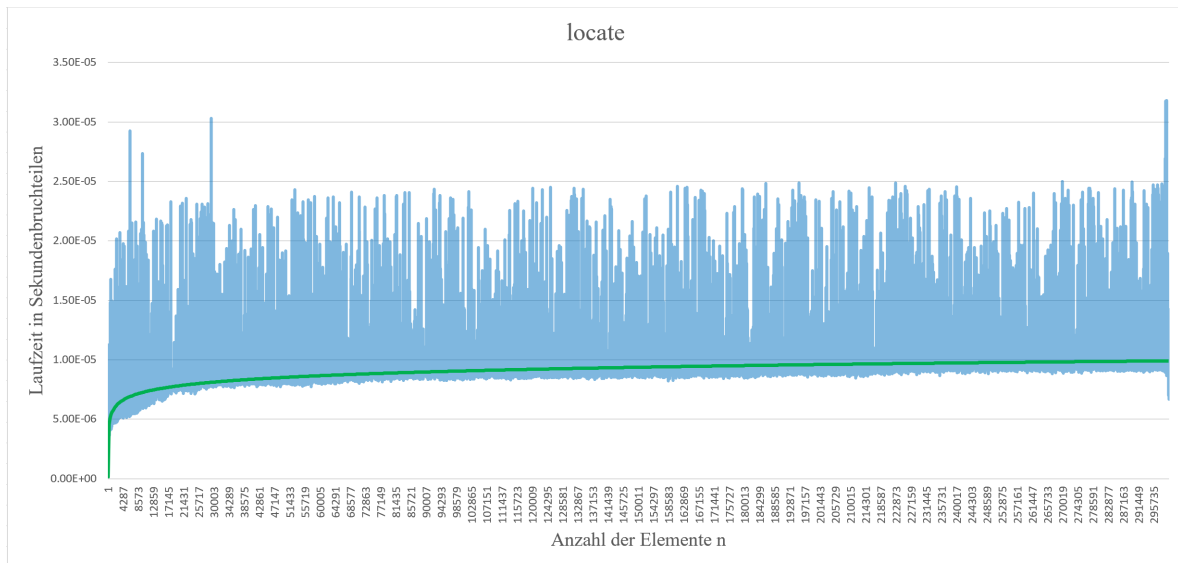


Abbildung 4.1.: Test von `locate` mit 0 bis 300.000 Elementen, blau dargestellt sind die Messwerte, grün die Trendlinie.

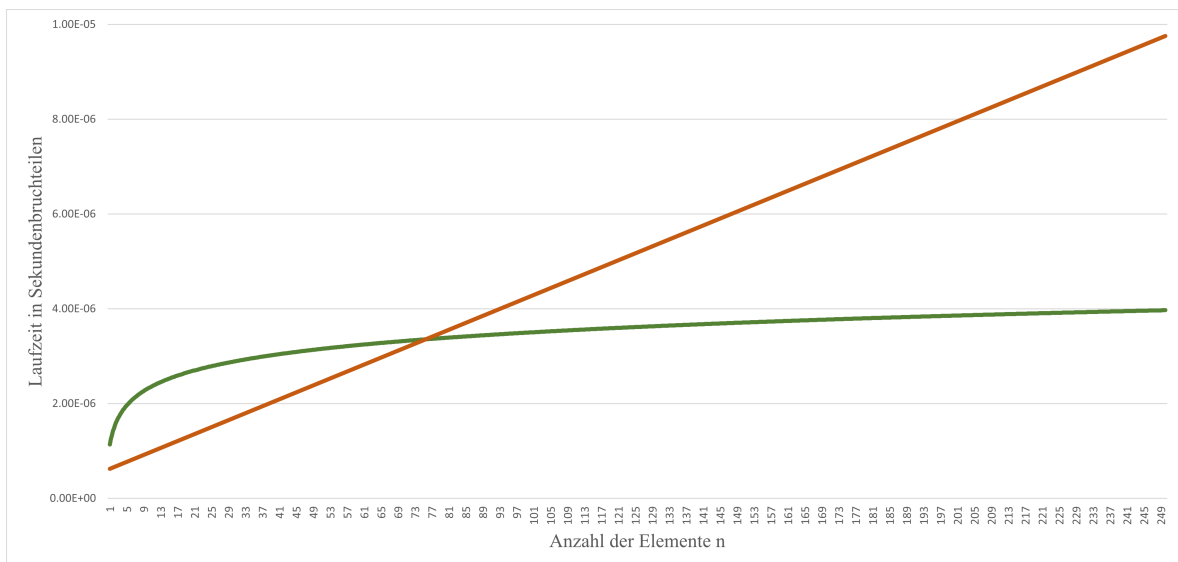


Abbildung 4.2.: Die Trendlinien der Ergebnisse des Testes an (a,b)-Bäumen (grün) und doppelt verketteten Listen im Bereich von  $0 < n \leq 500$  zeigen die Überlegenheit von (a,b)-Bäumen eindrucksvoll.

## 5. Zusammenfassung & Reflexion

Sortierte Sequenzen stellen eine mächtige Datenstruktur dar, insbesondere, wenn sie mit (a,b)-Bäumen als Navigationsstruktur umgesetzt werden. Die Funktionsweise von Operationen wie Finden, Einfügen und Entfernen wurde in dieser Arbeit erörtert. Die wohl wichtigste Erkenntnis stellt dar, dass diese Operationen in logarithmischer Zeit ausgeführt werden können. Die Laufzeit der Operationen entwickelt sich logarithmisch in Abhängigkeit von der Anzahl der Elemente in der sortierten Sequenz. Diese Eigenschaft konnte auch durch die Testreihe an meiner eigenen Implementierung von (a,b)-Bäumen bestätigt werden.

Besagte Implementierung führte ich in Python durch, was sich aufgrund der unkomplizierten Natur der Datentypenverwaltung in Python als richtige Entscheidung herausstellte. Gerne hätte ich C benutzt, da es schneller ist. Die Probleme und offenen Fragen bei der Umsetzung erwiesen sich jedoch als zu groß und zu umfangreich für meinen Kenntnisstand.

Während der Bearbeitung des Themas fiel mir auf, dass verhältnismäßig wenig Material über sortierte Sequenzen und (a,b)-Bäume existiert. Das Buch „*Sequential and Parallel Algorithms and Data Structures - The Basic Toolbox*“ [San+19] bietet den umfangreichsten Einblick in Aufbau und Funktionsweise von (a,b)-Bäumen und lieferte somit den Großteil der Informationen für diese Arbeit.

Abschließend stelle ich fest, dass es sehr interessant war, sich über (a,b)-Bäume und sortierte Sequenzen zu informieren.

# Literatur

## Bücher

- [Bol08] Dietrich Boles. „*Parallele Programmierung spielend gelernt mit dem Java-Hamster-Modell: Programmierung mit Java-Threads*. Wiesbaden: Vieweg+Teubner, 2008. ISBN: 978-8348-0229-3,
- [San+19] P. Sanders u. a. *Sequential and Parallel Algorithms and Data Structures - The Basic Toolbox*. 1. Aufl. Springer, Aug. 2019. ISBN: 978-3-030-25208-3.

## Webseiten

- [Bul20] Jacquelyn Bulao. *How Much Data Is Created Every Day in 2020?* Zuletzt besucht am 21.11.2020. Mai 2020. URL: <https://techjury.net/blog/how-much-data-is-created-every-day/#gref>.

# Selbstständigkeitserklärung

Hiermit erkläre ich, daß ich die vorliegende Arbeit selbstständig angefertigt, nicht anderweitig zu Prüfungszwecken vorgelegt und keine anderen als die angegebenen Hilfsmittel verwendet habe. Sämtliche wissentlich verwendete Textausschnitte, Zitate oder Inhalte anderer Verfasser wurden ausdrücklich als solche gekennzeichnet.

Chemnitz, den 30. November 2020

---

Joshua Jeschek

## Anhang A.

# Liste der implementierten Klassen und Methoden

### A.1. dll.py

- **Leaf**: Ein Element einer doppelt verketteten List mit den Attributen **key**, **value**, **prev** und **succ**
  - **insertAfter**: Fügt ein Objekt nach dem Objekt ein
  - **insertBefore**: Fügt ein Objekt vor dem Objekt ein
  - **remove**: Entfernt das Objekt
- **DoublyLinkedList**: Eine doppelt verkettete Liste, enthält die Referenz zum Dummy Element mit dem Schlüssel  $\infty$ .
  - **locate**: Findet das Element mit dem gesuchten Schlüssel.
  - **insert**: Fügt ein Element mit dem gegebenen Schlüssel ein.
  - **remove**: Entfernt das Element mit dem gegebenen Schlüssel.
  - **isEmpty**: Prüft Liste auf Leere.
  - **first**: Gibt erstes Element zurück.
  - **last**: Gibt letztes Element zurück.
  - **count**: Gibt Anzahl der Elemente in der Liste zurück.
  - **listAll**: Gibt alle Elemente der Reihenfolge nach auf der Kommandozeile aus.

### A.2. abTree.py

- **Node**: Ein Knotenpunkt in einem (a,b)-Baum, enthält die Attribute **s** (Liste von Teilerschlüsseln), **c** (Liste von Referenzen zu Unterknotenpunkten oder Blättern) und **d** (Der Grad des Knotenpunktes).
  - **locateLocally**: Lokalisiert einen Teilerschlüssel innerhalb eines Knotenpunktes.
  - **getMax**: Gibt das letzte Element im Unterbaum des Knotenpunktes zurück, ohne die doppelt verkettete Liste zu benutzen.
  - **locateRec**: Gibt das Element mit dem gegebenen Schlüssel zurück, insofern es in der Sequenz vorhanden ist. Wenn nicht, gibt es das nächstgrößere Element zurück.

- **insertRec**: Fügt ein Element mit dem gegebenen Schlüssel an der richtigen Stelle im Unterbaum des Knotenpunktes ein.
- **removeLocally**: Entfernt ein Kind mit dem gegebenen Index vom Knotenpunkt.
- **removeRec**: Entfernt das Element mit dem gegebenen Schlüssel aus dem Unterbaum des Knotenpunktes.
- **mergeRec**: Fügt einen Unterbaum an den aktuellen Knotenpunkt an. Es muss angegeben werden, ob dies auf der linken oder rechten Seite erfolgen soll. Des Weiteren muss die Differenz der Höhen der zwei Bäume angegeben werden.
- **splitRec**: Teilt den Baum ausgehend vom Knotenpunkt in zwei Hälften, eine links vom gegebenen Schlüssel, und eine rechts davon.
- **ABTree**: Ein (a,b)-Baum, enthält die Attribute **root** (Wurzel-Knotenpunkt), **list** (die dazugehörige doppelt verkettete Liste) und **height** (Die Höhe des Baumes).
  - **locate**: Gibt das Element mit dem angegebenen Schlüssel zurück, falls es existiert. Wenn nicht, wird das nächste Element zurückgegeben.
  - **insert**: Fügt ein Element mit dem gegebenen Schlüssel an der richtigen Stelle des Baumes ein.
  - **remove**: Entfernt das Element mit dem gegebenen Schlüssel, insofern es existiert.
  - **listAll**: Führt
  - **listAll** der Liste des Baumes aus.
  - **count**: Führt
  - **count** der Liste des Baumes aus.
  - **first**: Führt
  - **first** der Liste des Baumes aus.
  - **last**: Führt
  - **last** der Liste des Baumes aus.
  - **isEmpty**: Führt
  - **isEmpty** der Liste des Baumes aus.
  - **locateRange**: Gibt alle Elemente innerhalb des gegebenen Bereiches zurück (als Liste).
  - **split**: Teilt den Baum in zwei Unterbäume, die Teilung erfolgt am Element mit dem angegebenen Schlüssel, oder am nächstgrößeren, falls es nicht in der Liste vorhanden ist.
  - **bulkInsert**: Fügt mehrere Elemente auf einmal ein, als parallele Prozesse
- **mergeTrees**: Fügt zwei Bäume zu einem zusammen. Sie dürfen sich nicht überschneiden.



## Anhang B.

### weitere Testergebnisse

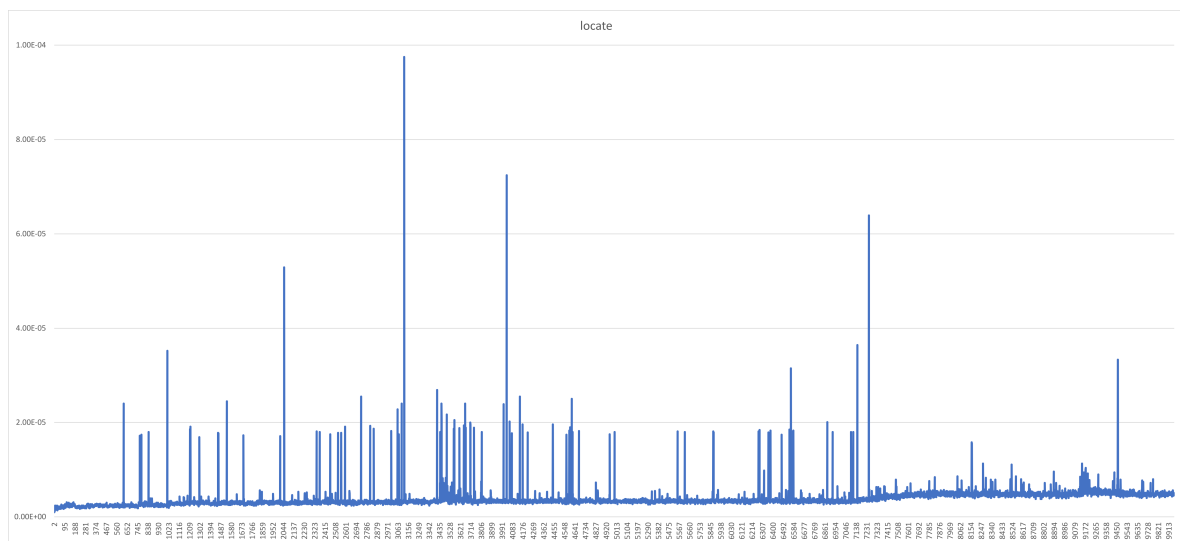


Abbildung B.1.: Die unbearbeiteten Ergebnisse des Tests an einer sortierten Sequenz mit maximal 10.000 Elementen. Dargestellt ist die Dauer der Funktion `locate`. Durch die großen Messspitzen sind die Ergebnisse nicht gut ablesbar.

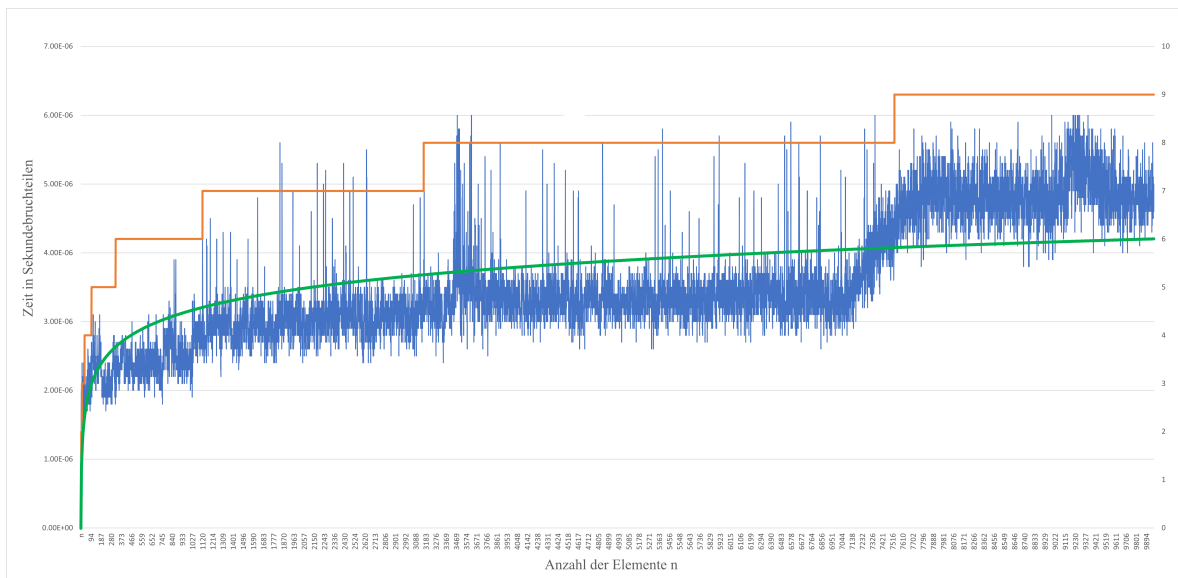


Abbildung B.2.: Die bearbeiteten Ergebnisse des Testes mit 10.000 Elementen zeigen die logarithmische Laufzeit von `locate`, sowie die Abhängigkeit von der Höhe des Baumes (orange dargestellt)

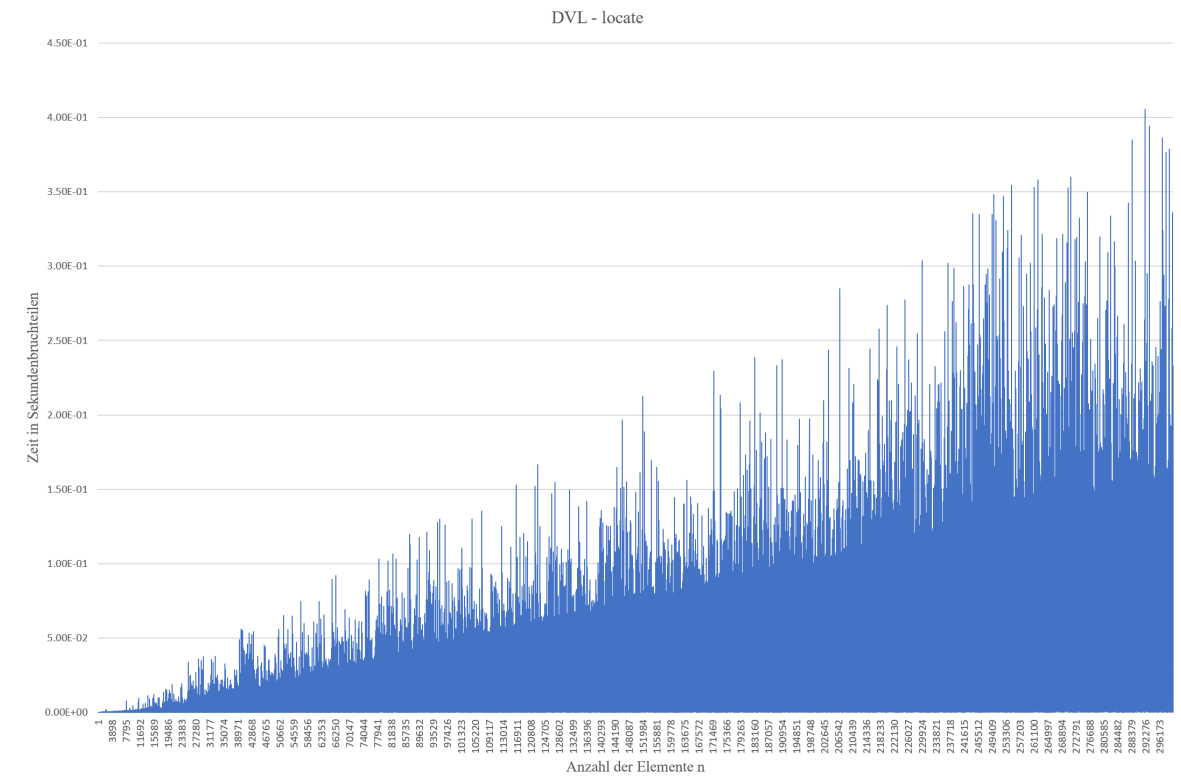


Abbildung B.3.: Die unbearbeiteten Ergebnisse des Tests an einer Doppelt Verketteten List (DVL) mit maximal 300.000 Elementen. Dargestellt ist die Dauer der Funktion `locate`. Die Messspitzen lenken hier weniger vom Ergebnis ab als bei (a,b)-Bäumen. Die lineare Laufzeit ist deutlich erkennbar.