# Appunti di Algoritmi e Strutture Dati

Luca Facchini

Matricola: 245965

Corso tenuto dal prof. Montresor Alberto

Università degli Studi di Trento

A.A. 2024/2025

**Sommario**

Appunti del corso di Algoritmi e Strutture Dati tenuto dal prof. Montresor Alberto presso l'Università degli Studi di Trento nell'anno accademico 2024/2025.

[1]

[1] Le immagini e gli algoritmi (identificati da Algorithm ##) presenti in questo documento sono stati presi dai materiali forniti dal professor Montresor Alberto (alberto.montresor@unitn.it) durante il corso, sono condivisi sotto licenza Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License (CC BY-SA 4.0). Come conseguenza le sole immagini sono soggette a questa licenza, il contenuto testuale in quanto appunti personali tratti da lezioni ed altro è soggetto alla licenza "genitore" del quale questo documento fa parte

# Indice

# Parte I

# Primo Semestre

# Capitolo 1

# Analisi di Algoritmi

## 1.1 Modelli di calcolo

### 1.1.1 Definizioni

#### Complessità

**Definizione 1.1.** La **complessità** di un algoritmo è definita come la quantità di **tempo** necessaria per eseguirlo in funzione della **dimensione dell'input**.

Le domande spontanee che ci si pone sono dunque:

- Come definire la dimensione dell'input?
- Come misurare il tempo?

#### Dimensione dell'input

**Definizione 1.2.** Per definire la **dimensione dell'input** abbiamo due criteri:

**Costo Logaritmico** Il costo logaritmico è definito come il numero di bit necessari per rappresentare l'input.

**Costo Uniforme** La taglia dell'input è definita come il numero di elementi da cui è composto.

Ma in molti casi possiamo assumere che tutti gli elementi siano rappresentati dallo stesso numero di bit costante e che coincidono a meno di costante moltiplicativa

#### Tempo

**Definizione 1.3.** Un'istruzione si considera elementare se può essere eseguita in tempo "costante" dal processore, dunque un esempio ne è la moltiplicazione o una funzione matematica ad esempio $\cos(d)$, ma una istruzione come il massimo tra due numeri non è elementare.

#### Modello di calcolo

**Definizione 1.4.** Un modello di calcolo è definito come la rappresentazione astratta di un calcolatore che rispetta i seguenti criteri:

**Astrazione** Il modello deve permettere di nascondere i dettagli.

**Realismo** Il modello deve riflettere una situazione reale.

**Potenza Matematica** Il modello deve permettere di dimostrare "formalmente" la complessità di un algoritmo.

Esempio di modello di calcolo è la **Macchina di Turing**.

### 1.1.2 Esempi di Analisi

**Tempo di calcolo** min()

Sappiamo che ogni istruzione richiede un tempo costante per essere eseguita e che ogni operazione potenzialmente ha una costante diversa dalle altre e che ogni istruzione viene eseguita un numero di volte diversa dalle altre.

| ITEM min(ITEM[] $A$, **int** $n$) | Costo | # Volte |
|---|---|---|
| ITEM $min = A[1]$ | $c_1$ | 1 |
| **for** $i = 2$ **to** $n$ **do** | $c_2$ | $n$ |
| **if** $A[i] < min$ **then** | $c_3$ | $n-1$ |
| $min = A[i]$ | $c_4$ | $n-1$ |
| **return** $min$ | $c_5$ | 1 |

Otteniamo quindi che il tempo di calcolo è:

$$\begin{aligned} T(n) =& c_1 + c_2 n + c_3(n-1) + c_4(n-1) + c_5 \\ =& (c_2 + c_3 + c_4)n + (c_1 + c_5 - c_3 - c_4) = an + b \end{aligned}$$

**Tempo di calcolo di** binarySearch()

In questo algoritmo il vettore viene suddiviso in due parti: Parte SX: $\lfloor (n-1)/2 \rfloor$ e Parte DX: $\lfloor n/2 \rfloor$.

| **int** binarySearch(ITEM[] $A$, ITEM $v$, **int** $i$, **int** $j$) | Costo | # $(i > j)$ | # $(i \leq j)$ |
|---|---|---|---|
| **if** $i > j$ **then** | $c_1$ | 1 | 1 |
| **return** 0 | $c_2$ | 1 | 0 |
| **else** | | | |
| **int** $m = \lfloor (i+j)/2 \rfloor$ | $c_3$ | 0 | 1 |
| **if** $A[m] = v$ **then** | $c_4$ | 0 | 1 |
| **return** $m$ | $c_5$ | 0 | 0 |
| **else if** $A[m] < v$ **then** | $c_6$ | 0 | 1 |
| **return** binarySearch$(A, v, m+1, j)$ | $c_7 + T(\lfloor n/2 \rfloor)$ | 0 | 0/1 |
| **else** | | | |
| **return** binarySearch$(A, v, i, m-1)$ | $c_7 + T(\lfloor (n-1)/2 \rfloor)$ | 0 | 1/0 |

A questo punto dobbiamo fare delle assunzioni:

- Assumiamo che la $n$ potenza di 2 sia: $n = 2^k$.
- L'elemento cercato non è presente.
- Ad ogni passo andiamo sempre a destra in quanto il numero di elementi da valutare è maggiore: $n/2$.

possiamo ora suddividere il problema in due casistiche:

$$\begin{aligned} i > j \quad (n = 0) \quad T(n) =& c_1 + c_2 \\ i \leq j \quad (n > 0) \quad T(n) =& T(n/2) + c_1 + c_2 + c_3 + c_4 + c_6 + c_7 \\ =& T(n/2) + d \end{aligned}$$

unendo i due casi otteniamo la **Relazione di ricorrenza**:

$$T(n) = \begin{cases} c & \text{se } n = 0 \\ T(n/2) + d & \text{se } n > 0 \end{cases}$$

ottenuta la relazione generalmente per un numero $n$ di elementi otteniamo che il tempo è dato da:

$$\begin{aligned} T(n) =& T(n/2) + d \\ =& T(n/4) + 2d \\ & \dots \\ =& T(1) + kd \\ =& T(0) + (k+1)d \\ =& kd + (c+d) \qquad = d\log n + e \end{aligned}$$

ottenendo quindi che il tempo di calcolo è $O(\log n)$ di natura logaritmica.

### 1.1.3 Ordini di Complessità

| $f(n)$ | $n = 10^1$ | $n = 10^2$ | $n = 10^3$ | $n = 10^4$ | **Tipo** |
|---|---|---|---|---|---|
| $\log n$ | 3 | 6 | 9 | 13 | Logaritmica |
| $\sqrt{n}$ | 3 | 10 | 31 | 100 | sub-lineare |
| $n$ | 10 | 100 | 1000 | 10000 | Lineare |
| $n \log n$ | 30 | 664 | 9965 | 132877 | log-lineare |
| $n^2$ | $10^2$ | $10^4$ | $10^6$ | $10^8$ | Quadratica |
| $n^3$ | $10^3$ | $10^6$ | $10^9$ | $10^{12}$ | Cubica |
| $2^n$ | 1024 | $10^{30}$ | $10^{301}$ | $10^{3010}$ | Esponenziale |

## 1.2 Notazione asintotica

### 1.2.1 Notazioni $O$, $\Omega$, $\Theta$

**Notazione $O$**

**Definizione 1.5.** Sia $g(n)$ una funzione di costo; indichiamo con $O(g(n))$ l'insieme delle funzioni $f(n)$ tali per cui:

$$\exists c > 0,\ \exists m \geq 0 : f(n) \leq cg(n),\ \forall n \geq m$$

La seguente notazione si legge: $f(n)$ è "O grande" (big O) di $g(n)$, con un abuso di notazione si scrive $f(n) = O(g(n))$[1] . Inoltre per la precedente definizione possiamo dire che $g(n)$ è un **limite asintotico superiore** per $f(n)$, in quanto dopo qualche valore $m$ la funzione $g(n)$ è sempre maggiore di $f(n)$. Inoltre per questo motivo sappiamo che $f(n)$ cresce al più come $g(n)$.

**Notazione $\Omega$**

**Definizione 1.6.** Sia $g(n)$ una funzione di costo; indichiamo con $\Omega(g(n))$ l'insieme delle funzioni $f(n)$ tali per cui:

$$\exists c > 0,\ \exists m \geq 0 : f(n) \geq cg(n),\ \forall n \geq m$$

La seguente notazione si legge: $f(n)$ è "Omega" di $g(n)$, con un abuso di notazione si scrive $f(n) = \Omega(g(n))$[1]. Inoltre per la precedente definizione possiamo dire che $g(n)$ è un **limite asintotico inferiore** per $f(n)$, in quanto dopo qualche valore $m$ la funzione $g(n)$ è sempre minore di $f(n)$. Inoltre per questo motivo sappiamo che $f(n)$ cresce almeno come $g(n)$.

[1] Questo è un abuso di notazione in quanto $O(g(n))$ è una classe di funzioni e non può essere eguagliata una singola funzione, il simbolo più appropriato sarebbe $f(n) \in O(g(n))$

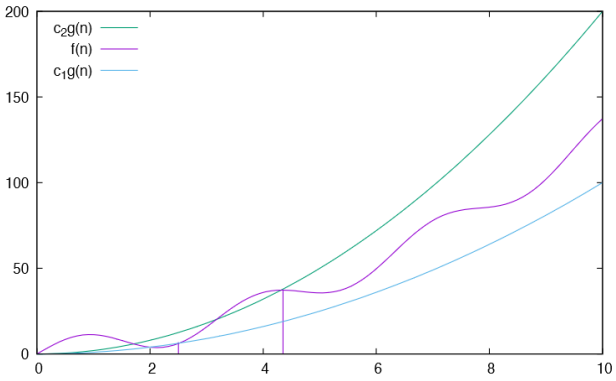
**Notazione $\Theta$**

**Definizione 1.7.** Sia $g(n)$ una funzione di costo; indichiamo con $\Theta(g(n))$ l'insieme delle funzioni $f(n)$ tali per cui:

$$\exists c_1 > 0,\ \exists c_2 > 0,\ \exists m \geq 0 : c_1 g(n) \leq f(n) \leq c_2 g(n),\ \forall n \geq m$$

La seguente notazione si legge: $f(n)$ è "Theta" di $g(n)$, con un abuso di notazione si scrive $f(n) = \Theta(g(n))$[1]. Inoltre per la precedente definizione possiamo dire che $f(n)$ cresce esattamente come $g(n)$, detto ciò $f(n) = \Theta(g(n))$ se e solo se $f(n) = O(g(n))$ e $f(n) = \Omega(g(n))$.

**Esempio grafico**




## 1.2.2 Esempi e Esercizi

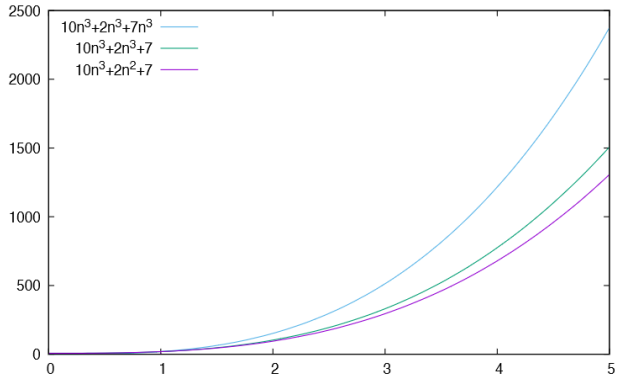
**Esempio 1**

$$f(n) = 10n^3 + 2n^2 + 7 \stackrel{?}{=} O(n^3)$$

Dobbiamo provare che $\exists c > 0,\ \exists m \geq 0 : f(n) \leq cn^3,\ \forall n \geq m$.

$$\begin{aligned} f(n) =& 10n^3 + 2n^2 + 7 \\ \leq& 10n^3 + 2n^3 + 7 && \forall n \geq 1 \\ \leq& 10n^3 + 2n^3 + n^3 && \forall n \geq \sqrt[3]{7} \\ =& 13n^3 \stackrel{?}{\leq} cn^3 \end{aligned}$$

Che è verificata per qualsiasi $c \geq 13$ e $m \geq \sqrt[3]{7}$, arrotondiamo $m$ ad un intero superiore ottenendo $m = 2$.



## 1.3 Complessità problemi v/s algoritmi

### 1.3.1 Moltiplicazione numeri complessi

Per moltiplicare numeri complessi bisogna svolgere la seguente operazione:

$$(a+bi)(c+di) = [ac-bd] + [ad+bc]i$$

dunque dai parametri $a, b, c, d$ otteniamo che il risultato da restituire: $ac - bd$ e $ad + bc$.

**Domande** Considerando che addizioni e sottrazioni costino $c_1 = 0.01$ e moltiplicazione costi $c_2 = 1$ possiamo chiederci:

- Quanto costa l'algoritmo?
- Si può fare meglio?
- Qual'è il ruolo del modello di calcolo?

Dato che si devono fare almeno 4 moltiplicazioni e 2 somme otteniamo che il costo totale è $4c_2 + 2c_1 = 4.02$.

Ora si può fare meglio? La risposta è no in quanto se si potesse fare meglio si potrebbe fare meglio allora bisognerebbe trovare un algoritmo che esegua meno di 4 moltiplicazioni e 2 somme, ma per fare ciò bisognerebbe cambiare il modello di calcolo.

### 1.3.2 Sommare numeri binari

**Algoritmo elementare della somma -** sum()

Ipotizziamo che l'operazione da fare sia la somma di due bit singoli e generare il riporto, assegniamo a questa operazione costo $c$. Dopo ciò indichiamo con $n$ il numero massimo di bit tra i due numeri da sommare, otteniamo dunque che:

- Richiede di esaminare tutti gli $n$ bit
- Costo totale $cn = O(n)$

**Esiste allora un algoritmo più efficiente?**

La risposta è no in quanto se esistesse un algoritmo di tale genere allora potremmo cambiare un solo bit di uno dei due numeri e ottenere un risultato diverso senza che l'algoritmo lo vada ad analizzare, il che è impossibile.

### 1.3.3 Moltiplicare numeri binari

**Algoritmo elementare del prodotto -** prod()

L'operazione elementare per moltiplicare due numeri binari è la seguente:

| | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | $*$ |
| | | | | | | | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | |
| | | | | | | | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |
| | | | | | | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | | |
| | | | | | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | | | |
| | | | | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | | | | |
| | | | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | | | | | |
| | | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | | | | | | |
| | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | | | | | | | |
| 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | |

deduciamo che:

- Dobbiamo accedere a tutti i bit
- Il costo totale è $cn^2 = O(n^2)$ perché dobbiamo fare $n$ somme di $n$ bit.

**Soluzione Divide-et-impera**

La base del principio **Divide-et-impera** è la seguente:

**Divide** Dividere il problema in sotto-problemi più piccoli.

**Impera** risolvi i sotto-problemi in modo ricorsivo.

**Combina** combina le soluzioni dei sotto-problemi per ottenere la soluzione del problema originale.

La soluzione divide-et-impera per il problema della moltiplicazione binaria è la seguente:

$$\begin{aligned} X =& a \cdot 2^{n/2} + b \\ Y =& c \cdot 2^{n/2} + d \\ XY =& ac \cdot 2^n + (ad + bc) \cdot 2^{n/2} + bd \end{aligned} \qquad \begin{aligned} X =& \overset{a}{\text{Parte SX}} \quad \overset{b}{\text{Parte DX}} \\ Y =& \overset{c}{\text{Parte SX}} \quad \overset{d}{\text{Parte DX}} \end{aligned}$$

Ora possiamo scrivere l'algoritmo: La funzione di costo associata all'algoritmo è:

**Algorithm 1** boolean[ ] pdi(boolean[ ] X, boolean[ ] Y, int n)

```
1: if n = 1 then
2:     return X[1] · Y[1]
3: else
4:     spezza X in a e b e Y in c e d
5:     return pdi(a, c, n/2)·2^n + (pdi(a, d, n/2) + pdi(b, c, n/2))·2^{n/2} + pdi(b, d, n/2)
```

$$T(n) = \begin{cases} c_1 & n = 1 \\ 4T(n/2) + c_2 \cdot n & n > 1 \end{cases}$$

**Nota:** moltiplicare per $2^n$ corrisponde a uno shift a sinistra di $n$ posizioni, svolta in tempo lineare.

Ora in quanto abbiamo 4 chiamate ricorsive, assumendo che $c_1$ sia il tempo per moltiplicare due bit e che $c_2$ sia il tempo per sommare due numeri binari otteniamo che il tempo di calcolo è $c_2 \cdot 4^i \cdot \frac{n}{2^i} = T(1) \cdot 4^{\log_2 n} = c_1 \cdot n^{\log_2 4} = c_1 \cdot n^2$.

**Ma allora è possibile fare meglio?** Long story short: si in quanto è stato provato nel 2021 l'esistenza di un algoritmo di complessità $O(n \log n)$.

## 1.4 Algoritmi di Ordinamento

**Introduzione** L'obbiettivo di questa sezione è valutare la complessità degli algoritmi in base all'input, in alcuni casi gli algoritmi si comportano differentemente in base all'input se siamo a conoscenza dell'input questa ci consente di scegliere un algoritmo più adeguato alla nostra soluzione.

**Come analiziamo gli algoritmi** Possiamo analizzare l'efficienza degli algoritmi in base a diversi casi:

**Caso Pessimo** Questa analisi è la più importante in quanto sappiamo che questa restituisce il limite superiore al tempo di esecuzione qualsiasi sia l'input.

**Caso Medio** Questa analisi è la più complessa in quanto bisogna definire il "caso medio" e cosa si intende per "medio", ma è utile con una distribuzione uniforme degli input.

**Caso Ottimo** Utile solo se conosciamo qualcosa sull'input, altrimenti non risulta utile se abbiamo un input arbitrario.

### 1.4.1 Selection Sort

Algoritmo Selection Sort:

**Algorithm 2** selectionSort(Item[ ] A, **int** n)

```
1: for i = 1 to n − 1 do
2:     int min ← min(A, i, n)
3:     A[i] ↔ min(A, i, n)
```

Algoritmo di supporto min: Avendo analizzato il seguente algoritmo notiamo come in ogni caso, ottimo,

**Algorithm 3** int min(Item[ ] A, **int** i, **int** n)

```
1: int min ← i
2: for j = i + 1 to n do
3:     if A[j] < A[min] then
4:         min ← j
5: return min
```

medio e pessimo, il "ciclo" esterno della funzione selectionSort() viene eseguito $n-1$ volte, mentre il ciclo interno della funzione min() viene eseguito $n-i$ dove $i$ è il valore dell'iterazione del ciclo esterno, quindi $n-1+n-2+n-3+\ldots+1=\frac{n(n-1)}{2}$ volte, otteniamo quindi che il tempo di calcolo è $O(n^2)$ in quanto questo si può approssimare a $\frac{n^2}{2}$.

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

### 1.4.2 Insertion Sort

L'algoritmo di insertion sort è efficiente per ordinare piccoli insiemi, il concetto dietro a questo si bassa sull'inserimento dell'elemento preso in analisi al posto giusto.

Algoritmo Insertion Sort:

**Algorithm 4** insertionSort(Item[ ] A, **int** n)

```
1: for i = 2 to n do
2:     Item temp ← A[i]
3:     int j ← i
4:     while j > 1 and A[j − 1] > temp do
5:         A[j] ← A[j − 1]
6:         j ← j − 1
7:     A[j] ← temp
```

Il costo di esecuzione non dipende esclusivamente dalla dimensione ma anche dall'ordine degli elementi in ingresso.

**Caso Pessimo** Il costo dunque nel **caso pessimo** è $O(n^2)$ in quanto vengono eseguiti $n-1$ cicli esterni e $n-1$ cicli interni, ottenendo dunque $(n-1)+(n-2)+\ldots+1=\frac{n(n-1)}{2}=O(n^2)$.

**Caso Medio** Nel **caso medio** il costo rimane $O(n^2)$ in quanto il ciclo interni viene eseguito $n/2$ volte, ottenendo dunque $\frac{n(n-1)}{4}=O(n^2)$.

**Caso Ottimo** Nel **caso ottimo** il costo è $O(n)$ in quanto il ciclo interno non viene mai eseguito.

Questo ci porta a dire che il insertionSort() è un algoritmo di ordinamento utile nei casi in cui l'input è già ordinato o quasi ordinato, nei casi nei quali non conosciamo la natura dell'input è meglio utilizzare un algoritmo di ordinamento differente.

### 1.4.3 Merge Sort

L'algoritmo di mergeSort() è un algoritmo di ordinamento basato sul principio **divide-et-impera**.

**Divide:** Spezza virtualmente il vettore di $n$ elementi in sotto-vettori di $n/2$ elementi.

**Impera:** Chiama mergeSort() ricorsivamente sui due sotto-vettori.

**Combina:** Unisci (**merge**) i due sotto-vettori ordinati in un unico vettore ordinato.

In input si ha:

- $A$: vettore di $n$ elementi.
- start, end, mid sono tali che $1 \leq \text{start} < \text{mid} < \text{end} \leq n$.
- I sotto-vettori $A[\text{start}, \ldots, \text{mid}]$ e $A[\text{mid}+1, \ldots, \text{end}]$ sono ordinati.

In output si hanno i due sotto-vettori fusi in un unico sotto-vettore ordinato, tramite un vettore di appoggio $B$.

Funzione di appoggio Merge:

**Algorithm 5** Merge(Item[ ] A, **int** start, **int** end, **int** mid)

```
1:  int i, j, k, h
2:  int i ← start
3:  int j ← mid + 1
4:  int k ← start
5:  while i ≤ mid and j ≤ end do
6:      if A[i] ≤ A[j] then
7:          B[k] ← A[i]
8:          i ← i + 1
9:      else
10:         B[k] ← A[j]
11:         j ← j + 1
12:     k ← k + 1
13: j ← end
14: for h = mid downto i do
15:     A[j] ← A[h]
16:     j ← j − 1
17: for j = start to k − 1 do
18:     A[j] ← B[j]
```

Il costo computazionale di Merge() è $O(n)$, questa è la base del costo computazionale di mergeSort().

Funzione completa mergeSort():

**Algorithm 6** mergeSort(Item[ ] A, **int** start, **int** end)

```
1: if start < end then
2:     int mid ← (start + end)/2
3:     mergeSort(A, start, mid)
4:     mergeSort(A, mid + 1, end)
5:     merge(A, start, end, mid)
```

Assumendo per semplificare che $n = 2^k$ dove $k$ è un intero allora l'altezza dell'albero è esattamente $k = \log n$, in questo modo tutti i sotto-vettori hanno dimensione che è potenza di 2. Così facendo il costo computazionale di mergeSort() è:

$$T(n) = \begin{cases} c & n = 1 \\ 2T(n/2) + dn & n > 1 \end{cases}$$

dove $c$ è il costo di un'operazione elementare, $d$ è il costo di Merge() e $n$ è il costo di copiare i valori da $B$ a $A$.

# Capitolo 2

# Analisi di funzioni

## 2.1 Notazione asintotica

### 2.1.1 Definizioni

Si rimanda al sezione 1.2 per le definizioni di $O$, $\Omega$ e $\Theta$.

## 2.2 Proprietà della notazione asintotica

### 2.2.1 Regola Generale

Da qui si prende in considerazione la seguente espressione polinomiale:

$$f(n) = a_k n^k + a_{k-1} n^{k-1} + \ldots + a_1 n + a_0, \quad a_k > 0 \Rightarrow f(n) = \Theta(n^k)$$

**Limite Superiore** $\exists c > 0, \exists m \geq 0 : f(n) \leq cn^k, \forall n \geq m$

$$\begin{aligned} f(n) =& a_k n^k + a_{k-1} n^{k-1} + \ldots + a_1 n + a_0 \\ \leq& a_k n^k + |a_{k-1}| \, n^{k-1} + \ldots + |a_1| \, n + |a_0| \\ \leq& a_k n^k + |a_{k-1}| \, n^k + \ldots + |a_1| \, n^k + |a_0| \, n^k \\ =& (a_k + |a_{k-1}| + \ldots + |a_1| + |a_0|) n^k \qquad \forall n \geq 1 \\ \overset{?}{\leq}& cn^k \end{aligned}$$

questa è vera per $c \geq (a_k + |a_{k-1}| + \ldots + |a_1| + |a_0|) > 0$ e per $m = 1$

**Limite Inferiore** $\exists d > 0, \exists m \geq 0 : f(n) \geq dn^k, \forall n \geq m$

$$\begin{aligned} f(n) =& a_k n^k + a_{k-1} n^{k-1} + \ldots + a_1 n + a_0 \\ \geq& a_k n^k - |a_{k-1}| \, n^{k-1} - \ldots - |a_1| \, n - |a_0| \\ \geq& a_k n^k - |a_{k-1}| \, n^k - \ldots - |a_1| \, n^k - |a_0| \, n^k \\ =& (a_k - |a_{k-1}| - \ldots - |a_1| - |a_0|) n^k \qquad \forall n \geq 1 \\ \overset{?}{\geq}& dn^k \end{aligned}$$

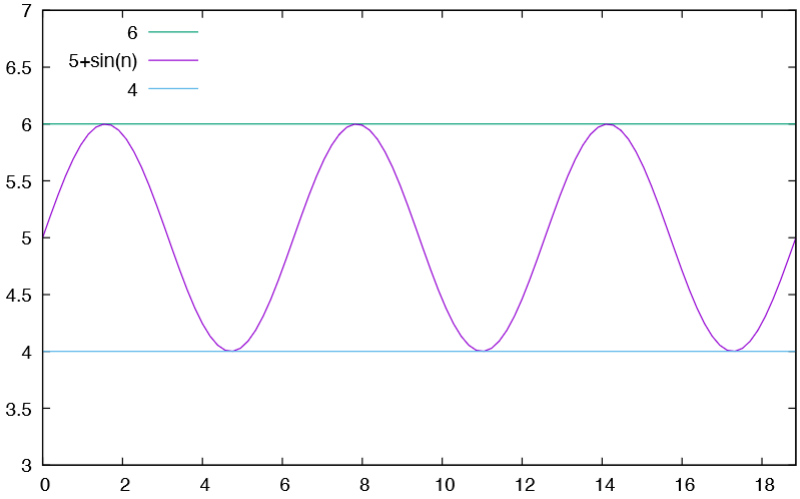
questa è vera se: $d \leq a_k - \frac{|a_{k-1}|}{n} - \ldots - \frac{|a_1|}{n} - \frac{|a_0|}{n} > 0 \Leftrightarrow n > \frac{|a_{k-1}| + \ldots + |a_1| + |a_0|}{a_k}$

**Casi Particolari**

**Complessità di $f(n) = 5$**

$$f(n) = 5 \geq c_1 n^0 \Rightarrow c_1 \leq 5$$
$$f(n) = 5 \leq c_2 n^0 \Rightarrow c_2 \geq 5$$
$$\Rightarrow f(n) = \Theta(n^0) = \Theta(1)$$

**Complessità di $f(n) = 5+\sin(n)$** La complessità di calcolo di $f(n)$ è $\Theta(1)$, in quanto $\sin(n)$ è una funzione oscillante tra $-1$ e 1, quindi $5 + \sin(n)$ oscilla tra 4 e 6.




### 2.2.2 Proprietà delle notazioni

**Dualità**

$f(n) = O(g(n)) \Leftrightarrow g(n) = \Omega(f(n))$

*Dimostrazione.*

$$\begin{aligned} f(n) = O(g(n)) \Leftrightarrow & f(n) \leq cg(n), \forall n \geq m \\ \Leftrightarrow & g(n) \geq \frac{1}{c} f(n), \forall n \geq m \\ \Leftrightarrow & g(n) \geq c' f(n), \forall n \geq m, c' = \frac{1}{c} \\ \Leftrightarrow & g(n) = \Omega(f(n)) \end{aligned}$$

□

**Eliminazione di costanti**

$$f(n) = O(g(n)) \Leftrightarrow af(n) = O(g(n)), \forall a > 0$$
$$f(n) = \Omega(g(n)) \Leftrightarrow af(n) = \Omega(g(n)), \forall a > 0$$

*Dimostrazione.*

$$\begin{aligned} f(n) = O(g(n)) \Leftrightarrow & f(n) \leq cg(n), \forall n \geq m \\ \Leftrightarrow & af(n) \leq acg(n), \forall n \geq m, \forall a > 0 \\ \Leftrightarrow & af(n) \leq c' g(n), \forall n \geq m, c' = ac > 0 \\ \Leftrightarrow & af(n) = O(g(n)), \forall a > 0 \end{aligned}$$

□

**Sommatoria (sequenza di algoritmi)**

$$f_1(n) = O(g_1(n)), f_2(n) = O(g_2(n)) \Rightarrow f_1(n) + f_2(n) = O(\max(g_1(n), g_2(n)))$$
$$f_1(n) = \Omega(g_1(n)), f_2(n) = \Omega(g_2(n)) \Rightarrow f_1(n) + f_2(n) = \Omega(\max(g_1(n), g_2(n)))$$

*Dimostrazione (Lato O).*

$$\begin{aligned} f_1(n) = O(g_1(n)) \wedge f_2(n) = O(g_2(n)) \Rightarrow \\ f_1(n) \leq c_1 g_1(n) \wedge f_2(n) \leq c_2 g_2(n) \Rightarrow \\ f_1(n) + f_2(n) \leq c_1 g_1(n) + c_2 g_2(n) \Rightarrow \\ f_1(n) + f_2(n) \leq \max\{c_1, c_2\}(2 \cdot \max(g_1(n), g_2(n))) \Rightarrow \\ f_1(n) + f_2(n) = O(\max(g_1(n), g_2(n))) \end{aligned}$$

□

**Prodotto (cicli annidati)**

$$f_1(n) = O(g_1(n)), f_2(n) = O(g_2(n)) \Rightarrow f_1(n) \cdot f_2(n) = O(g_1(n) \cdot g_2(n))$$
$$f_1(n) = \Omega(g_1(n)), f_2(n) = \Omega(g_2(n)) \Rightarrow f_1(n) \cdot f_2(n) = \Omega(g_1(n) \cdot g_2(n))$$

*Dimostrazione.*

$$\begin{aligned} f_1(n) = O(g_1(n)) \wedge f_2(n) = O(g_2(n)) \Rightarrow \\ f_1(n) \leq c_1 g_1(n) \wedge f_2(n) \leq c_2 g_2(n) \Rightarrow \\ f_1(n) \cdot f_2(n) \leq c_1 c_2 g_1(n) g_2(n) \end{aligned}$$

□

**Simmetria**

$$f(n) = \Theta(g(n)) \Leftrightarrow g(n) = \Theta(f(n))$$

*Dimostrazione.* Grazie alla proprietà della dualità, si ha che:

$$\begin{aligned} f(n) = \Theta(g(n)) \quad &\Rightarrow \quad f(n) = O(g(n)) \Rightarrow g(n) = \Omega(f(n)) \\ f(n) = \Theta(g(n)) \quad &\Rightarrow \quad f(n) = \Omega(g(n)) \Rightarrow g(n) = O(f(n)) \end{aligned}$$

□

**Transitività**

$$f(n) = O(g(n)), g(n) = O(h(n)) \Rightarrow f(n) = O(h(n))$$

*Dimostrazione.*

$$\begin{aligned} f(n) = O(g(n)) \wedge g(n) = O(h(n)) \Rightarrow \\ f(n) \leq c_1 g(n) \wedge g(n) \leq c_2 h(n) \Rightarrow \\ f(n) \leq c_1 c_2 h(n) \Rightarrow \\ f(n) = O(h(n)) \end{aligned}$$

□

### 2.2.3 Altre funzioni di costo

**Logaritmi v/s funzioni lineari**

**Proprietà dei Logaritmi** Vogliamo provare che $\log(n) = O(n)$. Dimostriamo per induzione che

$$\exists c > 0, \exists m \geq 0 : \log n \leq cn, \forall n \geq m \qquad \text{definizione di } O$$

*Dimostrazione.*

**Caso Base.** $(n = 1)$: $\log 1 = 0 \overset{c}{\leq} 0 \cdot \overset{n}{1} = 0$

**Ipotesi Induttiva.** Sia $\log k \leq ck, \forall k \leq n$.

**Passo Induttivo.** Dimostriamo la proprietà per $n + 1$:

$$\begin{aligned}
\log(n+1) &\leq \log(n+n) = \log 2n && \forall n \geq 1 \\
&= \log 2 + \log n && \log ab = \log a + \log b \\
&= 1 + \log n && \log 2 = 1 \\
&\leq 1 + cn && \text{per induzione} \\
&\overset{?}{\leq} c(n+1) && \text{Obbiettivo} \\
1 + cn \leq c(n+1) &\Leftrightarrow c \geq 1
\end{aligned}$$

□

### 2.2.4 Giocando con le espressioni

**Es 1** È vero che $\log_a n = \Theta(\log n)$?
Si: $\log_a n = (\log_a 2) \cdot (\log_2 n) = \Theta(\log n)$

**Es 2** È vero che $\log n^a = \Theta(\log n)$, per $a > 0$?
Si: $\log n^a = a \log n = \Theta(\log n)$

**Es 3** È vero che $2^{n+1} = \Theta(2^n)$?
Si: $2^{n+1} = 2 \cdot 2^n = \Theta(2^n)$

**Es 4** È vero che $2^n = \Theta(3^n)$?
Ovviamente $2^n = O(3^n)$
Ma: $3^n = \left(\frac{3}{2} \cdot 2\right)^n = \left(\frac{3}{2}\right)^n \cdot 2^n$ : Quindi non esiste $c > 0$ tale per cui $\left(\frac{3}{2}\right)^n \cdot 2^n \leq c2^n$, quindi $2^n \neq O(3^n)$

### 2.2.5 Classificazione delle funzioni

È possibile definire un ordinamento delle principali classi estendendo le relazioni che abbiamo dimostrato:
Per ogni $r < s, h < k, a < b$:

$$o(1) \subset O(\log^r n) \subset O(\log^s n) \subset O(n^h) \subset O(n^h \log^r n) \subset O(n^h \log^s n) \subset O(n^k) \subset O(a^n) \subset O(b^n)$$

## 2.3 Ricorrenze

### 2.3.1 Introduzione

**Equazioni di ricorrenza** Quando si calcola la complessità di un algoritmo ricorsivo, questa viene espressa tramite un'**equazione di ricorrenza**, ovvero una formula definita in maniera ricorsiva.

**MergeSort**

$$T(n) = \begin{cases} 1 & \text{se } n = 1 \\ 2T\left(\frac{n}{2}\right) + n & \text{se } n > 1 \end{cases}$$

**Forma Chiusa** L'obbiettivo è quello di ottenere, quando possibile, una **formula chiusa** che rappresenti la classe di complessità della funzione.

**MergeSort**

$$T(n) = \begin{cases} T(\lfloor n/2 \rfloor) + T(\lceil n/2 \rceil) + \Theta(n) & n > 1 \\ \Theta(1) & n \leq 1 \end{cases} \Longrightarrow T(n) = \Theta(n \log n)$$

### 2.3.2 Metodo dell'albero di ricorsione, o per livelli

**Introduzione** "Srotoliamo" la ricorrenza in un albero i costi ai vari livelli della ricorsione.

**Esempio 1**

$$T(n) = \begin{cases} T(n/2) + b & n > 1 \\ c & n \leq 1 \end{cases}$$

È possibile risolvere questa ricorrenza nel modo seguente:

$$\begin{aligned} T(n) =& b + T(n/2) \\ =& b + b + T(n/4) \\ =& b + b + b + T(n/8) \\ =& \dots \\ =& \underbrace{b + b + \dots + b}_{\log n} + T(1) \end{aligned}$$

Assumiamo per semplicità che $n = 2^k$. $T(n) = b \log n + c = \Theta(\log n)$

**Esempio 2**

$$T(n) = \begin{cases} 4T(n/2) + n & n > 1 \\ 1 & n \leq 1 \end{cases}$$

È possibile risolvere questa ricorrenza nel modo seguente:

$$\begin{aligned} T(n) =& n \cancel{\sum_{j=0}^{\log(n-1)} 2^j} && \underbrace{+4^{\log n}}_{\text{somma degli } T(1)} \\ & \overbrace{n \text{ per prop. log.}} \\ \Rightarrow & \underbrace{n \cdot \frac{\overbrace{2^{\log n}}^{n} - 1}{2 - 1}}_{\substack{\text{usando:} \\ \forall x \neq 1 : \sum_{j=0}^{k} x^j = \frac{x^{k+1}-1}{x-1}}} && +4^{\log n} \\ =& n(n-1) && +4^{\log n} \\ & && \overbrace{\text{cambiamento di base}} \\ =& n^2 - n && \overbrace{+n^2} \\ =& 2n^2 - n = \Theta(n^2) \end{aligned}$$

**Esempio 3**

$$T(n) = \begin{cases} 4T(n/2) + n^3 & n > 1 \\ 1 & n \leq 1 \end{cases}$$

Da questa equazione notiamo che il primo livello ha costo $n^3$, il secondo $4\left(\frac{n}{2}\right)^3$ il terzo $4^2\left(\frac{n}{2^2}\right)^3$ e così via. Quindi possiamo scrivere la sommatoria:

$$\begin{aligned}
T(n) =& n^3 + 4\left(\frac{n}{2}\right)^3 + \ldots + 4^{\log n-1}\left(\frac{n}{2^{\log n-1}}\right)^3 && +4^{\log n} \\
=& \sum_{i=0}^{\log n-1} 4^i \left(\frac{n}{2^i}\right)^3 && +4^{\log n} \\
=& n^3 \sum_{i=0}^{\log n-1} \left(\frac{2^{2i}}{2^{3i}}\right) && +4^{\log n} \\
=& n^3 \sum_{i=0}^{\log n-1} \left(2^{2i-3i}\right) && +4^{\log n} \\
=& n^3 \sum_{i=0}^{\log n-1} \left(2^{-1\cdot i}\right) && +4^{\log n} \\
=& n^3 \sum_{i=0}^{\log n-1} \left(\frac{1}{2}\right)^i && \overbrace{+n^2}^{\text{cambiamento di base}} \\
\leq& n^3 \sum_{i=0}^{\infty} \left(\frac{1}{2}\right)^i && +n^2 \\
=& n^3 \cdot \overbrace{\frac{1}{1-\frac{1}{2}}}^{\text{usando: } \forall x, |x|\leq 1: \sum_{i=0}^{\infty} x^i = \frac{1}{1-x}} && +n^2 \\
=& 2n^3 + n^2
\end{aligned}$$

[1]

Abbiamo dunque dimostrato che $T(n) \leq 2n^3 + n^2 = O(n^3)$ però non possiamo, tramite la dimostrazione precedente, dire che $T(n) = \Theta(n^3)$ in quanto siamo passati ad una disequazione. In questo particolare caso d'altra parte possiamo notare che $T(n) \geq n^3$ il che ci porta ad affermare che $T(n) = \Omega(n^3)$ e quindi $T(n) = \Theta(n^3)$.

### 2.3.3 Metodo di sostituzione

**Introduzione** È il metodo in cui si cerca di **indovinare** (**guess**) la soluzione e si prova a dimostrarla per **induzione**.

**Primo esempio**

$$T(n) = \begin{cases} T(\lfloor n/2 \rfloor) + n & n > 1 \\ 1 & n \leq 1 \end{cases}$$

[1] In quanto la sommatoria tende a crescere allora abbiamo potuto sostituire $\log n$ con $\infty$ e modificare il segno di uguaglianza con quello di $\leq$ in quanto la sommatoria verso l'infinito converge è più grande di quella finita

Notiamo come il costo dei vali livelli sia $n + n/2 + n/4 + \ldots$. Dunque possiamo ipotizzare di poter scrivere:

$$\begin{aligned} T(n) =& n \cdot \sum_{i=0}^{\log n} \left(\frac{1}{2}\right)^i \\ \leq& n \cdot \sum_{i=0}^{\infty} \left(\frac{1}{2}\right)^i \\ =& n \cdot \underbrace{\frac{1}{1-\frac{1}{2}}}_{\text{usando } \forall x, |x|<1: \sum_{i=0}^{\infty} x^i = \frac{1}{1-x}} \\ =& 2n \end{aligned}$$

[2]

**Limite superiore** Tentiamo quindi ora di dire che $T(n) = O(n)$:

**Caso Base** $T(1) = 1 \overset{?}{\leq} 1 \cdot c \Leftrightarrow \forall c \geq 1$

**Passo Induttivo** Dimostriamo la disequazione per $T(n)$

$$\begin{aligned} T(n) =& T(\lfloor n/2 \rfloor) + n \\ \leq& \overbrace{c\lfloor n/2 \rfloor}^{\text{ipotizzato } O(n)} + n \\ \leq& c \cdot \overbrace{n/2}^{\text{intero inferiore}} + n \\ =& n(c/2 + 1) \\ \overset{?}{\leq}& cn \\ \Leftrightarrow& c/2 + 1 \leq c \Leftrightarrow c \geq 2 \end{aligned}$$

Dunque abbiamo provato che: $T(n) \leq cn$, nel caso base $c \geq 1$ e nel passo induttivo $c \geq 2$. In quanto deve valere per entrambi i casi allora il primo valore utile di $c$ è 2, avendo provato che per $n = 1$ la disequazione vale e che per tutti i successivi valori di $n$ la disequazione vale allora possiamo dire che $T(n) = O(n)$.

**Limite Inferiore** Tentiamo di dimostrare che $T(n) = \Omega(n)$:

**Caso Base** Dimostriamo che $T(1) = 1 \overset{?}{\geq} 1 \cdot d \Leftrightarrow \forall d \leq 1$

[2] Abbiamo potuto usare il $\leq$ in quanto la sommatoria in questione all'infinito è sempre maggiore di quella finita e ci stiamo calcolando il costo massimo

**Passo Induttivo** Dimostriamo la disequazione per $T(n)$:

$$\begin{aligned}
T(n) =& T(\lfloor n/2 \rfloor) + n \\
& \overset{\text{per ipo. induttiva sostituzione}}{\geq} \overbrace{d\lfloor n/2 \rfloor} + n \\
& \overset{\text{intero inferiore}}{\geq} d \cdot \overbrace{\frac{n}{2} - 1} + n \\
=& \left(\frac{d}{2} - \frac{1}{n} + 1\right) n \overset{?}{\geq} dn \\
\Leftrightarrow & \frac{d}{2} - \frac{1}{n} + 1 \geq d \\
\Leftrightarrow & d \leq 2 - \frac{2}{n}
\end{aligned}$$

Abbiamo quindi dimostrato che $T(n) \geq dn$, nel caso base $d \leq 1$ e nel passo induttivo $d \leq 2 - \frac{2}{n}$. In quanto deve valere per entrambi i casi allora il primo valore utile di $d$ è 1, avendo provato che per $n = 1$ la disequazione vale e che per tutti i successivi valori di $n$ la disequazione vale allora possiamo dire che $T(n) = \Omega(n)$.

**Conclusione** Avendo provato che $T(n) = O(n)$ e $T(n) = \Omega(n)$ e ricordando che se $T(n) = O(n) \wedge T(n) = \Omega(n) \Leftrightarrow T(n) = \Theta(n)$ concludendo che la funzione di costo di $T(n)$ cresce in maniera lineare.

**Terzo esempio - Difficoltà matematiche**

$$T(n) = \begin{cases} T\left(\lfloor \frac{n}{2} \rfloor\right) + T\left(\lceil \frac{n}{2} \rceil\right) + 1 & n > 1 \\ 1 & n \leq 1 \end{cases}$$

**Limite Superiore** Dalla seguente si può notare come il costo di ogni livello sia 1 e che il numero di livelli sia $\log n$. Inoltre la ricorsione viene eseguita su due rami, quindi possiamo scrivere la seguente sommatoria:

$$\begin{aligned}
T(n) =& \sum_{i=0}^{\log n} 2^i \\
=& 1 + 2 + 4 + \ldots + \frac{n}{4} + \frac{n}{2} + n \\
=& O(n)
\end{aligned}$$

Proviamo ora a dimostrare che $T(n) = O(n)$:

**Passo Induttivo** Ipotizzando che $\forall k < n : T(k) \leq ck$, dimostriamo che $T(n) \leq cn$:

$$\begin{aligned}
T(n) =& T\left(\left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor\right) + T\left(\left\lceil \frac{n}{2} \right\rceil\right) + 1 \\
\leq& c\left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor + c\left\lceil \frac{n}{2} \right\rceil + 1 \\
\leq& cn + 1 \\
\overset{?}{\geq}& cn \Rightarrow 1 \leq 0 \qquad \text{impossibile}
\end{aligned}$$

Sebbene la dimostrazione sia fallita ma l'intuizione ci dice che $T(n) = O(n)$

Proviamo dunque a dimostrarlo per un **ordine inferiore**: $cn + 1 \leq cn$

**Passo Induttivo** Ipotizzando che $\exists b > 0, \forall k < n : T(k) \leq ck - b$ allora dimostriamo la disequazione per $T(n)$:

$$\begin{aligned} T(n) =& T\left(\left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor\right) + T\left(\left\lceil \frac{n}{2} \right\rceil\right) + 1 \\ \leq& c\left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor - b + c\left\lceil \frac{n}{2} \right\rceil - b + 1 \\ =& cn - 2b + 1 \\ \overset{?}{\leq}& cn - b \\ \Rightarrow& \cancel{cn} - 2b + 1 \leq \cancel{cn} - b \Rightarrow b \geq 1 \end{aligned}$$

Dimostriamo il passo base per $b = 1$: $T(1) = 1 \overset{?}{\leq} 1 \cdot c - b \Leftrightarrow \forall c \geq b + 1$

**Limite Inferiore** Proviamo ora a dimostrare che $T(n) = \Omega(n)$:

**Passo Induttivo** Ipotizzando che $\forall k < n : T(k) \geq dk$, dimostriamo che $T(n) \geq dn$:

$$\begin{aligned} T(n) =& T\left(\left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor\right) + T\left(\left\lceil \frac{n}{2} \right\rceil\right) + 1 \\ \geq& d\left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor + d\left\lceil \frac{n}{2} \right\rceil + 1 \\ =& dn + 1 \\ \overset{?}{\geq}& dn \Rightarrow 1 \geq 0 \end{aligned}$$

Il che è vero $\forall d$ in quanto $d$ è positivo per ipotesi.

**Caso base** Dimostriamo la disequazione per $T(1)$:

$$T(1) = 1 \geq 1 \cdot d \Leftrightarrow d \leq 1$$

Dunque abbiamo provato che $T(n) = \Omega(n)$

Avendo dimostrato in precedenza che $T(n) = O(n)$ e $T(n) = \Omega(n)$ possiamo concludere che $T(n) = \Theta(n)$ e quindi la funzione di costo cresce linearmente.

### 2.3.4 Metodo dell'esperto, o delle ricorrenze comuni

**Riccorenze comuni** Esiste un'ampia classe di ricorrenze che si risolvono facilmente facendo ricorso a qualche teorema, ogni teorema è applicabile ad una particolare classe di ricorrenze.

#### Ricorrenze lineari con partizione bilanciata

**Teorema 2.1.** Siano $a, b$ costanti intere tali che $a \geq 1$ e $b \geq 2$, e esistano $c, \beta$ costanti reali tali che $c > 0$ e $\beta \geq 0$. Sia $T(n)$ data dalla seguente relazione di ricorrenza:

$$T(n) = \begin{cases} aT(n/b) + cn^\beta & n > 1 \\ 1 & n \leq 1 \end{cases} \tag{2.1}$$

Posto: $\alpha = \frac{\log a}{\log b} = \log_b a$ allora:

$$T(n) = \begin{cases} \Theta(n^\alpha) & \alpha > \beta \\ \Theta(n^\alpha \log n) & \alpha = \beta \\ \Theta(n^\beta) & \alpha < \beta \end{cases} \tag{2.2}$$

**Assunzioni** Assumiamo che $n$ sia una potenza intera di $b$, ovvero $n = b^k, k = \log_b n$.

**Influisce sul risultato?**

- Supponendo che l'input abbia dimensione $b^k + 1$
- Estendiamo l'input fino alla dimensione $b^{k+1}$ (**padding**)
- L'input è stato esteso di un fattore $b$
- Il che non cambia la complessità computazionale

**Dimostrazione caso 1**

**Dimostrazione caso 2** $\alpha = \beta$

*Dimostrazione.* Ne segue che: $q = b^{\alpha-\beta} = 1$ e dunque la funzione $T(n)$:

$$
\begin{aligned}
T(n) =& dn^\alpha + cb^{k\beta} \sum_{i=0}^{k-1} q^i && && (2.3)\\
=& n^\alpha d + cn^\beta k && q^i = 1^i = 1 && (2.4)\\
=& n^\alpha d + cn^\alpha k && \alpha = \beta && (2.5)\\
=& n^\alpha (d + ck) && && (2.6)\\
=& n^\alpha \left[ d + c\frac{\log n}{\log b} \right] && k = \log_b n && (2.7)
\end{aligned}
$$

□

e come conseguenza $T(n) = \Theta(n^\alpha \log n)$

**Ricorrenze lineari con partizione bilanciata (Estesa)**

**Teorema 2.2.** Sia $a \geq 1, b > 1, f(n)$ asintoticamente positiva e sia:

$$
T(n) = \begin{cases} aT(n/b) + f(n) & n > 1 \\ \Theta(1) & n \leq 1 \end{cases}
$$

Sia $\alpha = \log_b a$ si distinguono i seguenti casi:

| | | | |
|---|---|---|---|
| (1) | $\exists \epsilon > 0 : f(n) = O(n^{\alpha-\epsilon})$ | $\Rightarrow$ | $T(n) = \Theta(n^\alpha)$ |
| (2) | $f(n) = \Theta(n^\alpha)$ | $\Rightarrow$ | $T(n) = \Theta(f(n) \log n)$ |
| (3) | $\exists \epsilon > 0 : f(n) = \Omega(n^{\alpha+\epsilon}) \wedge$<br>$\exists c : 0 < c < 1,$<br>$\exists m \geq 0 : af(n/b) \leq cf(n),$<br>$\forall n \geq m$ | $\Rightarrow$ | $T(n) = \Theta(f(n))$ |

# Capitolo 3

# Alberi

## 3.1 Introduzione

**Albero Radicato (*Rooted Tree*)**

**Definizione 3.1.** Un albero intero consiste in un insieme di nodi orientati che connettono coppie di nodi, con le seguenti proprietà:

1. Un nodo dell'albero è designato come nodo **radice**
2. Ogni nodo $n$, a parte la radice, ha esattamente un arco entrante
3. Esiste un cammino unico dalla radice ad ogni nodo
4. L'albero è connesso

**Albero Radicato Ricorsivo**

**Definizione 3.2.** Un albero è dato da:

1. Un insieme vuoto, oppure
2. Un nodo **radice** e zero o più **sotto-alberi**, ognuno dei quali è un albero.

   La radice è connessa ai sotto-alberi tramite archi orientati.

**Profondità nodi (*Depth*)**

**Definizione 3.3.** Si definisce **profondità** di un nodo $n$ la lunghezza del cammino semplice dalla radice al nodo $n$ (misurato in numero di archi).

**Livello (*Level*)**

**Definizione 3.4.** Si definisce come **livello** di un albero l'insieme di tutti i nodi alla stessa profondità.

**Altezza dell'albero (*Height*)**

**Definizione 3.5.** Si definisce come **altezza** di un albero la profondità massima dei nodi dell'albero.

## 3.2 Alberi Binari

**Definizione 3.6.** Un **albero binario** è un albero radicato nel quale ogni nodo ha al massimo due figli, identificati come figlio **sinistro** e figlio **destro**.

**Specifica delle `API`**

**Algorithm 7** Tree

```
% Costituisce unb nuovo nodo, contenente v, senza figli o genitori.
Tree(Item v)
% Legge il valore memorizzato nel nodo
Item read()
% Modifica il valore memorizzato nel nodo
write(Item v)
% Restituisce il padre, oppure nil se questo nodo è radice
Tree parent()
% Restituisce il figlio sinistro (destro) di questo nodo; restituisce nil se assente Tree left()
Tree right()
% Inserisce il sotto-albero radicato in t come figlio sinistro (destro) di questo nodo
insertLeft(Tree t)
insertRight(Tree t)
% Distrugge (ricorsivamente) il figlio sinistro (destro) di questo nodo
deleteLeft()
deleteRight()
```

### 3.2.1 Implementazione

**Campi memorizzati nei nodi:**

***parent*** Puntatore al nodo padre

***left*** Puntatore al figlio sinistro

***right*** Puntatore al figlio destro

**Operazioni di base:** Implementazione operazioni `API`:

**Algorithm 8** Tree

```
function Tree(Item v)
    Tree t ← new Tree
    t.value ← v
    t.left ← t.right ←
    t.parent ← nil
    return t
function insertLeft(Tree t)
    if left == nil then
        left ← t
        t.parent ← this
function insertRight(Tree t)
    if right == nil then
        right ← t
        t.parent ← this
function deleteLeft
    if left ≠ nil then
        left.deleteLeft()
        left.deleteRight()
        left ← nil
```

```
function deleteRight
    if right ≠ nil then
        right.deleteLeft()
        right.deleteRight()
        right ← nil
```

### 3.2.2 Visite

**Visita di un albero / ricerca** Una **visita** è una strategia per analizzare (visitare) tutti i nodi di un albero. Le visite possono essere:

**Visita in profondità (*Depth-First search* `DFS`)** Usata per visitare un albero, si visita ricorsivamente ognuno dei suoi **sotto-alberi**.

Tre varianti: pre/in/post visita

Richiede uno **stack**

**Visita in ampiezza (*Breadth-First search* `BFS`)** Usata per visitare ogni **livello** dell'albero, partendo dalla radice.

Richiede una **queue**

**Algorithm 9** dfs(Tree t¿)

```
if t ≠ nil then
    % pre-order visit of t
    print t
    dfs(t.left)
    % in-order visit of t
    print t
    dfs(t.right)
    % post-order visit of t
    print t
```

#### Esmempi di applicazione

Contare i nodi in post-visita:

**Algorithm 10** countNodes(Tree $t$)

```
if t ≠ nil then
    c ← 1
    c ← c + countNodes(t.left)
    c ← c + countNodes(t.right)
    return c
else
    return 0
```

Stampare espressioni con In-visita:

**Algorithm 11 int** printExpression(TREE $t$)

```
if t.left() == nil and t.right() == nil then
    print t.read()
else
    print "("
    print printExpression(t.left())
    print t.read()
    print printExpression(t.right())
    print ")"
```

## 3.3 Alberi Generici

**Definizione 3.7.** Un **albero generico** è un albero radicato nel quale ogni nodo può avere un numero arbitrario di figli.

**Definizione delle `API`**

**Algorithm 12** Tree

```
% Costituisce unb nuovo nodo, contenente v, senza figli o genitori.
Tree(Item v)
% Legge il valore memorizzato nel nodo
Item read()
% Modifica il valore memorizzato nel nodo
write(Item v)
% Restituisce il padre, oppure nil se questo nodo è radice
Tree parent()
% Restituisce il primo figlio, oppure nil se è una foglia
Tree leftmostChild()
% Restituisce il prossimo fratello, oppure nil se è l'ultimo figlio
Tree rightSibling()
% Inserisce il sotto-albero radicato in t come primo figlio di questo nodo
insertChild(Tree t)
% Inserisce il sotto-albero radicato in t come prossimo fratello di questo nodo
insertSibling(Tree t)
% Distrugge (ricorsivamente) l'albero radicato identificato dal primo figlio di questo nodo
deleteChild()
% Distrugge (ricorsivamente) l'albero radicato identificato dal prossimo fratello di questo nodo
deleteSibling()
```

### 3.3.1 Visite

***Breadh-First Search***

**Algorithm 13** bfs(TREE $t$)

```
QUEUE Q = Queue()
Q.enqueue(t)
while not Q.isEmpty() do
    TREE u ← Q.dequeue()
    print u
    u ← u.leftmostChild()
```

```
    while u ≠ nil do
        Q.enqueue(u)
        u ← u.rightSibling()
```

**Memorizzazione**

Esistono diversi modi per memorizzare un albero, più o meno indicati a seconda del numero massimo e medi dei figli presenti:

1. Realizzazione con vettore di figli
2. Realizzazione con primo figlio e prossimo fratello
3. Realizzazione con vettore dei padri

# Capitolo 4

# Alberi Binari di Ricerca

## 4.1 Alberi Binari di Ricerca

**Dizionario**

**Definizione 4.1.** Un **dizionario** è una struttura dati che implementa le seguenti funzionalità:

- `Item lookup(Item k)`: restituisce l'elemento con chiave $k$ se presente nel dizionario.
- `insert(Item k, Item v)`: inserisce l'elemento $i$ con chiave $k$ e valore $v$ nel dizionario.
- `remove(Item k)`: elimina l'elemento con chiave $k$ dal dizionario.

**Possibili Implementazioni** di seguito sono riportate le possibili implementazioni di un dizionario:

| **Struttura** | `lookup` | `insert` | `remove` |
|---|---|---|---|
| Vettore Ordinato | $O(\log n)$ | $O(n)$ | $O(n)$ |
| Vettore non Ordinato | $O(n)$ | $O(1)$* | $O(1)$* |
| Lista non Ordinata | $O(n)$ | $O(1)$ | $O(1)$* |

* Assumendo che l'elemento sia già stato trovato, altrimenti $O(n)$.

**Idea ispiratrice** Portare l'idea di ricerca binaria negli alberi.

**Memorizzaione**

- Le **associazioni chiave-valore** vengono memorizzate in un albero binario
- Ogni nodo $u$ contiene una coppia: $(u.key, u.value)$
- Le chiavi devono appartenete ad un insieme **totalmente ordinato**

**Proprietà**

1. Le chiavi contenute nei nodi del sotto-albero sinistro di un nodo $u$ sono minori di $u.key$
2. Le chiavi contenute nei nodi del sotto-albero destro di un nodo $u$ sono maggiori di $u.key$

**Specifica**

`Getters`

- `Item key()`: restituisce la chiave dell'elemento memorizzato nel nodo
- `Item value()`: restituisce il valore dell'elemento memorizzato nel nodo
- `Node left()`: restituisce il figlio sinistro del nodo
- `Node right()`: restituisce il figlio destro del nodo
- `Node parent()`: restituisce il genitore del nodo

`Dizionario`

- `Item lookup(Item k)`: restituisce l'elemento con chiave $k$ se presente nel dizionario
- `insert(Item k, Item v)`: inserisce l'elemento $i$ con chiave $k$ e valore $v$ nel dizionario
- `remove(Item k)`: elimina l'elemento con chiave $k$ dal dizionario

**Ordinamento**

- `Tree successorNode(Node u)`: restituisce il nodo con chiave successiva a $u.key$
- `Tree predecessorNode(Node u)`: restituisce il nodo con chiave precedente a $u.key$
- `Tree min()`: restituisce il nodo con chiave minima
- `Tree max()`: restituisce il nodo con chiave massima

**Funzioni interne**

- `Node lookupNode(Tree T, Item k)`: restituisce il nodo con chiave $k$ se presente nell'albero $T$
- `Node insertNode(Tree T, Item k, Item v)`: inserisce l'elemento $i$ con chiave $k$ e valore $v$ nell'albero $T$
- `Node removeNode(Tree T, Item k)`: elimina l'elemento con chiave $k$ dall'albero $T$

### 4.1.1 Ricerca - `lookupNode()`

La funzione `Item lookup(Tree T, Item k)` restituisce il presente nell'albero $T$ con chiave $k$ se presente, altrimenti restituisce `nil`. Implementazione con dizionario:

**Algorithm 14** lookupNode(ITEM k)

```
TREE t ← lookupNode(tree, k)
if t ≠ nil then
    return t.value()
else
    return nil
```

Versione Iterativa:

**Algorithm 15** lookupNode(ITEM k)

```
TREE t ← root()
while t ≠ nil and u.key ≠ k do
    if k < t.key() then
        t ← t.left()
    else
        t ← t.right()
return t
```

Versione Ricorsiva:

**Algorithm 16** lookupNode(ITEM k)

```
function LOOKUPNODE(TREE t, ITEM k)
    if t = nil ort.key() = k then
        return t
    if k < t.key() then
        return LOOKUPNODE(t.left(), k)
    else
        return LOOKUPNODE(t.right(), k)
```

### 4.1.2 Minimo & Massimo

**Algorithm 17** TREE min(TREE $t$)

```
TREE u ← t
while u.left() ≠ nil do
    u ← u.left()
return u
```

**Algorithm 18** TREE max(TREE $t$)

```
TREE u ← t
while u.right() ≠ nil do
    u ← u.right()
return u
```

Queste due funzioni sono implementabili in nel modo mostrato solo in quanto assumiamo che l'albero sia un albero binario di ricerca ben formato, se ciò non fosse vero, sarebbe necessario scorrere l'intero albero. (Non in questo capitolo)

### 4.1.3 Successore e Predecessore

**Successore**

**Definizione 4.2.** Il **successore** di un nodo $u$ è il più piccolo nodo maggiore di $u$.

Per rispondere a questo problema, possiamo distinguere diversi casi:

1. Se $u$ ha un figlio destro allora il successore sarà il minimo del sotto-albero destro

2. Se $u$ non ha un figlio destro, allora bisognerà risalire l'albero fino a trovare il nodo radice di un sotto-albero che contiene $u$ a sinistra

**Algorithm 19** TREE successorNode(TREE $u$)

```
if u = nil then
    return t                          ▷ Se u = nil , non ha successore
if u.right() ≠ nil then               ▷ Caso 1 - Se u ha un figlio destro
    return MIN(u.right())
```

```
else                                                  ▷ Caso 2 - Se u non ha un figlio destro
    TREE p ← u.parent()
    while p ≠ nil and u == p.right() do
        u ← p
        p ← p.parent()
    return p
```

**Predecessore**

**Definizione 4.3.** Il **predecessore** di un nodo $u$ è il più grande nodo minore di $u$.

Per rispondere a questo problema, possiamo distinguere diversi casi:

1. Se $u$ ha un figlio sinistro allora il predecessore sarà il massimo del sotto-albero sinistro
2. Se $u$ non ha un figlio sinistro, allora bisognerà risalire l'albero fino a trovare il nodo radice di un sotto-albero che contiene $u$ a destra

**Algorithm 20** TREE predecessorNode(TREE $u$)

```
if u = nil then
    return t                                          ▷ Se u = nil , non ha predecessore
if u.left() ≠ nil then                                ▷ Caso 1 - Se u ha un figlio sinistro
    return MAX(u.left())
else                                                  ▷ Caso 2 - Se u non ha un figlio sinistro
    TREE p ← u.parent()
    while p ≠ nil and u == p.left() do
        u ← p
        p ← p.parent()
    return p
```

### 4.1.4 Inserimento - `insertNode()`

La funzione `insertNode(TREE t, ITEM k, ITEM v)` inserisce un'associazione chiave-valore $(k, v)$ nell'albero $t$, se la chiave $k$ è già presente, il valore viene aggiornato, se $t =$ **nil** , viene restituito un nuovo nodo con chiave $k$ e valore $v$, altrimenti si restituisce l'albero $t$ inalterato.

**Implementazione dizionario** Questa è l'implementazione del dizionario con la funzione `insertNode()`:

**Algorithm 21** insertNode(ITEM $k$, ITEM $v$)

```
tree ← insertNode(tree, k, v)
```

**Implementazione**

**Algorithm 22** TREE insertNode(TREE $T$, ITEM $k$, ITEM $v$)

```
TREE p ← nil
TREE u ← T
while u ≠ nil and u.key() ≠ k do
    p ← u
    u ← iff(k < u.key(), u.left(), u.right())
if u ≠ nil and u.key() == k then
    u.value ← v
```

```
else
    Tree new ← new Item (k, v) link(p, new, k)
    if p == nil then
        T ← new
return T
```

Definizione della funzione `link()`:

**Algorithm 23** link(Tree $p$, Tree $u$, Item $k$)

```
if u ≠ nil then
    u.parent ← p
if p ≠ nil then
    if k < p.key() then
        p.left ← u
    else
        p.right ← u
```

### 4.1.5 Cancellazione - `remove()`

La funzione `tree = removeNode(Tree t, Item k)` elimina l'elemento con chiave $k$ dall'albero $t$, se la chiave $k$ non è presente, l'albero $t$ viene restituito inalterato.
In ogni caso bisogna prima cercare il nodo all'interno dell'albero poi il procedimento da eseguire dipende dai figli del nodo da eliminare. Assumiamo che il nodo da eliminare sia $u$ e il suo genitore sia $p$.

#### Caso 1 - Nessun figlio

Se il nodo da eliminare non ha figli, allora basta eliminare il nodo e aggiornare il genitore del nodo da eliminare.

#### Caso 2 - Un figlio

Se il nodo da eliminare ha un solo figlio, allora dato che l'albero è un albero binario di ricerca, il figlio del nodo da eliminare può essere spostato al posto del nodo da eliminare, in quanto il figlio è maggiore o minore del genitore del nodo da eliminare.

#### Caso 3 - Due figli

Se il nodo da eliminare ha due figli allora le cose si complicano.

1. Identificare il nodo successore $s$ del nodo da eliminare, per definizione il successore non ha figlio sinistro.
2. Si prende l'albero che ha come radice il nodo $s$ e si "stacca" dal resto dell'albero
3. L'eventuale sotto-albero destro del nodo da eliminare viene attaccato al nodo padre di $s$
4. Ora il nodo $s$ non ha figlio destro può essere spostato al posto del nodo da eliminare

#### Implementazione

**Algorithm 24** Tree removeNode(Tree $T$, Item $k$)

```
Tree t
Tree u ← lookupNode(T, k)                ▷ Cerco il nodo da eliminare
if u ≠ nil then
```

```
    if u.left() == nil and u.right() == nil then                ▷ Caso 1 - Nessun figlio
        LINK(u.parent(), nil , k)
        delete u
    else if u.left() ≠ nil and u.right() ≠ nil then             ▷ Caso 3 - Due figli
        TREE s ← u.successorNode()
        LINK(u.parent(), s.right(), s.key())
        u.key ← s.key()
        u.value ← s.value()
        delete s
    else if u.left() == nil and u.right() ≠ nil then            ▷ Caso 2 - Un figlio destro
        LINK(u.parent(), u.right(), k)
        if u.parent() == nil then
            T ← u.right()
        delete u
    else                                                        ▷ Caso 2 - Un figlio sinistro
        LINK(u.parent(), u.left(), k)
        if u.parent() == nil then
            T ← u.left()
        delete u
return T
```

*Dimostrazione.* **Caso 1: Nessun figlio** Eliminare foglie non cambia l'ordinamento dell'albero.
**Caso 2: Un figlio (destro o sinistro)** Se $u$ è il figlio destro (o sinistro) di $p$, allora tutti i valori nel sotto-albero di $f$ sono maggiori (o minori) di $p$. Quindi $f$ può essere spostato come figlio destro (o sinistro) di $p$ al posto di $u$.
**Caso 3: Due figli** Il successore $s$ è sicuramente $\geq$ dei nodi nel sotto-albero sinistro di $u$ lo stesso successore è $\leq$ dei nodi nel sotto-albero destro di $u$. Quindi $s$ può essere spostato al posto di $u$. E ora si ha da gestire il sotto-albero destro di $s$ gestibile con il caso 2. □

## 4.2 Alberi Binari di Ricerca Bilanciati

### 4.2.1 Definizione

**Definizione 4.4.** L'altezza di `ABR` nel caso pessimo è $O(n)$, dove $n$ è il numero di nodi.

**Definizione 4.5.** L'altezza di un `ABR` nel caso medio dipende dall'ordine di inserimento delle chiavi ed è $O(\log n)$. Nel caso generale di inserimenti e cancellazioni casuali non è presente una garanzia sull'altezza.

### 4.2.2 Alberi *Red-Black*

Gli alberi *Red-Black* sono alberi binari di ricerca in cui:

- Ogni nodo è colorato di **rosso** o **nero**
- Le **chiavi** vengono mantenute **solo nei nodi interni** dell'albero
- Le foglie sono costituite da nodi **fittizi** colorati di nero (Nil)
- Vengono rispettati i seguenti vincoli:
    1. La radice è nera
    2. Tutte le foglie sono nere
    3. Entrambi i figli di un nodo rosso sono neri

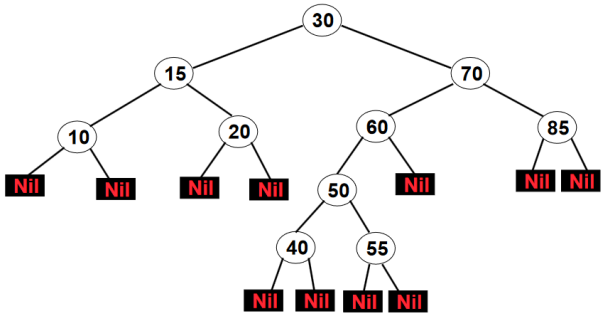



Figura 4.2: Esempio di albero non *Red-Black*

4. Ogni cammino semplice da un nodo $u$ ad una delle foglie contenute nel suo sotto-albero ha lo stesso numero di nodi neri

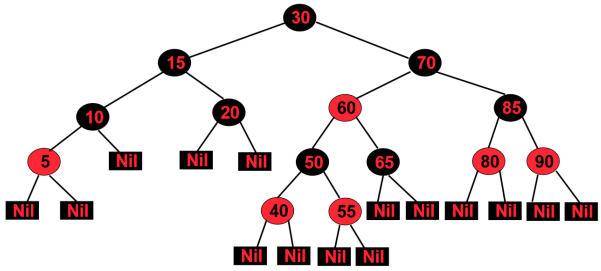



Figura 4.1: Esempio di albero *Red-Black*

Se un albero generico è "troppo" sbilanciato, allora potrebbe non rispettare le proprietà di un albero *Red-Black*.

### 4.2.3 Inserimento

Quando si và a modificare la struttura dell'albero allora è possibile che determinate condizioni vengano violate, per questo motivo è necessario introdurre delle operazioni di **ri-bilanciamento** come la **rotazione** e il **ri-coloramento**. Le rotazioni a loro volta possono essere di due tipi: **sinistra** e **destra**.

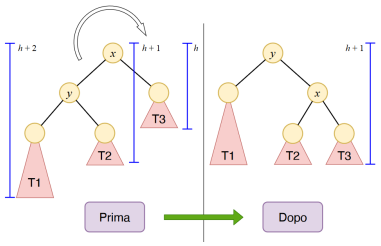
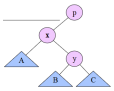



Figura 4.3: Esempio di rotazione a destra

**Rotazione a destra**

**Rotazione a sinistra** Assumiamo che la situazione all'interno del nostro albero di ricerca sia la seguente:




Per una rotazione a sinistra si seguono questi passaggi:

1. far diventare $B$ figlio destro di $x$
2. far diventare $x$ figlio sinistro di $y$
3. far diventare $y$ figlio di $p$ dove $p$ è il genitore vecchio di $y$

Implementazione di tale rotazione:

**Algorithm 25** rotateLeft(TREE $x$)

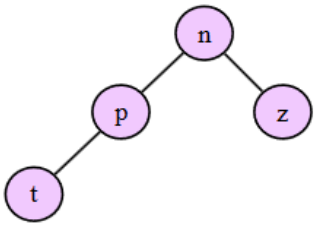
```
TREE y ← x.right()
TREE p ← x.parent()
x.right ← y.left()
if y.left() ≠ nil then
    y.left.parent ← x
y.left ← x
x.parent ← y
y.parent ← p
if p ≠ nil then
    if p.left() == x then
        p.left ← y
return y
```

**Inserimento in alberi *Red-Balack*** Per alberi del genere *Red-Black* l'inserimento di un nodo può violare le proprietà dell'albero, di base inseriamo il nodo come un nodo rosso e eseguiamo il normale inserimento per un albero binario di ricerca. Dopo l'inserimento è necessario verificare se le proprietà n. 3 e n. 4 sono state violate, in tal caso è necessario eseguire delle operazioni di **ri-bilanciamento**. La funzione

**Algorithm 26** insertNode(TREE $T$, ITEM $k$, ITEM $v$)

```
TREE p ← nil                                   ▷ Genitore del nodo da inserire
TREE u ← T
while u ≠ nil and u.key() ≠ k do               ▷ Cerco la posizione del nodo da inserire
    p ← u
    u ← iff(k < u.key(), u.left(), u.right())
if u ≠ nil and u.key() == k then
    u.value ← v                                ▷ Aggiorno il valore in quanto la chiave è già presente
else
    TREE new ← new ITEM (k, v)
    LINK(p, new, k)
    BALANCEINSERT(new)
    if p == nil then
        T ← new                                ▷ Se il genitore è nullo, allora il nuovo nodo è la radice
return T                                       ▷ Restituisco l'albero
```

`balanceInsert()` è una funzione che si occupa di ri-bilanciare l'albero dopo l'inserimento di un nodo, questa funzione è necessaria in quanto l'inserimento di un nodo potrebbe violare le proprietà dell'albero *Red-Black*.
Il funzionamento di linea generale prevede: lo spostamento verso l'alto lungo il percorso di inserimento, ripristinare il vincolo dei figli di un nodo rosso che devono essere neri, spostare le violazioni verso l'alto (rotazione) rispettando il vincolo dei nodi neri (ri-coloramento). Terminiamo la funzione con il ri-coloramento della radice se necessario.




I nodi coinvolti ricorsivamente sono i seguenti:

- Il nodo inserito $t$
- Suo padre $p$
- Suo nonno $n$
- Suo zio $z$

La seguente testata di funzione è comune a tutte le funzioni di ribilanciamento:

**Algorithm 27** balanceInsert(TREE $t$)

TREE $p \leftarrow t.\,\text{parent}()$
TREE $n \leftarrow \text{iff}(p \neq \textbf{nil}\ , p.\,\text{parent}(), \textbf{nil}\ )$
TREE $z \leftarrow \text{iff}(n = \textbf{nil}\ , \textbf{nil}\ , \text{iff}(n.\,\text{left}() == p, n.\,\text{right}(), n.\,\text{left}()))$

É possibile distinguere l'inserimento in 7 casi differenti quali:

**Caso 1** Nuovo nodo $t$ non ha padre, dunque è la radice dell'albero. In tal caso, lo coloriamo di nero.

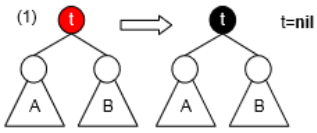



Figura 4.4: Nuovo nodo $t$ come radice.

**Caso 2** Il padre $p$ di $t$ è nero; in tal caso, non c'è nessuna violazione delle proprietà dell'albero *Red-Black* e inseriamo il nodo $t$ come nodo rosso.

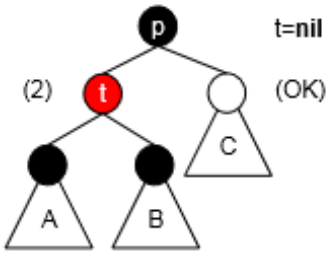
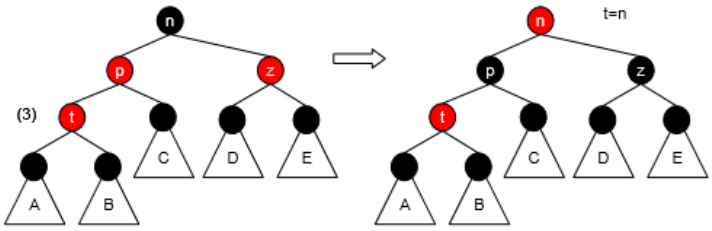
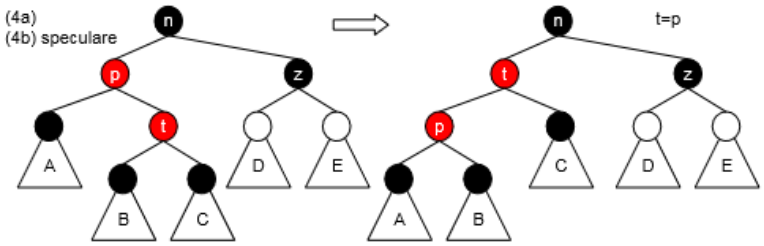



Figura 4.5: Il padre $p$ di $t$ è nero.

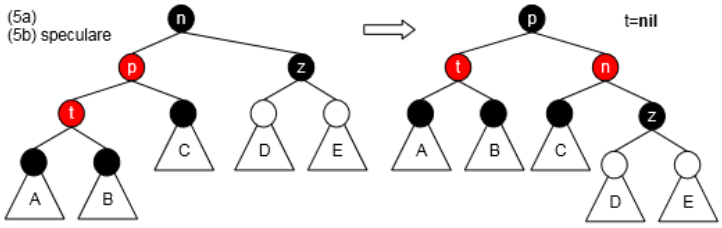
**Caso 3** Caso in cui l'elemento da inserire sia rosso e il padre sia rosso e lo zio sia rosso. Coloriamo dunque $p$ e $z$ di nero e $n$ di rosso (l'altezza nera rimane invariata). La problematica ora sorge sul nonno $n$ che potrebbe violare le proprietà 1 e/o 3 dell'albero *Red-Black*, in tal caso dobbiamo eseguire una ricorsione su $n$ ponendo $t = n$ e ripetendo il processo.




**Caso 4 (a,b)** In questo caso $t$ è rosso, $p$ è rosso e $z$ è nero. Questo caso si divide in due sotto-casi ma il procedimento è speculare per entrambi (sostituendo $left$ con $right$ e viceversa).
Assumendo che $t$ sia figlio destro di $p$ e che $p$ sia figlio sinistro di $n$, allora eseguiamo una rotazione a sinistra su $p$ in modo da rendere $t$ figlio sinistro di $n$ con $p$ come figlio sinistro di $t$. Ora abbiamo una violazione delle proprietà 3 e 4. Ricadiamo però nel caso 5(a) in quanto $p$ è figlio sinistro di $n$ e $t$ è figlio sinistro di $p$.




**Caso 5 (a,b)** In questo caso $t$ è rosso, $p$ è rosso e $z$ è nero. Questo caso si divide in due sotto-casi, come il precedente, ma il procedimento è speculare per entrambi (sostituendo $left$ con $right$ e viceversa).
Assumendo che $t$ sia figlio sinistro di $p$ e che $p$ sia figlio sinistro di $n$, allora eseguiamo una rotazione a destra su $n$ in modo da rendere $p$ nodo radice, $t$ figlio sinistro di $p$ e $n$ figlio destro di $p$. Ora coloriamo $p$ di nero e $n$ di rosso. In quando la posizione relativa di $z$ rispetto a $n$ non cambia allora i vincoli per l'albero *Red-Black* sono rispettati.




**Conclusioni** I casi 1 e 2 non richiedono ulteriori operazioni, i casi 3, 4 e 5 richiedono una rotazione e un ri-coloramento (con eventuali ricorsioni). In generale, l'inserimento di un nodo in un albero *Red-Black* richiede $O(\log n)$ operazioni. É implementabile con il seguente pseudo-codice:

**Algorithm 28** balanceInsert(TREE $t$)

```
t.color ← RED
while t ≠ nil do
    TREE p ← t.parent()
    TREE n ← iff(p ≠ nil , p.parent(), nil )
    TREE z ← iff(n = nil , nil , iff(n.left() == p, n.right(), n.left()))
    if p = nil then                                                    ▷ Caso 1
        t.color ← BLACK
        t ← nil
    else if p.color == BLACK then                                      ▷ Caso 2
        t ← nil
    else if z.color == RED then                                        ▷ Caso 3
        p.color ← BLACK
        z.color ← BLACK
        n.color ← RED
        t ← n
    else
        if t == p.right()and p == n.left() then                        ▷ Caso 4.a
            rotateLeft(p)
            t ← p
        else if t == p.left()and p == n.right() then                   ▷ Caso 4.b
            rotateRight(p)
            t ← p
        else
            if t == p.left()and p == n.left() then                     ▷ Caso 5.a
                rotateRight(n)
            else if t == p.right()and p == n.right() then              ▷ Caso 5.b
                rotateLeft(n)
            p.color ← BLACK
            n.color ← RED
```

### 4.2.4 Teoremi su un albero *Red-Black*

**Teorema 4.1.** In un albero RB, un sotto-albero di radice $u$ contiene $n \geq 2^{\mathrm{bh(u)}} - 1$ nodi interni (nodi senza foglie fittizie).

*Dimostrazione.* Si procede per ricorsione sull'altezza dell'albero:
**Base:** se $h = 0$ allora $u$ è una foglia **Nil** e il sotto-albero con radice $u$ contiene: $n \geq 2^{\mathrm{bh}(u)} - 1 = 2^0 - 1 = 0$ nodi interni.✓
**Passo:** supponendo che $h > 1$ e che la tesi sia vera per alberi di altezza $< h$, Allora $u$ è un nodo interno con due figli non fittizi. Inoltre ogni figlio $v$ di $u$ ha un'altezza nera $\mathrm{bh}(v)$ pari a $\mathrm{bh}(u)$ se v è rosso o $\mathrm{bh}(u) - 1$ se $v$ è nero. Quindi il sotto-albero con radice $v$ contiene almeno $2^{\mathrm{bh}(v)} - 1$ nodi interni, per ipotesi induttiva. In quanto considerando anche il nodo $u$, allora il numero di nodi interni nel sotto-albero con radice $u$ è almeno $n \geq 2 \cdot \left(2^{\mathrm{bh}(v)} - 1\right) + 1 = 2^{\mathrm{bh}(u)} - 2 + 1 = 2^{\mathrm{bh}(u)} - 1$.✓ □

**Teorema 4.2.** In un albero RB, almeno la metà dei nodi dalla radice ad una foglia sono neri.

*Dimostrazione.* Per il vincolo (2) di un albero RB, se un nodo è rosso allora i suoi figli devono essere neri. Quindi la situazione nella quale si ottengono più nodi rossi possibili è nel caso questi siano con colori alterni. Quindi almeno la metà dei nodi dalla radice ad una foglia sono neri. □

**Teorema 4.3.** In un albero RB dati due cammini dalla radice a due foglie non è possibile che un uno sia più lungo del doppio dell'altro.

*Dimostrazione.* Per il vincolo (4) di un albero `RB`, ogni cammino dalla radice ad una foglia deve avere lo stesso numero di nodi neri. Per il teorema precedente almeno la metà dei nodi in ognuno di questi cammini sono neri.
Quindi al limite uno dei due cammini è costituito solo da nodi neri e l'altro è costituito da nodi alternati neri e rossi, rendendo la lunghezza del cammino con nodi alternati esattamente il doppio del cammino con nodi neri per (4). □

**Teorema 4.4.** L'altezza massima di un albero `RB` con $n$ nodi è al più $2\log(n+1)$.

*Dimostrazione.*

$$\begin{aligned} n \geq 2^{\mathrm{bh}(r)} - 1 &\Leftrightarrow \overbrace{n \geq 2^{\frac{h}{2}} - 1}^{\mathrm{bh}(r) \leq \frac{h}{2}} \\ &\Leftrightarrow n + 1 \geq 2^{\frac{h}{2}} \\ &\Leftrightarrow \log(n+1) \geq \frac{h}{2} \\ &\Leftrightarrow 2\log(n+1) \geq h \end{aligned}$$

□

Dunque conseguenza di questo teorema è che la complessità totale di un albero `RB` è $O(\log n)$, in quanto:

1. $O(\log n)$ per scendere fino al punto di inserimento del nodo
2. $O(1)$ per inserire il nodo
3. $O(\log n)$ per risalire e ri-bilanciare l'albero (caso peggiore caso: 3)

### 4.2.5 Cancellazione

La cancellazione di un nodo in un albero *Red-Black* è più complessa rispetto all'inserimento, in quanto la cancellazione di un nodo potrebbe violare le proprietà dell'albero. La procedura di cancellazione è simile a quella di un albero binario di ricerca, ma con delle operazioni di ri-bilanciamento. La procedura di cancellazione è composta da 8 casi differenti, con 4 casi principali e 4 casi simmetrici.
In generale:

- Se il nodo da eliminare è rosso allora:

  Altezza nera invariata

  Non sono stati creati nodi rossi consecutivi

  La radice resta nera

- Se il nodo da eliminare è nero allora:

  Potrebbe essere violato il vincolo 1 in quanto la radice potrebbe essere diventata rossa

  Potrebbe essere violato il vincolo 3 in quanto potrebbero esserci nodi rossi consecutivi se padre e figlio sono rossi

  Potrebbe essere violato il vincolo 4 in quanto l'altezza nera è diminuita

**Algorithm 29** balanceDelete(TREE $T$, TREE $t$)

```
while t ≠ and t.color() = black do
    TREE p ← t.parent()                          ▷ Ottengo il genitore del nodo da eliminare
    if t = p.left() then                         ▷ Sottocasi con t figlio sinistro
        TREE f ← p.right()                       ▷ Ottengo il fratello del nodo da eliminare
        TREE ns ← f.left()                       ▷ Ottengo il nipote sinistro del fratello
        TREE nd ← f.right()                      ▷ Ottengo il nipote destro del fratello
        if f.color() = red then                  ▷ Caso 1
            p.color ← red
            f.color ← black
            ROTATELEFT(p)
        else
            if ns.color() = black and nd.color() = black then   ▷ Caso 2
                f.color ← red
                t ← p
            else if ns.color() = redandnd.color() = black then  ▷ Caso 3
                ns.color ← black
                f.color ← red
                ROTATERIGHT(f)
            else if nd.color() = red then        ▷ Caso 4
                f.color ← p.color()
                p.color ← black
                nd.color ← black
                ROTATELEFT(p)
                t ← T
    else
                ▷ Sottocasi con t figlio destro, tralasciati in quanto simmetrici
```

Dunque seppure complicata la cancellazione risulta efficiente in quanto:

- Dal caso (1) si passa ad uno dei casi (2,3,4)
- Dal caso (2) si risale ad uno degli altri casi, ma si risale di un livello
- Dal caso (3) si passa al caso (4)
- Nel caso (4) si termina

La complessità totale di una cancellazione in un albero *Red-Black* è $O(\log n)$.

# Capitolo 5

# Grafi

## 5.1 Introduzione

**Problemi relativi ai grafi** Per lo scopo del corso i nostri obbiettivi riguardanti i grafi li possiamo dividere in due categorie:

**Problemi in grafi non pesati** Studieremo problemi riguardanti grafi non pesati, ovvero grafi in cui gli archi non hanno un peso associato. In particolare, ci occuperemo di:

- Ricerca del cammino più breve tra due nodi.
- Componenti (fortemente) connesse, verifica ciclicità, ordinamento topologico.

**Problemi in grafi pesati** Studieremo problemi riguardanti grafi pesati, ovvero grafi in cui gli archi hanno un peso associato. In particolare, ci occuperemo di:

- Cammini di peso minimo.
- Alberi di copertura di peso minimo.
- Flusso massimo.

### 5.1.1 Definizioni

**Grafo Orientato (*directed*)**

**Definizione 5.1.** Un grafo orientato è una coppia $G = (V, E)$ dove $V$ è un insieme finito di nodi (*node*) o vertici (*vertex*) ed $E$ è un insieme finito di coppie di nodi $(u, v)$ detti anche archi (*edge*) o lati (*link*) orientati.

**Grafo Non Orientato (*undirected*)**

**Definizione 5.2.** Un grafo non orientato è una coppia $G = (V, E)$ dove $V$ è un insieme finito di nodi (*node*) o vertici (*vertex*) ed $E$ è un insieme finito di coppie di nodi non orientati $(u, v)$ detti anche archi (*edge*) o lati (*link*) non orientati.

**Vertici**

**Definizione 5.3** (Adiacenza)**.** Un vertice $v$ è detto **adiacente** ad un vertice $u$ se esiste un arco $(u, v)$.

**Definizione 5.4** (Incidenza)**.** Un arco $(u, v)$ è detto **incidente** al vertice $u$ e al vertice $v$.

In un grafo indiretto la relazione di adiacenza è simmetrica, ovvero se $v$ è adiacente ad $u$ allora $u$ è adiacente a $v$.

#### Dimensioni del grafo

Numero di nodi: $|V| = n$
Numero di archi: $|E| = m$

**Teorema 5.1** (Relazioni tra $n$ e $m$)**.** In un grafo non orientato con $n$ nodi e $m$ archi vale che $m \leq \frac{n(n-1)}{2} = O(n^2)$.
In un grafo orientato con $n$ nodi e $m$ archi vale che $m \leq n(n-1) = O(n^2)$.

La complessità è espressa in termini di $n$ e $m$ es. $O(n+m)$.

#### Casi Speciali

**Definizione 5.5** (Grafo Completo)**.** Un grafo con un arco fra tutte le coppie di nodi è detto **grafo completo**.

**Definizione 5.6** (Grafo sparso/denso (informale))**.** Si dice che un grafo è **sparso** se ha "pochi archi", ovvero grafi con $m = O(n), O(n \log n)$, e **denso** se ha "molti archi", ovvero grafi con $m = \Omega(n^2)$.

**Definizione 5.7** (Albero libero)**.** Un **albero libero** (*free tree*) è un grafo connesso on $m = n - 1$.

**Definizione 5.8** (Albero radicato)**.** Un **albero radicato** (*rooted tree*) è un albero libero in cui uno dei nodi è designato come radice.

#### Proprietà

**Definizione 5.9** (Grado)**.** Nei grafi non orientati il **grado** (*degree*) di un nodo è il numero di archi incidenti su di esso.
Nei grafi orientati si distinguono il **grado entrante** e il **grado uscente** di un nodo, rispettivamente il numero di archi entranti e uscenti da esso.

#### Cammino

**Definizione 5.10** (Cammino)**.** In un grafo $G = (V, E)$ orientato o meno, un **cammino** $C$ di lunghezza $k$ tra i nodi $u_0, u_1, \ldots, u_k$ è una sequenza di nodi tale che $(u_i, u_{i+1}) \in E$ per $i = 0, \ldots, k-1$.

### 5.1.2 Specifica

### 5.1.3 Memorizzazione

#### Matrice di aderenza - Grafi orientati

Se si sceglie di memorizzare un grafo tramite una matrice di aderenza allora si avrà una matrice $A$ di dimensione $n \times n$ dove $n$ è il numero di nodi del grafo. La cella $A_{ij}$ sarà pari a 1 se esiste un arco tra il nodo $i$ e il nodo $j$, 0 altrimenti.

**Esempio** Assumendo che il grafo orientato

$$G = (\{0,1,2,3,4,5\}, \{(0,1),(1,2),(0,3),(3,0),(2,3),(3,4),(4,2)\})$$

sia memorizzato tramite una matrice di aderenza si avrà la seguente matrice:

$$\begin{array}{c} \\ 0 \\ 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{array} \begin{array}{c} \begin{array}{cccccc} 0 & 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{array} \\ \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \end{array}$$

**Lista di adiacenza - Grafi orientati**

Se si sceglie di memorizzare un grafo tramite una lista di adiacenza allora si avrà una lista di $n$ elementi, uno per ogni nodo del grafo. Ogni elemento della lista sarà a sua volta una lista contenente i nodi adiacenti al nodo corrispondente.

**Esempio** Assumendo che il grafo orientato

$$G = (\{0,1,2,3,4,5\}, \{(0,1),(1,2),(0,3),(3,0),(2,3),(3,4),(4,2)\})$$

sia memorizzato tramite una lista di adiacenza si avrà la seguente lista:

$0 \text{ -> } 1 \text{ -> } 3$
$1 \text{ -> } 2$
$2 \text{ -> } 3$
$3 \text{ -> } 0 \text{ -> } 4$
$4 \text{ -> } 2$
$5$

**Matrice di aderenza - Grafi non orientati**

Se si sceglie di memorizzare un grafo tramite una matrice di aderenza allora si avrà una matrice $A$ di dimensione $n \times n$ dove $n$ è il numero di nodi del grafo. La cella $A_{ij}$ sarà pari a 1 se esiste un arco tra il nodo $i$ e il nodo $j$, 0 altrimenti. In un grafo non orientato la matrice sarà simmetrica rispetto alla diagonale principale.

**Esempio** Assumendo che il grafo non orientato

$$G = (\{0,1,2,3,4,5\}, \{(0,1),(1,2),(0,3),(2,3),(3,4),(4,2)\})$$

sia memorizzato tramite una matrice di aderenza si avrà la seguente matrice:

$$\begin{array}{c} \\ 0 \\ 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{array} \begin{array}{c} \begin{array}{cccccc} 0 & 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{array} \\ \begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ & 1 & 0 & 0 & 0 \\ & & 1 & 1 & 0 \\ & & & 1 & 0 \\ & & & & 0 \\ & & & & \end{pmatrix} \end{array}$$

**Lista di adiacenza - Grafi non orientati**

Se si sceglie di memorizzare un grafo tramite una lista di adiacenza allora si avrà una lista di $n$ elementi, uno per ogni nodo del grafo. Ogni elemento della lista sarà a sua volta una lista contenente i nodi adiacenti al nodo corrispondente. In un grafo non orientato la lista di adiacenza non conterrà duplicati.

**Esempio** Assumendo che il grafo non orientato

$$G = (\{0,1,2,3,4,5\}, \{(0,1),(1,2),(0,3),(2,3),(3,4),(4,2)\})$$

sia memorizzato tramite una lista di adiacenza si avrà la seguente lista:

$0 \text{ -> } 1 \text{ -> } 3$
$1 \text{ -> } 0 \text{ -> } 2$
$2 \text{ -> } 1 \text{ -> } 3 \text{ -> } 4$
$3 \text{ -> } 0 \text{ -> } 2 \text{ -> } 4$
$4 \text{ -> } 3 \text{ -> } 2$
$5$

#### Matrice di adiacenza - Grafici non orientati pesati

Se si sceglie di memorizzare un grafo tramite una matrice di aderenza allora si avrà una matrice $A$ di dimensione $n \times n$ dove $n$ è il numero di nodi del grafo. La cella $A_{ij}$ sarà pari al peso dell'arco tra il nodo $i$ e il nodo $j$, 0 altrimenti. In un grafo non orientato la matrice sarà simmetrica rispetto alla diagonale principale.

**Esempio** Assumendo che il grafo non orientato pesato

$$G = (\{0,1,2,3,4,5\}, \{(0,1,3),(1,2,4),(0,3,1),(2,3,4),(3,4,8),(4,2,7)\})$$

sia memorizzato tramite una matrice di aderenza si avrà la seguente matrice:

$$\begin{array}{c} \\ 0 \\ 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{array} \begin{array}{c} \begin{array}{cccccc} 0 & 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{array} \\ \begin{pmatrix} & 3 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ & & 4 & 0 & 0 & 0 \\ & & & 4 & 7 & 0 \\ & & & & 8 & 0 \\ & & & & & 0 \\ & & & & & \end{pmatrix} \end{array}$$

#### Lista di adiacenza - Grafici non orientati pesati

Se si sceglie di memorizzare un grafo tramite una lista di adiacenza allora si avrà una lista di $n$ elementi, uno per ogni nodo del grafo. Ogni elemento della lista sarà a sua volta una lista contenente i nodi adiacenti al nodo corrispondente e il peso dell'arco. In un grafo non orientato la lista di adiacenza non conterrà duplicati.

**Esempio** Assumendo che il grafo non orientato pesato

$$G = (\{0,1,2,3,4,5\}, \{(0,1,3),(1,2,4),(0,3,1),(2,3,4),(3,4,8),(4,2,7)\})$$

sia memorizzato tramite una lista di adiacenza si avrà la seguente lista:

```
0 -> 1(3) -> 3(1)
1 -> 0(3) -> 2(4)
2 -> 1(4) -> 3(4) -> 4(7)
3 -> 0(1) -> 2(4) -> 4(8)
4 -> 3(8) -> 2(7)
5
```

#### Liste di adiacenza - variazioni sul tema

Sia il grafo orientato che il grafo non orientato possono essere memorizzati tramite liste di adiacenza in diversi modi che variano a seconda del linguaggio di programmazione, di seguito alcuni esempi:

| Struttura | Java | Python | C++ |
|---|---|---|---|
| Lista collegata | `LinkedList` | `list` | |
| Vettore statico | [] | `list` | [] |
| Vettore dinamico | `ArrayList` | `list` | `vector` |
| Insieme | `HashSetTreeSet` | `set` | `set` |
| Dizionario | `HashMapTreeMap` | `dict` | `map` |

## 5.2 Visite dei grafi

**Il problema** Dato un grafo $G = (V, E)$ e un vertice $r \in V$(**radice**,**sorgente**) visitare una volta e una sola volta tutti i nodi connessi a $r$.

**Visita in ampiezza *Breath First Search* (BFS)** Questo genere di visita dei nodi viene eseguita "per livelli" e si visita prima la radice e poi i nodi a distanza 1 dalla radice, poi i nodi a distanza 2 e così via, viene usata calcolare cammini più brevi da una singola sorgente.

**Visita in profondità *Depth First Search* (DFS)** Questo genere di visita dei nodi viene eseguita "in profondità" e si visita la radice e poi si scende il più possibile in profondità prima di risalire, viene usata per ordinamento topologico, analisi di componenti connesse e componenti fortemente connesse.

**Problemi** In entrambi i casi si deve tener conto del fatto che un grafo può essere ciclico e quindi si deve evitare di visitare più volte lo stesso nodo e di entrare in loop infiniti.
**Algoritmo generico di attraversamento**

**Algorithm 30** graphTrasversal(GRAPH $G$, NODE $r$)

```
S ←Set()
S.insert(r)
{ marca il nodo r }
while S.size() > 0 do
    NODE u ← S.remove() { visita il nodo u }
    for NODE v ∈ G.adj(u) do
        if v ∉ S then { marca il nodo v }
            S.insert(v)
```

### 5.2.1 Visita in ampiezza BFS

**Obbiettivi BFS** Gli obbiettivi per la ricerca BFS sono: Visitare prima tutti i nodi a distanza $k$ poi $k+1$ e così via, calcolare il cammino più breve da $r$ a tutti gli altri nodi misurando la lunghezza degli archi attraversati, generare un albero **breadth-first** con radice $r$, quindi contente tutti i nodi raggiungibili da $r$ tale per cui un cammino dalla radice $r$ al nodo $u$ al con il cammino più breve.
**Algoritmo generico di visita in ampiezza**

**Algorithm 31** BFS(GRAPH $G$, NODE $r$)

```
Queue Q ←Queue()
Q.enqueue(r)
boolean [] visited ← new boolean [G.size()]
for u ∈ G.V() − {r} do
    visited[u] ← false
visited[r] ← true
while not Q.isEmpty() do
    NODE u ← Q.dequeue()
    { visita il nodo u }
    for v ∈ G.adj(u) do
        { visita l'arco (u, v) }
        if not thenvisited[v]
            visited[v] ← true
            Q.enqueue(v)
```

#### Calcolo minima distanza

Il principale problema risolto è quello del calcolo della minima distanza tra due nodi di un grafo, per farlo sfruttiamo la BFS e una coda. Il risultato di ciò è il seguente algoritmo:

**Algorithm 32** distance(GRAPH $G$, NODE $r$,**int** [] *distance*)

```
Queue Q ←Queue()
Q.enqueue(r)
foreach u ∈ G.V() − {r} do
    distance[u] ← ∞
distance[r] ← 0
while not Q.isEmpty() do
    NODE u ← Q.dequeue()
    for v ∈ G.adj(u) do
        if distance[v] = ∞ then                    ▷ Se v non è stato scoperto ancora
            distance[v] ← distance[u] + 1
            Q.enqueue(v)
```

#### Albero BFS

L'albero BFS è un albero radicato con radice $r$ utile per ottenere il cammino più breve tra $r$ e tutti gli altri nodi del grafo. Questo genere di albero è solitamente memorizzato in un vettore di padri detto *parent* Come

**Algorithm 33** distance(. . . , **int** [] *parent*)

```
[...]
parent[r] ← nil
while not Q.isEmpty() do
    NODE u ← Q.dequeue()
    for v ∈ G.adj(u) do
        if distance[v] = ∞ then
            distance[v] ← distance[u] + 1
            parent[v] ← u
            Q.enqueue(v)
```

algoritmo ausiliario per la "stampa" di questo albero si può usare il seguente:

**Algorithm 34** printPath(NODE $r$,NODE $s$, NODE [] *parent*)

```
if s == r then
    print s
else if parent[s] == nil then
    print "Error"
else
    PRINTPATH(r, parent[s], parent)
    print s
```

#### Complessità BFS

La complessità dell'algoritmo di visita in ampiezza è $O(n + m)$, dove $n$ è il numero di nodi inserito nella coda, e ciò avviene una sola volta, inoltre in quanto un nodo viene estratto tutti i suoi archi vengono visitati una sola volta. Dunque il numero di archi analizzati è:

$$m = \sum_{u \in V} d_{out}(u)$$

dove $d_{out}(u)$ è il grado uscente del nodo $u$. (In un grafo non orientato coincide con il grado del nodo).

### 5.2.2 Visita in profondità - DFS

La visita in profondità viene usata per la risoluzione di diversi problemi, a differenza della BFS la DFS considera tutti i nodi del grafo anche quelli non connessi ad un singolo nodo. Come risultato abbiamo non un albero ma una foresta *depth-first* $G_f = (V, E_f)$ formata da un insieme di alberi *depth-first*. Solitamente per memorizzare questo viene usato o uno *Stack* implicito (attraverso la ricorsione) o uno *Stack* esplicito.

**Algoritmo *stack* implicito** Usando uno stack implicito otteniamo il seguente algoritmo: Anche in questo

**Algorithm 35** dfs(GRAPH $G$, NODE $u$, **boolean** [] *visited*)

```
visited[r] ← true
{ visita il nodo r (pre-order) }
foreach v ∈ G.adj(u) do
    if not then visited[v]
        { visita l'arco (u, v) }
        DFS(G, v, visited)
{ visita il nodo r (post-order) }
```

caso la complessità per la visita di tutti i nodi è $O(n + m)$.

**Algoritmo *stack* esplicito** Usando uno stack esplicito otteniamo il seguente algoritmo:

**Algorithm 36** dfs(GRAPH $G$, NODE $r$)

```
Stack S ←Stack()
S.push(r)
boolean [] visited ← new boolean [G.size()]
for u ∈ G.V() − {r} do
    visited[u] ← false
while not S.isEmpty() do
    NODE u ← S.pop()
    if not then visited[u]
        { visita il nodo u (pre-order) }
        visited[u] ← true
        for v ∈ G.adj(u) do { visita l'arco (u, v) }
            S.push(v)
```

In questo algoritmo il nodo può essere inserito nella pila più volte, il controllo viene fatto all'estrazione e non all'inserimento, la complessità anche in questo caso è $O(n + m)$ in quanto somma di $O(m)$ visite agli archi, $O(m)$ inserimenti e estrazioni e $O(n)$ visite ai nodi.
Tuttavia la visita in *post-order* è più complessa da implementare con uno stack esplicito, in quanto bisogna introdurre un "*tag*" per identificare se il nodo è in stato "*discovery*" ovvero se è stato scoperto ma non visitato o se è in stato "*finish*" ovvero quando è stato estratto e poi re-inserito, solo quando ha questo stato allora i suoi vicini vengono inseriti nello stack. Quando viene infine estratto un nodo con il tag "*finish*" allora si può procedere con la visita del nodo.

#### Analisi di componenti (fortemente) connesse

La visita in profondità è utile per l'analisi di componenti connesse e fortemente connesse di un grafo. Prima di affrontare l'argomento è necessario introdurre diverse definizioni:

**Definizione 5.11** (Compoennte connessa)**.** Una componente connessa in un grafo non orientato è un sottoinsieme di nodi $C$ tale che per ogni coppia di nodi $u, v \in C$ esiste un cammino da $u$ a $v$. Quindi un grafo $G'$ sotto-grafo di $G$ deve essere un sotto-grafo connesso e massimale di $G$.

**Definizione 5.12** (Componente fortemente connessa)**.** Una componente connessa in un grafo orientato è un sottoinsieme di nodi $C$ tale che per ogni coppia di nodi $u, v \in C$ esiste un cammino da $u$ a $v$ e da $v$ a $u$.

**Definizione 5.13** (Raggiungibilità)**.** In un grafo non orientato si dice che un nodo $v$ è **raggiungibile** da un nodo $u$ se esiste un cammino da $u$ a $v$, ne segue che la relazione di raggiungibilità è simmetrica e dunque se $v$ è raggiungibile da $u$ allora $u$ è raggiungibile da $v$. In un grafo orientato si dice che un nodo $v$ è **raggiungibile** da un nodo $u$ se esiste un cammino da $u$ a $v$ e non necessariamente da $v$ a $u$.

**Definizione 5.14** (sotto-grafo)**.** Un grafo $G' = (V', E')$ è un sotto-grafo di un grafo $G = (V, E)$ se $V' \subseteq V$ e $E' \subseteq E$.

**Definizione 5.15** (Massimalità di un sotto-grafo)**.** Un sotto-grafo $G' = (V', E')$ di un grafo $G = (V, E)$ è detto massimale $\Leftrightarrow \nexists$ un sotto-grafo $G'' = (V'', E'')$ di $G$ tale che $G''$ sia connesso ed "più grande di $G'$" (ovvero $G' \subseteq G'' \subseteq G$).

**Problema** L'obbiettivo è quello di verificare se un grafo è connesso o meno, e se non lo è trovare le componenti connesse o fortemente connesse.

**Soluzione** Usando la `DFS` analizziamo se tutti i nodi sono marcati quando "non possiamo andare più avanti" e se non lo sono allora siamo in presenza di un grafo sconnesso e quelli marcati fino ad ora costituiscono una componente connessa. Usiamo per il problema un vettore *id* contenete l'identificativo delle componenti con $id[u]$ uguale all'identificativo della componente connessa a cui appartiene il nodo $u$.

**Algorithm 37** **int** [] cc(GRAPH $G$)

```
int [] id ← new int [G.size()]
foreach u ∈ G.V() do
    id[u] ← −1
int count ← 0
foreach u ∈ G.V() do
    if id[u] == 0 then
        count ← count + 1
        CCDFS(G, count, u, id)
return id
```

Come funzione ricorsiva di supporto si ha:

**Algorithm 38** ccdfs(GRAPH $G$, **int** *count*, NODE $u$, **int** [] *id*)

```
id[u] ← count
foreach v ∈ G.adj(u) do
    if id[v] == 0 then
        CCDFS(G, count, v, id)
```

#### Analisi di presenza o meno di clicli

Definiamo in primo luogo un ciclo:

**Definizione 5.16** (Ciclo per un grafo non orientato)**.** In un grafo non orientato $G = (V, E)$, un ciclo $C$ di lunghezza $k > 2$ è una sequenza di nodi $u_0, u_1, \ldots, u_k$ tale che $(u_i, u_{i+1}) \in E$ per $i = 0, \ldots, k-1$ e inoltre $u_k = u_0$.

Definiamo quindi un grafo aciclico un grafo che non contiene cicli.

**Problema** L'obbiettivo è quello di verificare se un grafo è aciclico (**true**) o meno (**false**).

**Algorithm 39** **boolean** hasCycleRec(GRAPH $G$, NODE $u$, NODE $p$, **boolean** [] *visited*)

```
visited[u] ← true
foreach v ∈ G.adj(u) − {p} do
    if visited[v] then
        return true
    else if HASCYCLEREC(G, v, u, visited) then
        return true
return false
```

Questa è la funzione ricorsiva di supporto che tiene in considerazione eventuali componenti sconnesse, per la funzione principale si ha:

**Algorithm 40** **boolean** hasCycle(GRAPH $G$)

```
boolean [] visited ← new boolean [G.size()]
foreach u ∈ G.V() do
    visited[u] ← false
foreach u ∈ G.V() do
    if not visited[u] then
        if HASCYCLEREC(G, u, nil , visited) then
            return true
return false
```

**Grafi orientati** La definizione di ciclo per un grafo orientato è leggermente diversa:

**Definizione 5.17** (Ciclo per un grafo orientato)**.** In un grafo orientato $G = (V, E)$, un ciclo $C$ di lunghezza $k \geq 2$ è una sequenza di nodi $u_0, u_1, \ldots, u_k$ tale che $(u_i, u_{i+1}) \in E$ per $i = 0, \ldots, k-1$ e inoltre $u_k = u_0$.

Inoltre come per i grafi non orientati un grafo aciclico è un grafo che non contiene cicli. Definiamo anche un **DAG** un grafo orientato aciclico (*Directed Acyclic Graph*).

**Problema** L'obbiettivo è quello di verificare se un grafo è aciclico (**true**) o meno (**false**).
Il suddetto problema non può essere risolto con l'algoritmo precedente, questo in quanto non basta rimuovere la condizione sul nodo di provenienza $p$, ma bisogna considerare solo la direzione degli archi, si veda la sotto-sotto-sezione "Analisi presenza o meno di cicli orientati" presente dopo la successiva sotto-sotto-sezione

#### Classificazione degli archi

Prima di poter parlare di Classificazione degli archi è necessario introdurre la definizione di albero di copertura `DFS`:

**Definizione 5.18** (Albero di copertura `DFS`)**.** Dato un grafo $G = (V, E)$ allora esiste un albero di copertura `DFS` $G_f = (V_f, E_f)$ tale che $V_f = V$ e $E_f$ è un sottoinsieme di $E$ tale che per ogni nodo $u \in V$ esiste un cammino da $r$ a $u$ in $G_f$.

L'algoritmo di visita in profondità permette di classificare gli archi $(u, v)$ non presi in considerazione dall'albero di copertura `DFS` in tre categorie:

- Se $(u, v)$ è un arco tale che $u$ è im "antenato" di $v$ in $G_f$ allora $(u, v)$ è un **arco in avanti**
- Se $(u, v)$ è un arco tale che $u$ è un "discendente" di $v$ in $G_f$ allora $(u, v)$ è un **arco all'indietro**
- In ogni altro caso $(u, v)$ è un **arco di attraversamento**

**Algorithm 41** dfs-schema(GRAPH $G$,NODE $u$,**int** &$time$,**int** [] $dt$,**int** [] $ft$)

```
{Visita il nodo u (pre-order)}
time ← time + 1
foreach do v ∈ G.adj(u)
    { visita l'arco (u, v) (qualsiasi) }
    if dt[v] == 0 then                                   ▷ Il nodo non è stato ancora visitato
        {Visita l'arco (u, v) albero }
        DFS-SCHEMA(G,v,time,dt,ft)
    else if dt[u] > dt[v] & ft[v] == 0 then   ▷ Nodo adiacente già visitato in precedenza e non ancora finito
        {Visita l'arco (u, v) all'indietro }
    else if dt[u] < dt[v] & ft[v] ≠ 0 then               ▷ Nodo adiacente già visitato e finito
        {Visita l'arco (u, v) in avanti }
    else                                                 ▷ Tuti gli altri casi
        {Visita l'arco (u, v) di attraversamento }
{Visito il nodo u (post-order)}
time ← time + 1
ft[u] = time
```

Si può ora definire l'algoritmo di classificazione degli archi. Usiamo all'interno dell'algoritmo le seguenti variabili *time* è il contatore del tempo passato, *dt* è il vettore contenete i tempi di *discovery time* per ogni nodo del grafo e *ft* è il vettore contenente i tempi di £*finish*" di ogni vettore. Si noti come alla fine dell'algoritmo otteniamo due vettori *dt* e *ft* popolati, su questi "tempi" di *discovery* può essere formulato un teorema:

**Teorema 5.2.** Data una visita `DFS` di un grafo $G = (V, E)$, per ogni coppia di nodi $u, v \in V$, solo una delle seguenti condizioni è vera:

- GLi intervalli $[dt[u], ft[u]]$ e $[dt[v], ft[v]]$ sono non-sovrapposti, allora $u, v$ **non sono discendenti l'uno dell'altro** nella **foresta** `DF`
- L'intervallo $[dt[u], ft[u]]$ è contenuto nell'intervallo $[dt[v], ft[v]]$, allora $u$ **è un discendente di** $v$ in un albero `DF`
- L'intervallo $[dt[v], ft[v]]$ è contenuto nell'intervallo $[dt[u], ft[u]]$, allora $u$ **è un antenato di** $v$ in un albero `DF`

### Analisi presenza o meno di cicli orientati

Grazie alle conoscenze apprese dalla sotto-sotto-sezione precedente possiamo ora formulare un teorema riguardante la presenza o meno di cicli orientati:

**Teorema 5.3** (Grafi orientati aciclici)**.** Un grafo orientato è aciclico se e solo se non esistono archi all'indietro nel grafo.

*Dimostrazione.* Procediamo per entrambe le direzioni:

- **se:** Esiste un ciclo, allora sia $u$ il primo nodo di questo e sia $(v, u)$ un arco del ciclo. Allora il cammino che connette $u$ ad $v$ sarà visitato, ed eletto come cammino dell'albero di copertura, prima o poi. Quando si raggiungerà il nodo $v$ si "scopre" l'esistenza di $(v, u)$ ovvero un arco all'indietro.
- **solo se:** Se esiste un arco all'indietro $(u, v)$, dove $v$ è un antenato di $u$, allora esiste un cammino da $v$ a $u$ e un arco da $u$ a $v$ ovvero un ciclo.

□

Applichiamo dunque il teorema appena dimostrato tramite il seguente algoritmo che sfrutta gli algoritmi "hasCycleRec" e "dfs-schema" precedentemente definiti.[1]

**Algorithm 42** **boolean** hasCycleRec(GRAPH $G$, NODE $u$, **int** &$time$,**int** [] $dt$,**int** $ft$)

```
time ← time + 1
dt[u] ← time
foreach v ∈ G.adj(u) do
    if dt[v] == 0 then
        if HASCYCLEREC(G, v, time, dt, ft) then
            return true
    else if ft[v] == 0 then
        return true
time ← time + 1
ft[u] ← time
return false
```

### Ordinamento topologico

La DFS può essere usata anche per stabilire un **ordinamento topologico** di un grafo DAG. Un ordinamento topologico è definito come segue:

**Definizione 5.19** (Ordinamento topologico)**.** Dato un DAG $G$ un **ordinamento topologico** di $G$ è un ordinamento lineare dei sue noti tale che se $u, v \in E$ allora $u$ precede $v$ nell'ordinamento.

Da questa definizione possiamo dedurre che per un DAG possano esistere più ordinamenti, inoltre se consideriamo un grafo qualunque nel quale sono presenti cicli non può esistere un ordinamento.

**Problema** L'obbiettivo è quello prendere in *input* un DAG e restituire un ordinamento topologico.

**Soluzione "*Naive*"** Si prende un nodo senza archi entranti (che esiste sempre) si aggiunge questo nodo all'ordinamento e si "elimina" il nodo dal grafo, si ripete il procedimento fino a quando non si è eliminato tutti i nodi.

**Algoritmo** Eseguiamo una DFS con l'operazione di visita, in *post-order*, che consiste nell'aggiungere il nodo in testa ad una lista, si restituisce la lista ottenuta (ribaltata).
Questo funziona in quanto quando un nodo è "finito" allora tutti i suoi discendenti sono stati scoperti e aggiunti.

**Algorithm 43** STACK topSort(GRAPH $g$)

```
STACK S ← Stack()
boolean []visited ← boolean (G.size(), false )
foreach u ∈ G.V() do
    if not visited[u] then
        TS-DFS(G, u, visited, S)
return S
```

[1] Va modificato l'algoritmo "hasCycle" inizializzando $dt$ e $ft$ a vettori di 0 e $time$ a 0. Per il resto l'algoritmo è identico, omesso quindi brevità.

**Algorithm 44** ts-dfs(GRAPH $G$, NODE $u$, **boolean** [] *visited*, STACK $S$)

```
visited[u] ← true
foreach v ∈ G.adj(u) do
    if not visited[v] then
        TS-DFS(G, v, visited, S)
S.push(u)
```

Grazie al teorema precedentemente dimostrato possiamo affermare che l'algoritmo funziona in quanto se un nodo è "finito" allora tutti i suoi discendenti sono stati scoperti e aggiunti.

**Applicazioni in the real world** L'ordinamento topologico è utilizzato in diversi campi, tra cui: L'ordine di valutazione delle celle in uno *spreadsheet*, l'ordine di compilazione di un `Makefile`, la risoluzione di dipendenze in un `package manager` e la risoluzione di dipendenze in un `task scheduler`.

**Componenti fortemente connesse**

# Capitolo 6

# Hashing

## 6.1 Introduzione

### 6.1.1 Preambolo

Prima di iniziare a parlare di hashing, è necessario definire cos'è un dizionario

**Definizione 6.1** (Dizionario)**.** Un dizionario è una struttura dati utilizzata per memorizzare un insieme dinamico di elementi, costituiti da **coppie** $\langle k, v\rangle$, dove $k$ è la chiave e $v$ è il valore associato alla chiave. Le coppie sono uniche rispetto alla chiave, il valore è un **"dato satellite"** associato alla chiave.

Le operazioni di un dizionario sono:

- lookup($key$) $\rightarrow$ $value$: inserisce la coppia $\langle k, v\rangle$ nel dizionario
- insert($key, value$): cerca la chiave $k$ nel dizionario e restituisce il valore associato
- delete($key$): elimina la coppia $\langle k, v\rangle$ dal dizionario

Le strutture dati che implementano un dizionario sono ad esempio: Le tabelle di simboli, i dizionari di Python, le mappe di Java, gli oggetti di JavaScript, ecc...

**Implementazione ideale** L'implementazione ideale di un dizionario, ovvero quella che garantisce le complessità di $O(1)$ per `insert`,`lookup`,`remove` è la tabella hash.

### 6.1.2 Tabelle Hash

#### Definizioni

Una **funzione hash** è definita come: $h : \mathcal{U} \rightarrow \{0, 1, \ldots, m-1\}$, dove $\mathcal{U}$ è l'universo delle chiavi e $m$ è la dimensione della tabella hash.
La coppia $\langle k, v\rangle$ è memorizzata nella cella $h(k)$ della tabella hash.

| | **Array non ordinato** | **Array ordinato** | **Lista** | **Albero RB** | ~~**Impl. Ideale**~~ **Hash** |
|---|---|---|---|---|---|
| insert() | $O(1), O(n)$ | $O(n)$ | $O(1), O(n)$ | $O(\log n)$ | $O(1)$ |
| lookup() | $O(n)$ | $O(\log n)$ | $O(n)$ | $O(\log n)$ | $O(1)$ |
| remove() | $O(n)$ | $O(n)$ | $O(n)$ | $O(\log n)$ | $O(1)$ |
| **foreach** | $O(n)$ | $O(n)$ | $O(n)$ | $O(n)$ | ~~$O(n)$~~ $O(m)$ |

**Collisioni**

Quando due chiavi $k_1$ e $k_2$ hanno lo stesso valore di hash, ovvero $h(k_1) = h(k_2)$, si verifica una collisione. Idealmente si vorrebbe che la funzione hash sia senza collisioni.

## 6.2 Funzioni Hash

### 6.2.1 Introduzione

**Definizione 6.2** (Funzione Hash Perfetta)**.** Una funzione hash $h$ si dice **perfetta** se è **iniettiva**, ovvero se non ci sono collisioni.

$$\forall k_1, k_2 \in \mathcal{U} \quad k_1 \neq k_2 \Rightarrow h(k_1) \neq h(k_2)$$

Ottenere una funzione hash perfetta è pressoché impossibile, in quanto spesso la chiave ha una dimensione maggiore della tabella hash e/o un dominio molto grande.
Per ovviare a questo cerchiamo di minimizzare il numero di collisioni, questo cercando di distribuire **uniformemente** le chiavi negli indici $[0, m-1]$ della tabella hash.

**Definizione 6.3** (Uniformità Semplice)**.** Sia $P(k)$ la probabilità che una chiave $k$ venga inserita in tabella, Sia $Q(i)$ la probabilità che una chiave venga inserita nella cella $i$ dove:

$$Q(i) = \sum_{k \in \mathcal{U}: h(k) = i} P(k)$$

Allora una funzione hash $h$ gode di **uniformità semplice** se:

$$\forall i \in [0, \ldots, m-1] \quad Q(i) = \frac{1}{m}$$

### 6.2.2 Funzioni Hash Semplici

Prima di definire delle funzioni di hash, dobbiamo prima assumere che le chiavi possano essere tradotte in valori numerici, anche interpretando la loro rappresentazione in memoria come un numero.

**Esempio 6.1** (Trasformazione di stringhe)**.** Di seguito sono riportate alcune funzioni di trasformazione di stringhe in numeri:

- $\text{ord}(c)$: valore ordinale binario del carattere $c$ in qualche codifica
- $\text{bin}(k)$: rappresentazione binaria della chiave $k$ concatenando i valori ordinari dei caratteri della chiave
- $\text{int}(b)$: valore numerico associato al numero binario $b$
- $\text{int}(k) = \text{int}(\text{bin}(k))$

**Funzioni hash semplici** Alcuni esempi di funzioni hash semplici sono:

- Estrazione $\Rightarrow m = 2^p$: $h(k) = \text{int}(b)$ dove $b$ è un sottoinsieme di $p$ bit di $\text{bin}(k)$

  Molto veloce, ma con molte collisioni

- `XOR` $\Rightarrow m = 2^p$: $h(k) = \text{int}(b)$ dove $b$ è dato dalla somma modulo 2, effettuata bit a bit, di sottoinsiemi di $p$ bit di $\text{bin}(k)$

  Permutazioni della stessa chiave danno lo stesso risultato

- Metodo della Divisione $\Rightarrow m$ dispari meglio se primo, $h(k) = \text{int}(k) \mod m$.

  Non va bene $m = 2^p$: solo i $p$ bit meno significativi vengono considerati

  Non va bene $m = 2^p - 1$: permutazione di stringhe con set di caratteri uguali hanno lo stesso valore hash

  Vanno bene: Numeri primi, distanti da potenze di 2 (e di 10)

- Metodo della Moltiplicazione $\Rightarrow$ $m$ qualsiasi meglio se potenza di 2, $C$ costante $0 < C < 1$. Sia $i = \text{int}(k)$ e $H(k) = \lfloor m \cdot (C \cdot i - \lfloor C \cdot i \rfloor) \rfloor$

  $C$ è una costante che si sceglie in base a $m$

  $C$ è un numero irrazionale, quindi non si ha un pattern di collisioni

**Implementazione della moltiplicazione** Si sceglie un valore $m = 2^p$, sia $w$ la dimensione in bit della parola di memoria: $i, m \leq 2^w$. Sia $s = \lfloor C \cdot 2^w \rfloor$, allora: $i \cdot s$ può essere scritto come $r_1 \cdot 2^w + r_0$ dove $r_1$ contiene la parte intera di $i \cdot C$ e $r_0$ la parte frazionaria.
Si restituiscono i $p-$bit più significativi di $r_0$ come valore hash.

## 6.3 Gestione delle collisioni

### 6.3.1 Liste/Vettori di trabocco

#### Idea Generale

L'idea di usare una lista di trabocco è quella di memorizzare in una cella della tabella hash non solo il valore corrispondente alla chiave, ma anche una lista di coppie $\langle k, v \rangle$ le quali chiavi hanno lo stesso valore di hash. Quando si vuole aggiungere una coppia $\langle k, v \rangle$ e $k$ ha lo stesso valore di hash di una chiave già presente, si "fà puntare" la testa della lista di trabocco alla nuova coppia appena inserita e la nuova coppia "punta" alla vecchia testa.

#### Operazioni

- `insert`: si inserisce la coppia $\langle k, v \rangle$ in testa alla lista di trabocco
- `lookup`: si scorre la lista di trabocco fino a trovare la chiave $k$ e si restituisce il valore associato
- `delete`: si scorre la lista di trabocco fino a trovare la chiave $k$ e si elimina la coppia $\langle k, v \rangle$

#### Analisi complessità

In quanto si hanno $n$ chiavi memorizzate nella tabella hash e $m$ è la capacità della tabella, si ha che il fattore di carico $\alpha = \frac{n}{m}$. Inoltre definendo $I(\alpha)$ come il numero medio di accessi alla tabella per la ricerca di una chiave con insuccesso e $S(\alpha)$ come il numero medio di accessi alla tabella per la ricerca di una chiave con successo, si ha che:
**Caso peggiore**:

- insert() $\rightarrow \Theta(1)$
- lookup(), delete() $\rightarrow \Theta(n)$

**Caso medio**: Dipende da come le chiavi sono distribuite nella tabella hash, assumendo un hash uniforme semplice e costo di hashing $O(1)$: Allora il valore atteso della lunghezza di una lista pari a $\alpha = \frac{n}{m}$. Per la ricerca distinguiamo due casi:

- **Successo**, costo atteso: $\Theta(1) + \alpha$
- **Insuccesso**, costo atteso: $\Theta(1) + \frac{\alpha}{2}$

Nel caso medio si può osservare come il costo computazionale sia influenzato dal fattore di carico $\alpha$, nel caso ottimale se fossimo in una situazione nella quale $n = O(m)$ e $\alpha = O(1)$, allora per ogni operazione il costo sarebbe $O(1)$.

### 6.3.2 Indirizzamento aperto

#### Idea

La tecnica dell'Indirizzamento aperto punta a risolvere la complessità, a livello strutturale, delle liste di trabocco. L'idea è quella di memorizzare le chiavi nella tabella hash stessa, ed ogni slot può contenere o una chiave o **nil** (indicante che la cella è vuota).

**Inserimento** Quando si vuole inserire una chiave $k$ e la cella $h(k)$ è occupata, si cerca la prima cella vuota a partire da $h(k)$.

#### Operazioni

**Ricerca** Quando si vuole cercare una chiave $k$ si parte da $h(k)$ e si scorre la tabella fino a trovare la chiave $k$ o una cella vuota.

**Funzione Hash** La funzione hash deve essere estesa, infatti questa in caso di Indirizzamento aperto assumerà la forma:

$$H : \mathcal{U} \times \overbrace{\{0, 1, \ldots, m-1\}}^{\text{Numero ispezione}} \to \overbrace{\{0, 1, \ldots, m-1\}}^{\text{Indice vettore}}$$

#### Ispezione

Definiamo il termine **ispezione**

**Definizione 6.4** (Ispezione)**.** L'ispezione è l'esame di uno slot durante la ricerca.

Definiamo inoltre il termine **sequenza di ispezione**

**Definizione 6.5** (Sequenza di Ispezione)**.** Una sequenza di ispezione $[H(k,0), H(k,1), \ldots, H(k,m-1)]$ è una sequenza di **permutazione** degli indici $[0, 1, \ldots, m-1]$ corrispondente all'ordine in cui vengono esaminati gli slot.
Questa rispetta le seguenti regole: Non ci sono ripetizioni di uno slot già visitato e, nel caso la tabella sia piena, potrebbe essere necessario visitare tutti gli slot.

**Tecniche di ispezione** La situazione ideale prende il nome di *hashing uniforme* ovvero ogni chiave ha la stessa probabilità di avere come sequenza di ispezione una qualsiasi delle $m!$ permutazioni di $[0, 1, \ldots, m-1]$. In quanto ciò è impossibile, si ricorre a tecniche di ispezione:

**Ispesione Lineare** La sequenza di ispezione è data da $H(k,i) = (H_1(k) + h \cdot i) \mod m$ la quale genera le varie sequenze: $[H_1(k), H_1(k) + h, H_1(k) + 2h, \ldots]$ che determina il primo elemento. Al massimo sono presenti $m$ sequenze di ispezione. Incontriamo ora il problema del *clustering*, ovvero la formazione di gruppi di chiavi che si trovano vicine tra loro.

**Definizione 6.6** (Agglomerazione Primaria (*primary clustering*))**.** L'agglomerazione primaria è la formazione di lunghe sotto-sequenze occupate che tendono a crescere in quanto uno slot vuoto preceduto da uno slot occupato ha probabilità $\frac{(i+1)}{m}$ di essere occupato.

Conseguenza diretta del clustering è l'incremento dei tempi medi di inserimento e cancellazione.

**Ispezione Quadratica** La sequenza di ispezione è data da $H(k,i) = \left(H_1(k) + h \cdot i^2\right) \mod m$ con questa tecnica dopo il primo elemento $(H_1(k,0))$ le ispezioni successive saranno distanti tra loro di $1, 4, 9, \ldots$ slot. Come risultato non si ha però una **permutazione** in quanto alcuni slot potrebbero non essere mai visitati, anche in questo caso abbiamo al massimo $m$ sequenze di ispezione distinte. Eliminiamo di fatto l'agglomerazione primaria, ma introduciamo l'**agglomerazione secondaria**.

**Definizione 6.7** (Agglomerazione Secondaria (*secondary clustering*))**.** Se due chiavi hanno la stessa ispezione iniziale allora le loro sequenze sono identiche.

**Doppio Hashing** La sequenza di ispezione è data da $H(k,i) = (H_1(k) + i \cdot H_2(k)) \mod m$ con $H_2(k)$ che fornisce l'*offset* delle successive ispezioni. In questo caso si hanno $m^2$ sequenze di ispezione distinte, inoltre se si vuole garantire una permutazione completa allora $H_2(k)$ deve essere co-primo con $m$.

### Cancellazione

Come probabilmente si è già intuito non si possono sostituire le chiavi con **nil** , in quanto si potrebbe interrompere la sequenza di ispezione. Per ovviare a questo problema si introduce il concetto di **tombstone**, ovvero un valore speciale, **deleted**, usato al posto di **nil** sopo la cancellazione di una chiave. Questo permette di mantenere la sequenza di ispezione intatta.
Durante la ricerca se ci si imbatte in un *tombstone* si continua la ricerca, in quanto la chiave potrebbe essere presente in una cella successiva, mentre in caso di inserimento si sovrascrive il *tombstone* con la nuova chiave. Il tempo di ricerca ora non dipende più da $\alpha$, inoltre se si rende possibile la cancellazione il concatenamento diventa più comune.

### Implementazione - Hashing doppio

Di seguito una possibile implementazione dell'Indirizzamento aperto con doppio hashing:

**Algorithm 45** HASH

```
ITEM [] K                                   ▷ Tabella delle chiavi
ITEM [] V                                   ▷ Tabella dei valori
int m                                       ▷ Dimensione della tabella
HASH
function HASH(int dim)
    HASH t ← new HASH
    t.m ← dim
    t.K ← new ITEM [dim − 1]
    t.V ← new ITEM [dim − 1]
    for i ← 0 to dim − 1 do
        t.K[i] ← nil
```

Di seguito l'algoritmo di ricerca, senza che venga considerata la cancellazione:

**Algorithm 46** SEARCH

```
int
function SCAN(ITEM k)
    int i ← 0
    int j ← H1(k)
    while keys[j] ≠ k & keys[j] ≠ nil & i < m do
        j ← (j + H2(k)) mod m
        i ← i + 1
    return j
```

Se si vuole implementare la cancellazione, si deve aggiungere un controllo per i *tombstone*, ovvero se si incontra un *tombstone* si continua la ricerca tranne nel caso in cui si stia inserendo una nuova chiave.

**Algorithm 47** SEARCH

```
int
function SCAN(ITEM k, boolean insert)
    int delpos = m
    int i ← 0
    int j ← H_1(k)
    while keys[j] ≠ k & keys[j] ≠ nil & i < m do
        if keys[j] = DELETED & delpos = m then
            delpos ← j
        j ← (j + H_2(k)) mod m
        i ← i + 1
    if insert & keys[j] ≠ k & delpos < m then
        return delpos
    else if
         thenreturn j
```

Si riporta ora il codice delle `API` per il *lookup*, l'*insert* e il *remove*:

**Algorithm 48** API

```
ITEM
function LOOKUP(ITEM k)
    j ← SCAN(k, false )
    if keys[j] == k then
        return values[j]
    else
        return nil

function INSERT(ITEM k, ITEM v)
    j ← SCAN(k, true )
    if keys[j] == nil or keys[j] == DELETED or keys[j] == k then
        keys[j] ← k
        values[j] ← v
    else if
         then                                   ▷ Errore, tabella hash piena

function REMOVE(ITEM k)
    j ← SCAN(k, false )
    if keys[j] == k then
        keys[j] ← DELETED
        values[j] ← nil
```

**Fattore di carico** Il fattore di carico $\alpha$ è sempre compreso tra 0 e 1, ma la tabella può andare in overflow, ovvero avere più chiavi di slot disponibili.

### 6.3.3 Analisi complessità

La complessità delle operazioni coi vari metodi di ispezione è la seguente:

| **Metodo** | $\alpha$ | $I(\alpha)$ | $S(\alpha)$ |
|---|---|---|---|
| Lineare | $0 \leq \alpha < 1$ | $\frac{1-\alpha^2+1}{2(1-\alpha)^2}$ | $\frac{1-\frac{\alpha}{2}}{1-\alpha}$ |
| Hashing Doppio | $0 \leq \alpha < 1$ | $\frac{1}{1-\alpha}$ | $-\frac{1}{\alpha}\ln(1-\alpha)$ |
| Liste di Trabocco | $\alpha \geq 0$ | $1+\alpha$ | $1+\frac{\alpha}{2}$ |

# Capitolo 7

# *Divide-et-impera*

## 7.1 Introduzione

**Classificazione dei problemi** Prima di iniziare bisogna saper classificare i problemi, infatti non tutti i problemi possono essere risolti con la tecnica *divide-et-impera*. Di seguito vengono elencati i vari tipi di problemi:

**Problemi decisionali** Sono problemi per i quali la risposta è un semplice "sì" o "no". Ad esempio: "Esiste un cammino di lunghezza $k$ tra due nodi $u$ e $v$?".

**Problemi di ricerca** Sono problemi per i quali si cerca una soluzione all'interno di uno spazio di ricerca, in questo genere di problemi le soluzioni ammissibili sono quelle che rispettano certi vincoli e si cerca la migliore tra queste. Ad esempio: "qual'è la posizione di una data sotto-stringa all'interno di una stringa?".

**Problemi di ottimizzazione** Sono problemi per i quali si cerca la soluzione migliore tra tutte le soluzioni ammissibili. Ad esempio: "qual'è il cammino più breve tra due nodi $u$ e $v$?".

**Definizione matematica** Spesso è fondamentale definire bene il problema in modo formale, questo in quanto una definizione formale permette di capire meglio il problema e di trovare una soluzione più facilmente (in alcuni casi),

**Tecniche di soluzione problemi**

***Divide-et-impera*** Un problema viene suddiviso in sotto-problemi più piccoli, indipendenti risolti ricorsivamente (*top-down*). La soluzione del problema originale viene costruita a partire dalle soluzioni dei sotto-problemi. Lavora in modo efficiente nei problemi di decisione e ricerca.

**Programmazione dinamica** La soluzione viene costruita a partire dalle soluzioni dei sotto-problemi, ma i sotto-problemi vengono risolti una sola volta e la soluzione viene memorizzata in una tabella. Tecnica spesso usata per i problemi di ottimizzazione.

***Memorization* (o annotazione)** Semplicemente la versione *top-down* della programmazione dinamica, in cui si memorizzano i risultati dei sotto-problemi per evitare di ricalcolarli.

**Tecnica *Gready*** Si costruisce la soluzione in modo incrementale, scegliendo ogni volta la soluzione migliore locale. Questa tecnica non garantisce la soluzione ottima.

***Backtrack*** Si costruisce procedendo per "tentativi" e si torna indietro quando se non si trova una soluzione. Questa tecnica è spesso usata per i problemi di decisione.

**Ricerca locale** Si parte da una soluzione iniziale e si cerca di migliorarla iterativamente. Questa tecnica è spesso usata per i problemi di ottimizzazione.

**Algoritmi probabilistici** Si basano su tecniche di campionamento casuale. Questi algoritmi non garantiscono la soluzione ottima, ma spesso sono più efficienti.

**Le tre fasi di *divide-et-impera*** La tecnica *divide-et-impera* si divide in tre fasi: *Divide* ovvero la divisione del problema in sotto-problemi più piccoli, *Impera* ovvero la risoluzione dei sotto-problemi in modo ricorsivo e *Combina* ovvero la combinazione delle soluzioni dei sotto-problemi per ottenere la soluzione del problema originale.

## 7.2 Torre di Hanoi

La torre di Hanoi è un gioco che consiste in tre pioli e $n$ dischi di diametro diverso, i dischi sono impilati in ordine decrescente di diametro su uno dei pioli. Lo scopo del gioco è spostare tutti i dischi da un piolo di partenza ad un piolo di arrivo, rispettando le seguenti regole:

- Si può spostare un solo disco alla volta.
- Un disco può essere spostato solo se è il disco più in alto su un piolo.
- Un disco può essere spostato solo su un piolo vuoto o su un disco più grande.
- Si può usare il piolo di mezzo come piolo di appoggio.

Questo problema può essere risolto in modo ricorsivo, dividendo il problema in sotto-problemi più piccoli. La soluzione è la seguente:

**Algorithm 49** hanoi(**int** $n$,**int** $src$,**int** $dest$, **int** $middle$)

```
if n = 1 then
    print scr → dest
else
    HANOI(n − 1, src, middle, dest)
    print src → dest
    HANOI(n − 1, middle, dest, src)
```

Concettualmente il presente algoritmo funziona in questo modo: sposto $n-1$ dischi dal piolo di partenza al piolo di mezzo, sposto il disco rimanente dal piolo di partenza al piolo di arrivo e infine sposto i $n-1$ dischi dal piolo di mezzo al piolo di arrivo.

**Costo computazionale** Il costo del problema è esprimibile con la seguente equazione di ricorrenza:

$$T(n) = \begin{cases} 1 & n = 1 \\ 2T(n-1)+1 & n > 1 \end{cases}$$

dunque il costo del problema è $O(2^n)$, questo in quanto vengono effettuate due chiamate ricorsive per ogni chiamata ricorsiva, inoltre tutte le volte che eseguo una chiamata ricorsiva ho costo 1.

## 7.3 QuickSort

Il `QuickSort` è un algoritmo di ordinamento basato sulla tecnica *divide-et-impera*. Dove il caso medio ha costo $O(n \log n)$, il caso peggiore ha costo $O(n^2)$. Viene usato il `QuickSort` rispetto al `MergeSort` per la sua minore complessità costante ed il suo minor uso di memoria, ciò in quanto il `QuickSort` non necessita di un array ausiliario.

**Input** L'input dell'algoritmo è un array $A$ di $n$ elementi, inoltre come parametri si passano l'indice di inizio e l'indice di fine dell'array.

***Divide*** Viene scelto un valore $p \in A[start \dots end]$ detto perno (*pivot*), vengono spostati gli elementi minori di $p$ a sinistra e quelli maggiori a destra.

***Impera*** Viene chiamato ricorsivamente l'algoritmo su due sotto-array: $A[start \dots p-1]$ e $A[p+1 \dots end]$, in quanto avendo spostato a destra i maggiori e a sinistra i minori, il perno è già nella posizione corretta.

***Combina*** Non è necessario, in quanto l'array è già ordinato.

**Scelta del perno** Di seguito viene riportato l'algoritmo per la scelta del perno e per la divisione dell'array:

**Algorithm 50** **int** pivot(ITEM $A[]$, **int** *start*, **int** *end*)

```
ITEM pivot ← A[start]
int i ← start
for int j ← start + 1 to end do
    if A[j] < pivot then
        i ← i + 1
        SWAP(A[i], A[j])
SWAP(A[i], A[start])
return i
```

Al'interno del presente algoritmo viene usata la seguente funzione `swap`:

**Algorithm 51** swap(ITEM $a$, ITEM $b$)

```
ITEM temp ← a
a ← b
b ← temp
```

**Algoritmo principale** Dopo aver definito la funzione `pivot` possiamo definire l'algoritmo principale:

**Algorithm 52** quickSort(ITEM $A[]$, **int** *start*, **int** *end*)

```
if start < end then
    int j ← PIVOT(A, start, end)
    QUICKSORT(A, start, j − 1)
    QUICKSORT(A, j + 1, end)
```

## 7.4 Algoritmo di Strassen

L'algoritmo di Strassen è un algoritmo di moltiplicazione di matrici basato sulla tecnica *divide-et-impera*. Normalmente per il calcolo di una matrice $C = A \cdot B$ si ha un costo di $O(n^3)$, dato dal seguente algoritmo:

**Algorithm 53** matrixMultiplication(**float** [][] $A$,$B$,$C$, **int** $n_i, n_j, n_k$)

```
for int i ← 1 to n_i do

    for int j ← 1 to n_j do
        C[i][j] ← 0
        for int k ← 1 to n_k do
            C[i][j] ← C[i][j] + A[i][k] · B[k][j]
```

**Approccio *divide-et-impra*** Il principio di *divide-et-impera* si basa sulla divisione di una matrice $n \times n$ in quattro sotto-matrici $n/2 \times n/2$, in modo tale da ridurre il costo della moltiplicazione.

**Equazione di ricorrenza** L'equazione di ricorrenza dell'algoritmo di Strassen è la seguente:

$$T(n) = \begin{cases} 1 & n = 1 \\ 8T(n/2) + n^2 & n > 1 \end{cases}$$

Il che per il teorema del master ci da un costo di $O(n^{\log_2 8}) = O(n^3)$, dunque l'algoritmo di Strassen non è più efficiente dell'algoritmo classico.

**Algoritmo di Strassen** L'algoritmo di Strassen prevede il calcolo di sette matrici $n/2 \times n/2$, e la ricorrenza su queste.[1] Il che porta alla seguente equazione di ricorrenza:

$$T(n) = \begin{cases} 1 & n = 1 \\ 7T(n/2) + O(n^2) & n > 1 \end{cases}$$

Portando il costo dell'algoritmo a $O(n^{\log_2 7}) \approx O(n^{2.81})$.

[1] Il funzionamento dell'algoritmo di Strassen non è di grande importanza per il corso, basti sapere che questo è migliore rispetto all'approccio *divide-et-impera*

# Capitolo 8

# Analisi ammortizzata

La **analisi ammortizzata** è una tecnica di analisi degli algoritmi che permette di valutare il tempo richiesto per eseguire, nel caso pessimo, una sequenza di operazioni su una struttura dati. Questa tecnica tiene in considerazione operazioni più o meno costose e se le operazioni costose sono poco frequenti, il costo totale delle operazioni può essere ammortizzato su tutte le operazioni.

**Metodi** Gli algoritmi di analisi ammortizzata si basano su tre metodi:

- **Metodo dell'aggregazione** Si calcola la complessita $T(n)$ per eseguire $n$ operazioni in sequenza nel **caso pessimo**
- **Metodo degli accantonamenti**: Alle operazioni vengono assegnati **costi ammortizzati** che possono essere maggiori o minori del costo effettivo dell'operazione.
- **Metodo del potenziale**: Lo stato del sistema viene rappresentato da una **funzione di potenziale**

## 8.1 Contatore Binario

Sia un contatore binario di $k$ bit con un vettore $A$ di booleani 0/1 con il bit meno significativo in $A[0]$ e il bit più significativo in $A[k-1]$. Il valore del contatore è dato da: $x = \sum_{i=0}^{k-1} A[i] \cdot 2^i$. L'operazione increment() che incrementa il contatore di 1 è la seguente:

**Algorithm 54** increment(**int** $[]A$, **int** $k$)

```
int i ← 0
while i < k & A[i] = 1 do
    A[i] ← 0
    i ← i + 1
if i < k then
    A[i] ← 1
```

### 8.1.1 Metodo dell'aggregazione

Con il metodo dell'aggregazione si calcola la complessità per eseguire $n$ operazioni in sequenza nel caso pessimo (in questo caso avendo una sola operazione non distinguiamo tra caso pessimo e caso medio).
Si calcola il costo ammortizzato $\frac{T(n)}{n}$ come **media** su $n$ operazioni.

**Analisi grossolana** Per $n$ operazioni sono necessari $k = \lceil \log(n+1) \rceil$ bit. Il costo di increment() è $O(k)$, quindi il costo di $n$ operazioni è $T(n) = O(nk)$ e il costo di una singola operazione è $\frac{T(n)}{n} = O(k) = O(\log n)$.

**Analisi più stretta** Con la analisi precedente non si tiene conto del fatto che la maggior parte delle operazioni increment() sono a costo $O(1)$ in quanto non si deve propagare il riporto, inoltre il tempo di esecuzione di una singola operazione è proporzionale al numero di bit che vengono cambiati, ma vengono modificati pochi bit per ogni operazione in quanto non sempre si ha un riporto e non sempre la propagazione del riporto avviene per tutti i bit. Infatti su 8 bit ad esempio il bit in $A[0]$ viene cambiato ogni operazione, il bit in $A[1]$ viene cambiato ogni 2 operazioni, il bit in $A[2]$ viene cambiato ogni 4 operazioni e così via fino al bit in $A[i]$ che viene cambiato ogni $2^i$ operazioni.
Il costo totale di $n$ operazioni è quindi:

$$T(n) = \sum_{i=0}^{k-1} \left\lfloor \frac{n}{2^i} \right\rfloor \leq n \sum_{i=0}^{k-1} \frac{1}{2^i} \leq n \sum_{i=0}^{\infty} \left(\frac{1}{2}\right)^i = 2n$$

Quindi il costo ammortizzato di una singola operazione è $\frac{T(n)}{n} \leq \frac{2n}{n} = 2 = O(1)$.

### 8.1.2 Metodo degli accantonamenti

Si assegna un costo ammortizzato *potenzialmente* distinto ad ogni operazione possibile.
Il costo ammortizzato può essere diverso dal costo effettivo, le operazioni meno costose vengono caricate di un costo aggiuntivo detto "**credito**", i crediti accumulati sono usati per pagare le operazioni più costose.

**Obbiettivi** L'obbiettivo è dimostrare che la somma dei costi ammortizzati $a_i$ è un limite superiore ai costi effettivi $c_i$ e che il valore così ottenuto è "poco" costoso. Dunque:

$$\sum_{i=1}^{n} c_i \leq \sum_{i=1}^{n} a_i$$

Da notare che la dimostrazione deve valere per tutte le sequenze (caso pessimo) e il credito dopo l'operazione $t$-esima è espresso dalla seguente formula:

$$\sum_{i=1}^{t} a_i - \sum_{i=1}^{t} c_i \geq 0$$

Denotando il costo effettivo dell'operazione increment : $d$ dove $d$ è il numero di bit che vengono cambiati, il costo ammortizzato è 2 in quanto 1 per il cambio di un bit da 0 a 1 e 1 per il cambio di un bit da 1 a 0. Allora ne consegue che:

- In ogni istante, il credito è pari al numero di bit a 1.
- Il costo totale è un $O(n)$.
- Il costo ammortizzato di una singola operazione è $O(1)$.

### 8.1.3 Metodo del potenziale

Come anticipato il metodo del potenziale prevede l'utilizzo di una funzione di potenziale $\Phi$ che associa ad uno stato $S$ della struttura data la "quantità di lavoro" $\Phi(S)$ che è stato contabilizzato nell'analisi ammortizzata, ma non ancora eseguito. Con un parallelismo tratto dalla "fisica" $\Phi(S)$ rappresenta la quantità di energia potenziale che è stata accumulata nello stato $S$ e che può essere liberata in futuro.

**Costo Ammortizzato** Il costo ammortizzato di un'operazione $a_i$ è definito come:

$$a_i = c_i + \Phi(S_i) - \Phi(S_{i-1})$$

dove $c_i$ è il costo reale dell'operazione $a_i$ e $S_i$ è lo stato associato alla $i$-esima operazione.
Il costo ammortizzato di una sequenza di operazioni è definito come:

$$\begin{aligned}
A =& \sum_{i=1}^{n} a_i \\
=& \sum_{i=1}^{n} (c_i + \Phi(S_i) - \Phi(S_{i-1})) \\
=& \underbrace{\sum_{i=1}^{n} c_i}_{C} + \sum_{i=1}^{n} (\Phi(S_i) - \Phi(S_{i-1})) \\
=& C + \Phi(S_1) - \Phi(S_0) + \Phi(S_2) - \Phi(S_1) + \ldots + \Phi(S_n) - \Phi(S_{n-1}) \\
=& C + \Phi(S_n) - \Phi(S_0)
\end{aligned}$$

Se la variazione di potenziale è non negativa, allora il costo ammortizzato $A$ è un limite superiore al costo reale $C$.

**Analisi del Contatore Binario** Scegliamo come funzione potenziale $\Phi$ il numero di bit a 1 nel contatore binario. Allora nell'operazione increment() definiamo $t$ come il numero di bit a 1 incontrati a partire da $A[0]$. Il costo effettivo dell'operazione è $1 + t$, la variazione di potenziale è $1 - t$ e il costo ammortizzato è $1 + t + 1 - t = 2$. In quanto di "media" il costo di un'operazione è 2 e il costo totale di $n$ operazioni è $2n$ il costo ammortizzato di una singola operazione è $O(1)$.

## 8.2 Vettori Dinamici

Il problema della gestione di un vettore dinamico è uno dei problemi più comuni in informatica.

### 8.2.1 Inserimento

La dimensione di un vettore è fissa e se si vuole aggiungere un elemento in coda al vettore, se il vettore è pieno, bisogna allocare dello spazio aggiuntivo. In un vettore inoltre il costo di un inserimento nella posizione $n$ è $O(n)$ in quanto bisogna spostare tutti gli elementi di una posizione, mentre il costo di un inserimento in coda è $O(1)$ e quindi prediligiamo l'inserimento in coda.

**Soluzione** Si può risolvere il problema allocando alla necessità un vettore di dimensione maggiore (di quanto maggiore?) e copiando gli elementi del vettore originale nel nuovo vettore. E.G. `java.util.Vector`, `java.util.ArrayList`.
Anche se possano sembrare simili uno di questi due metodi è più efficiente dell'altro:

- `java.util.Vector` una un incremento fisso della dimensione del vettore, ad esempio di 10 elementi.
- `java.util.ArrayList` raddoppia la dimensione del vettore.

Ora è vero che il costo di raddoppio è maggiore rispetto all'incremento fisso, ma in quanto a lungo andare il costo del raddoppio è ammortizzato su $n/2$ operazioni, il costo ammortizzato di un inserimento è $O(1)$. Questo è dimostrabile e esplicabile dalla seguente funzione:

$$c_i = \begin{cases} i & \exists k \in \mathbb{Z}_0^+ : i = 2^k + 1 \\ 1 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Il costo totale dell'inserimento è quindi $T(n) = \sum_{i=1}^{n} c_i = O(n)$ e il costo ammortizzato di un inserimento è $\frac{T(n)}{n} = \frac{O(n^{(1)})}{\not{n}} = O(1)$.

### 8.2.2 Cancellazione - e qui le cose si complicano

Prima di analizzare il costo ammortizzato della cancellazione bisogna chiedersi:

- Quanto costa togliere un elemento da un vettore?
- Quanto costa togliere un elemento da un vettore **non ordinato**?

Il costo di una cancellazione in un vettore ordinato è $O(n)$ in quanto bisogna spostare tutti gli elementi di una posizione, mentre il costo di una cancellazione in un vettore non ordinato è $O(1)$ in quanto si può spostare l'ultimo elemento al posto dell'elemento da cancellare.
Detto ciò necessitiamo di ridurre la dimensione del vettore per evitare sprechi di memoria, ma quale è il **fattore di carico** $\alpha = \frac{\text{dim}}{\text{capacità}}$ che dobbiamo considerare? (Considerando che quando contraiamo il vettore dobbiamo allocare un nuovo vettore, copiare gli elementi e de-allocare il vecchio vettore).

**Strategia Banale** Una strategia banale è quella di ridurre la dimensione del vettore quando $\alpha \leq \frac{1}{2}$ il che sembrerebbe una strategia ragionevole, ma in realtà non lo è. Infatti quando consideriamo la cancellazione per la definizione di analisi ammortizzata dobbiamo considerare il caso pessimo nel quale le istruzioni vengono eseguite, finché esiste una sola istruzione che può essere eseguita allora eseguire $n$ operazione ha solo un caso che quindi coincide con il caso pessimo. Se invece consideriamo due istruzioni (inserimento e cancellazione) allora con un fattore di carico $\alpha = \frac{1}{2}$ abbiamo un caso pessimo che si presenta come segue:

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Ops: | I | I | I | I | I | R | I | R | I | R | I | R | I |
| Dim: | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 4 | 5 | 4 | 5 | 4 | 5 | 4 | 5 |
| Cap: | 8 | 8 | 8 | 8 | 8 | 4 | 8 | 4 | 8 | 4 | 8 | 4 | 8 |

Sostanzialmente in questo caso pessimo ad ogni operazione di cancellazione si ha un costo $O(k)$ in quanto bisogna copiare tutti gli elementi nel nuovo vettore.

**Strategia Ottimale** La strategia ottimale è quella di ridurre la dimensione del vettore quando $\alpha \leq \frac{1}{4}$, in quanto in questo modo il costo ammortizzato di una cancellazione è $O(1)$. Infatti se consideriamo il caso pessimo in cui ad ogni cancellazione si riduce la dimensione del vettore, il costo totale di $n$ operazioni è $O(n)$ e il costo ammortizzato di una singola operazione è $O(1)$.

#### Funzione di potenziale

Possiamo definire una funzione di potenziale $\Phi$ come segue:

$$\Phi = \begin{cases} 2 \cdot \text{dim} - \text{cap} & \alpha \geq \frac{1}{2} \\ \text{cap}/2 - \text{dim} & \alpha \leq \frac{1}{2} \end{cases}$$

Quindi il carico dopo una espansione/contrazione sarà $\alpha = \frac{1}{2}$ con $\Phi = 0$
Prima di una espansione $\alpha = 1$ con $\Phi = \text{dim}$
Prima di una contrazione $\alpha = \frac{1}{4}$ dunque capacità $= 4 \cdot \text{dim}$ con $\Phi = \text{dim}$.

Di seguito un grafico della funzione di potenziale $\Phi$ insieme al variare della dimensione *size* e alla capacità *capacity*.

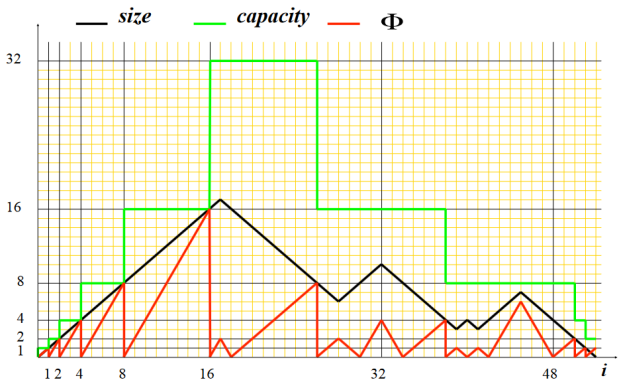



Figura 8.1: Grafico della funzione di potenziale $\Phi$

# Capitolo 9

# Strutture dati speciali

## 9.1 Code con priorità

### 9.1.1 Introduzione

Una coda con priorità è una struttura dati astratta, simile ad una coda, in cui ogni elemento ha un valore di priorità associato. Le code con priorità possono essere divise in *Min-Priority Queue* e *Max-Priority Queue*, a seconda che l'elemento con la priorità più bassa o più alta sia quello che viene estratto per primo.

#### Operazioni Permesse

Sono permesse le operazioni di inserimento in coda, estrazione dell'elemento con la priorità più alta e la modifica della priorità di un elemento.

#### Specifica

**Algorithm 55** MinPriorityQueue

PriorityQueuePriorityQueue(**int** $n$) ▷ Crea una coda con capacità massima $n$, vuota

**boolean** IsEmpty ▷ Restituisce **true** se la coda è vuota, **false** altrimenti

Item Min ▷ Inserisce l'elemento Item $x$ con priorità **int** $p$ minima

Item deleteMin ▷ Restituisce l'elemento con priorità minima

PriorityItem Insert(Item $x$, **int** $p$) ▷ Inserisce l'elemento Item $x$ con priorità **int** $p$

DecreaseKey(PriorityItem $x$, **int** $p$) ▷ Modifica la priorità dell'elemento PriorityItem $x$ a **int** $p$

#### Reality Check - simulatore *event-drivven*

Un esempio di utilizzo delle code con priorità è la simulazione di un sistema *event-driven*, in cui gli eventi con un timestamp associato, sono inseriti in coda con priorità in base al tempo di esecuzione. Ogni evento può generarne altri con timestamp arbitrati. Una coda *min-priority* è perfetta per questo tipo di simulazione in quanto possiamo estrarre l'evento con timestamp minore.

#### Altre applicazioni

ALtre applicazioni includono:

- Algoritmo di Dijkstra
- Codifica di Huffman
- Algoritmo di Prim per gli alberi di copertura di peso minimo

#### Implementazioni

Le code con priorità possono essere implementate con diverse strutture dati, di seguito una tabella riassuntiva con le relative complessità:

| Metodo | Lista/Vettore non ordinato | Vettore ordinato | Lista ordinata | Albero `RB` |
|---|---|---|---|---|
| min() | $O(n)$ | $O(1)$ | $O(1)$ | $O(\log(n))$ |
| deleteMin() | $O(n)$ | $O(n)$ | $O(1)$ | $O(\log(n))$ |
| insert() | $O(n)$ | $O(n)$ | $O(n)$ | $O(\log(n))$ |
| decreaseKey() | $O(n)$ | $O(\log(n))$ | $O(n)$ | $O(\log(n))$ |

Spesso per la memorizzazione viene usata la memoria *heap* che è una struttura dati speciale che associa i vantaggi di un albero per l'esecuzione ($O(\log(n))$) ed inoltre prende i vantaggi di un vettore.

### 9.1.2 Vettore *Heap*

#### Alberi binari

**Definizione 9.1** (Albero binario perfetto)**.** Si definisce **albero binario perfetto** un albero binario che rispetti tutte le seguenti condizioni:

- Tutte le foglie hanno la stessa profondità $h$
- Tutti i nodi interni hanno esattamente grado 2
- Dato il numero di nodi $n$, ha altezza $h = \lfloor \log_2(n) \rfloor$
- Data l'altezza $h$, ha $n = 2^{h+1} - 1$ nodi

**Definizione 9.2** (Albero binario completo)**.** Si definisce **albero binario completo** un albero binario che rispetti tutte le seguenti condizioni:

- Tutte le foglie hanno profondità $h$ o $h - 1$
- Tutti i nodi al livello $h$ sono "accatastati a sinistra"
- Tutti i nodi interni hanno grado 2 eccetto al più un solo nodo con grado 1
- Dato il numero di nodi $n$, ha altezza $h = \lfloor \log_2(n) \rfloor$

#### Alberi binari *heap*

**Definizione 9.3** (Albero {*max—min*}*-heap*)**.** Un **albero *max-heap*** o **albero *min-heap*** è un albero binario completo tale che il vettore memorizzato in ogni nodo è maggiore (minore) dei valori memorizzati nei suoi figli.

È utile notare come un albero *max-heap* non impone una relazione di **ordinamento totale** fra i figli di un nodo questo però non esclude che non sia un **ordinamento parziale**. Questo è verificabile in quanto si applica: la proprietà di **riflessività** (Ogni nodo è $\geq$ se stesso), la proprietà di **anti-simmetria** ($n \geq m \wedge m \geq n \Rightarrow n = m$) e la proprietà **transitiva** ($n \geq m \wedge m \geq p \Rightarrow n \geq p$).
Un ordinamento parziale è più debole ma più semplice da costruire.

**Vettore *heap*** Un albero *heap* può essere rappresentato tramite un **vettore *heap***. In particolare rispettiamo le seguenti regole per la memorizzazione ($A[1 \dots n]$):

**Radice** $\text{root}() = 1$

**Padre nodo** $i$ $\text{p}(i) = \lfloor \frac{i}{2} \rfloor$

**Figlio sinistro nodo** $i$ $\text{l}(i) = 2i$

**Figlio destro nodo** $i$ $\text{r}(i) = 2i + 1$

vengono rispettate le seguenti proprietà: su un albero *max-heap* $A[i] \geq A[\text{l}(i)]$ e $A[i] \geq A[\text{r}(i)]$. Su un albero *min-heap* $A[i] \leq A[\text{l}(i)]$ e $A[i] \leq A[\text{r}(i)]$.

### 9.1.3 *HeapSort*

L'algoritmo *HeapSort* è un algoritmo di ordinamento *in-place* che sfrutta un *max-heap* nel vettore e sposta l'elemento più grande in fondo al vettore. L'algoritmo è composto da due fasi: heapBuild() e maxHeapRestore().

**Funzione** maxHeapRestore()

L'algoritmo maxHeapRestore() prende in input un vettore $A$ ed un indice $i$ tale per cui gli alberi binari con radici $\text{l}(i)$ e $\text{r}(i)$ siano *max-heap*. Notare come ciò non esclude il fatto che $A[i]$ sia minore di $A[\text{l}(i)]$ o $A[\text{r}(i)]$. L'algoritmo maxHeapRestore() ha come obbiettivo quello di modificare *in-place* il vettore $A$ in modo che l'albero con radice $i$ sia un *max-heap*.

**Algorithm 56** MAXHEAPRESTORE(ITEM [] $A$, **int** $i$, **int** $dim$)

```
int max ← i
if l(i) ≤ dim & A[l(i)] > A[max] then
    int max ← l(i)
if r(i) ≤ dim & A[r(i)] > A[max] then
    int max ← r(i)
if max ≠ i then
    SWAP(A, i, max)
    MAXHEAPRESTORE(A, max, dim)
```

**Complessità** La complessità dell'algoritmo maxHeapRestore() dove, ad ogni chiamata vengono eseguiti $O(1)$ confronti, se il nodo $i$ non è il massimo si chiama ricorsivamente maxHeapRestore() su uno dei due figli, l'esecuzione termina quando si raggiunge una foglia ed l'altezza dell'albero è $\lfloor \log(n) \rfloor$. Allora la complessità è $O(\log(n))$ in quanto il numero massimo di chiamate ricorsive è $T(n) = O(\log(n))$.

**Dimostrazione della correttezza dell'algoritmo**

**Teorema 9.1.** Al termine dell'esecuzione, l'albero radicato in $A[i]$ rispetta la proprietà di *max-heap*.

*Dimostrazione.* La dimostrazione è per induzione sull'altezza $h$ dell'albero:
**Base** ($h = 0$): l'albero è una foglia e rispetta la proprietà di *max-heap*.
**Induzione** ($\forall i \leq h \rightarrow A[i]$ albero radicato rispetta la proprietà di *max-heap*): Si distinguono 2 casi:

- $A[i] \geq [A[\text{l}(i)]$ e $A[i] \geq A[\text{r}(i)]$: l'albero radicato in $A[i]$ rispetta la proprietà di *max-heap*
- $A[i] < A[\text{l}(i)]$ e $A[i] > A[\text{r}(i)]$: si scambia $A[i]$ con $A[\text{l}(i)]$ dopo lo scambio siamo sicuri che $A[i] \geq A[\text{l}(i)], A[i] \geq A[\text{r}(i)]$ allora il sotto-albero $A[\text{r}(i)]$ è inalterato e rispetta la proprietà *heap*, il sotto-albero $A[\text{l}(i)]$ potrebbe non rispettare la proprietà *heap* e quindi si chiama ricorsivamente maxHeapRestore() su $A[\text{l}(i)]$, questo ha altezza minore di $h$ e quindi dopo la chiamata rispetta la proprietà di *max-heap*.
- Il caso simmetrico si dimostra in modo analogo.

Per il principio di induzione, il corretto funzionamento dell'algoritmo è dimostrato. □

**Funzione** heapBuild()

Il principio di funzionamento dell'algoritmo heapBuild() è così descrivibile: a partire da un vettore $A[1 \dots n]$ da ordinare, dove tutti i nodi $A\left[\left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor + 1 \dots n\right]$ sono foglie dell'albero e quindi *heap* contenenti 1 elemento. La procedura heapBuild() attraversa i nodi restanti da $\left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor$ a 1 ed esegue maxHeapRestore() su ogni nodo.

**Algorithm 57** HEAPBUILD(ITEM [] $A$, **int** $n$)

```
for i ← ⌊n/2⌋ to 1 do
    MAXHEAPRESTORE(A, i, n)
```

*Dimostrazione.* Quando viene eseguito l'algoritmo heapBuild() si ha che all'inizio di ogni interazione del ciclo `for` i nodi $[i+1 \dots n]$ sono radice di un *heap*.
All'inizio del ciclo "prendiamo" $i = \lfloor \frac{n}{2} \rfloor$, supponendo che $\lfloor \frac{n}{2} \rfloor + 1$ non sia una foglia, allora ha almeno un figlio sinistro che sarà allocato in posizione $2\lfloor \frac{n}{2} \rfloor + 2$ ovvero $n+1$ o $n+2$ il che è un assurdo in quanto $n$ è la dimensione massima del nostro vettore. Allora $\lfloor \frac{n}{2} \rfloor + 1$ è una foglia e quindi un *heap* di un solo elemento. Possiamo applicare l'algoritmo maxHeapRestore() sul nodo $i$ in quanto $2i < 2i+1 \leq n$ e questi sono entrambi radici di un *heap*. Quando l'algoritmo termina tutti i nodi $[i \dots n]$ sono radici di un *heap* rendendo il nodo 1 la radice di un *heap* e quindi $A$ un *heap* completo. □

**Complessità** La complessità dell'algoritmo heapBuild(), data dal numero di chiamate a maxHeapRestore() è $O(n \log n)$ in quanto il numero di chiamate a maxHeapRestore() và da $\lfloor \frac{n}{2} \rfloor$ a 1 il che anche se minore di $n$ è comunque $O(n)$. Inoltre la complessità di maxHeapRestore() è $O(\log n)$. Il che porta ad una complessità totale di $O(n \log n)$.

**Funzione** heapSort()

Una volta costruito l'*heap* grazie alle funzioni heapBuild() e maxHeapRestore() possiamo assembrale l'algoritmo di ordinamento *HeapSort*.

**Principio di funzionamento** *HeapSort* si basa sul fatto che il primo elemento contenga il massimo, viene quindi scambiato con l'ultimo elemento, viene quindi eseguito maxHeapRestore() sui nodi $[1 \dots i-1]$, dove $i$ è un contatore da $n$ a 2, si ripete il processo fino a che non si arriva a 2.

**Algorithm 58** HEAPSORT(ITEM [] $A$, **int** $n$)

```
HEAPBUILD(A, n)
for i ← n downto 2 do
    SWAP(A, 1, i)
    MAXHEAPRESTORE(A, 1, i − 1)
```

**Complessità** In quanto l'algoritmo heapBuild() ha complessità $\Theta(n)$, l'algoritmo heapMaxRestore() ha complessità $\Theta(\log i)$, allora possiamo esprimere la complessità dell'algoritmo *HeapSort* come:

$$T(n) = \sum_{i=2}^{n} \log i + \Theta(n) = \Theta(n \log n)$$

Dunque la complessità dell'algoritmo *HeapSort* è $\Theta(n \log n)$.

### 9.1.4 Implementazione code con priorità

Di seguito viene riportata una possibile implementazione di una coda con priorità utilizzando un *min-heap*, e dunque minHeapRestore().

#### Memorizzazione

**Algorithm 59** PRIORITYITEM

```
int priority                                   ▷ Priorità
ITEM item                                      ▷ Elemento
int pos                                        ▷ Posizione nel vettore heap
```

**Algorithm 60** swap(PRIORITYITEM[]$H$, **int** $i$, **int** $j$)

```
PRIORITYITEM temp ← H[i]
H[i] ← H[j]
H[j] ← temp
H[i].pos ← i
H[j].pos ← j
```

#### Inizializzazione

**Algorithm 61** PRIORITYQUEUE

```
int capacity                                   ▷ Numero massimo di elementi nella coda
int dim                                        ▷ Numero di elementi attualmente nella coda
PRIORITYITEM[] H                               ▷ Vettore heap
PRIORITYQUEUE
function PRIORITYQUEUE(int n)
    PRIORITYQUEUE t = new PRIORITYQUEUE
    t.capacity ← n
    t.dim ← 0
    t.H ← new PRIORITYITEM[1 ... n]
    return t
```

#### Inserimento

**Algorithm 62** PRIORITYITEM insert(ITEM $x$, **int** $p$)

```
precondition dim < capacity
dim ← dim + 1
H[dim] = new PRIORITYITEM
H[dim].value ← x
H[dim].priority ← p
H[dim].pos ← dim
int i ← dim
while i > 1 & H[i].priority < H[p(i)].priority do
    SWAP(H, i, p(i))
    i ← p(i)
return H[i]
```

`minHeapRestore()`

**Algorithm 63** minHeapRestore(PRIORITYITEM[] $A$, **int** $i$, **int** $dim$)

```
int min ← i
if l(i) ≤ dim & A[l(i)].priority < A[min].priority then
    int min ← l(i)
if r(i) ≤ dim & A[r(i)].priority < A[min].priority then
    int min ← r(i)
if min ≠ i then
    SWAP(A, i, min)
    MINHEAPRESTORE(A, min, dim)
```

**Cancellazione e/o Lettura minimo**

**Algorithm 64** ITEM deleteMin()

```
precondition dim > 0
SWAP(H, 1, dim)
dim ← dim − 1
MINHEAPRESTORE(H, 1, dim)
return H[dim + 1].value
```

**Algorithm 65** ITEM min()

```
precondition dim > 0
return H[1].value
```

**Decremento della priorità**

**Algorithm 66** decrease(PRIORITYITEM $x$, **int** $p$)

```
precondition p < x.priority
x.priority ← p
int i ← x.pos
while i > 1 & H[i].priority < H[p(i)].priority do
    SWAP(H, i, p(i))
    i ← p(i)
```

**Complessità**

Da notare come tutte le operazioni che modificano gli *heap* lasciano inalterata la correttezza della struttura dati, questo o lungo un cammino radice-foglia nel caso della funzione `deleteMin`() o lungo un cammino foglia-radice nel caso delle funzioni `insert`() e `decrease`(). In quanto l'altezza è $\lfloor \log n \rfloor$ la complessità di "sistemare" l'*heap* è $O(\log n)$. Da questo possiamo dire che le operazioni sul *heap* seguono la seguente complessità:

| Operazione | Complessità |
|---|---|
| `insert`() | $O(\log n)$ |
| `deleteMin`() | $O(\log n)$ |
| `min`() | $\Omega(1)$ |
| `decrease`() | $O(\log n)$ |

# Parte II

# Secondo Semestre

# Capitolo 10

# Programmazione Dinamica

La tecnica della programmazione dinamica, come per la tecnica *divide-et-impera*, è una tecnica di risoluzione di problemi andando ad dividere il problema in più sotto-problemi, questo però con la differenza che nella programmazione dinamica esiste la possibilità che uno o più sotto-problemi siano uguali tra loro, in questo caso si può sfruttare la tecnica della *memorizzazione* per evitare di ricalcolare più volte lo stesso sotto-problema. Idealmente la soluzione a questo problema è quella di memorizzare i risultati dei sotto-problemi in una tabella, in modo da poterli riutilizzare successivamente, e il *lookup* nella tabella deve essere in tempo $O(1)$.

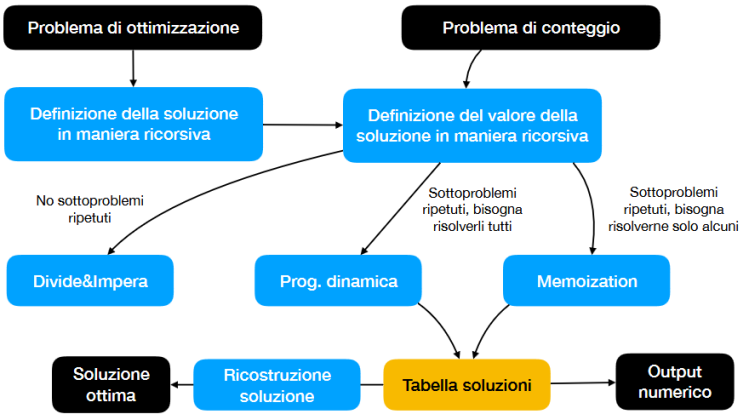



Figura 10.1: Grafico dei passi da eseguire sulla base del tipo di problema

**Approccio Generale** Se il problema è del tipo di "ottimizzazione" allora rispetto ai problemi del tipo "conteggio" deve essere definita una soluzione in maniera ricorsiva "di base" e una funzione di transizione che permetta di passare da un sotto-problema ad un altro. Fatto questo và definito il valore della soluzione in maniera ricorsiva se affrontando il calcolo non vengono rinvenuti sotto-problemi uguali, allora si usa la tecnica *divide-et-impera*, altrimenti usiamo o la programmazione dinamica nel caso nel quale tutti i sotto-problemi vadano risolti, oppure la tecnica della *memorization* nel caso nel quale non tutti i sotto-problemi vadano risolti.
Negli ultimi due casi non viene fornita immediatamente la soluzione, infatti viene prodotta una "tabella delle soluzioni" che nel caso dei problemi di conteggio conterrà il numero di soluzioni, mentre nel caso dei problemi di ottimizzazione bisognerà ricostruire la soluzione a partire dalla tabella delle soluzioni per ottenere la soluzione ottima.

## 10.1 Primi Problemi

Dopo aver visto l'approccio generale alla programmazione dinamica, vediamo ora alcuni problemi che possono essere risolti con questa tecnica.

### 10.1.1 Domino

Il problema del domino è un problema di conteggio, in cui si vuole contare il numero di modi in cui si possono posizionare $n$ tessere di domino in una scacchiera $2 \times n$ in modo che tutte le celle siano coperte da una tessera di domino. Ad esempio nel caso di $n = 4$ allora il numero di modi in cui si possono posizionare le tessere è 5.

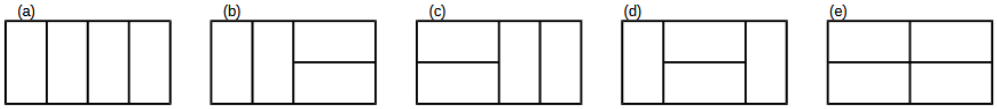



Figura 10.2: Esempio di posizionamento delle tessere di domino per il caso $n = 4$

#### Definizione ricorrenza

Definiamo una formula ricorsiva $DP[n]$ che definisce il numero di disposizioni possibili con $n$ tessere.

**Casi Base** Per fare ciò dobbiamo stabilire dei "casi base". Infatti per $n = 0, 1$ allora esiste solo 1 disposizione possibile.

**Casi ricorsivi** Possiamo notare come nel caso nel quale posizionassimo l'ultima tessera in verticale allora le altre precedenti saranno disposte come per il caso $n - 1$, mentre se la posiziono in orizzontale allora le precedenti saranno disposte come per il caso $n - 2$ in quanto la penultima tessera deve essere posizionata in verticale. Dunque il caso $n$ sarà composto dal caso $n - 1$ e dal caso $n - 2$.

**Formula Ricorsiva** La formula ricorsiva sarà dunque:

$$DP[n] = \begin{cases} 1 & n \leq 1 \\ DP[n-1] + DP[n-2] & n > 1 \end{cases}$$

inoltre l'algoritmo "naive" per risolvere il problema ha la seguente struttura:

**Algorithm 67** **int** `domino1`(**int** $n$)

```
if n ≤ 1 then
    return 1
return domino1(n − 1) + domino1(n − 2)
```

Questo ha come equazione di ricorrenza:

$$T(n) = \begin{cases} 1 & n \leq 1 \\ T(n-1) + T(n-2) + 1 & n > 1 \end{cases}$$

che ha complessità $O(2^n)$.
Sviluppando l'albero per il caso $n = 6$ notiamo come il problema per $n = 4$ venga calcolato 2 volte, per $n = 3$ 3 volte e per $n = 2$ 5 volte, per $n = 1$ 8 volte e per $n = 0$ 5 volte. Questo ci fa capire che questa ripetizione dei calcoli potrebbe essere evitata in qualche modo.

**Tabella** $DP$ Per migliorare l'efficienza dell'algoritmo possiamo usare una tabella $DP$ che memorizzi i risultati dei sotto-problemi, in modo da non doverli ricalcolare ogni volta. Oppure in questo caso possiamo usare una interazione *bottom-up* per calcolare i risultati dei sotto-problemi, partendo dai casi base fino ad arrivare al caso $n$.

**Algorithm 68 int** `domino2`(**int** $n$)

```
DP = new int [0...n]
DP[0] = DP[1] = 1
for i = 2 to n do
    DP[i] = DP[i − 1] + DP[i − 2]
return DP[n]
```

Questa sicuramente è una soluzione in tempo molto più efficiente, infatti ha complessità $\Theta(n)$, in termini di spazio ha complessità $\Theta(n)$.
Possiamo migliorare ulteriormente l'algoritmo? In termini di tempo è infattibile in quanto dobbiamo comunque calcolarci **tutti** i sotto-problemi, ma in termini di spazio per calcolare il valore di $DP[i]$ abbiamo bisogno solo dei valori di $DP[i-1]$ e $DP[i-2]$, gli altri valori non ci servono più. Riscriviamo l'algoritmo con l'ultima considerazione:

**Algorithm 69 int** `domino3`(**int** $n$)

```
int DP_0 = 1
int DP_1 = 1
int DP_2 = 1
for i = 2 to n do
    DP_0 = DP_1
    DP_1 = DP_2
    DP_2 = DP_0 + DP_1
return DP_2
```

Dunque abbiamo ottenuto un algoritmo con complessità $\Theta(n)$ e spazio $\Theta(1)$... Notiamo però che la serie tende ad un valore che è la sequenza di Fibonacci, la quale ha una crescita più che esponenziale, infatti la formula chiusa per la sequenza di Fibonacci è:

$$F_n = \frac{\left(\frac{1+\sqrt{5}}{2}\right)^n - \left(\frac{1-\sqrt{5}}{2}\right)^n}{\sqrt{5}}$$

Ma allora "più andiamo avanti più ci servirà del tempo per spostare nello spazio di memoria i valori di $DP$". Quindi realmente la complessità dell'algoritmo seguendo il modello logaritmico per la complessità spaziale non è $\Theta(1)$ ma $\Theta(n)$. Questo vale anche per le altre soluzioni, infatti:

| Funzione | Complessità Spaziale | Complessità Temporale |
|---|---|---|
| `domino1` | $O(n^2)$ | $O(n2^n)$ |
| `domino2` | $O(n^2)$ | $O(n^2)$ |
| `domino3` | $O(n)$ | $O(n^2)$ |

### 10.1.2 *Hateville*

*Hateville* è un villaggio composto da $n$ case, ed ognuno dei cittadini ($i$) di *Hateville* odia i suoi vicini ($i-1$, $i+1$). Ogni cittadino donerà per la sagra del paese un certo importo, ma non vuole donare se almeno uno dei suoi vicini dona.

**Problema** A noi il compito di calcolare il massimo importo che si può raccogliere, stabilendo, anche, quali sono le case che devono donare.

**Soluzione**

Stabiliamo innanzitutto se è possibile stabilire una definizione ricorsiva del problema, e che se la casa $i$ dona allora la casa $i-1$ e $i+1$ non possono donare.

**Definizione ricorsiva** Sia $HV(i)$ con $i \in [1,n]$ il massimo importo che si può raccogliere se si considerano le case da 1 a $i$. Allora $HV(n)$ sarà il massimo importo che si può raccogliere.

**Caso ricorsivo** Se non accetto la donazione della casa $i$ allora la casa $i-1$ può donare ed il problema è uguale al problema $HV(i-1)$. Se invece accetto la donazione della casa $i$ allora la casa $i-1$ non può donare e dunque la soluzione sarà $HV(i-2) \cup \{i\}$. Dato che noi vogliamo massimizzare il profitto allora sceglieremo $HV(i) = \text{highest}(HV(i-1), HV(i-2) \cup \{i\})$.[1]
Da notare come il seguente approccio non esclude il fatto che ci possano essere più di una soluzione ottima, infatti non nel seguente problema non esiste una soluzione ottimale ma un insieme di soluzioni ottime.[2]

**Casi Base** Nel caso in cui $i = 0$ allora non esistono case e quindi $HV(0) = \emptyset$, mentre nel caso in cui $i = 1$ allora la casa 1 può donare e quindi $HV(1) = \{1\}$.

**Formula Ricorsiva** La formula ricorsiva sarà dunque:

$$HV(i) = \begin{cases} \emptyset & i = 0 \\ \{1\} & i = 1 \\ \text{highest}(HV(i-1), HV(i-2) \cup \{i\}) & i > 1 \end{cases}$$

**Dimostrazione della ricorrenza**

Sia $P_i$ il problema dato dalle prime $i$ case, sia $S_i$ usa delle soluzioni ottime per il problema $P_i$ e sia $||S|| = \sum_{j \in S} D[k]$ il totale delle donazione di un qualsiasi insieme $S$ di case.

**Caso 1:** $i \notin S_i$ Allora $S_i$ è una soluzione ottima anche epr $P_{i-1}$ in quanto se così lo fosse stato allora esisterebbe una soluzione $S'_{i-1}$ per il problema $P_{i-1}$ tale che $||S'_{i-1}|| > ||S_i||$ il che non è verificato in quanto $S'_{i-1}$ dovrebbe essere soluzione anche per $P_i$ e che $||S'_{i-1}|| > ||S_i||$.

**Caso 2:** $i \in S_i$ Allora $S_i \setminus \{i\}$ è una soluzione ottima per il problema $P_{i-2}$ in quanto se così non fosse allora esisterebbe una soluzione $S'_{i-2}$ per il problema $P_{i-2}$ tale che $||S'_{i-2}|| > ||S_i \setminus \{i\}||$ il che non è verificato in quanto $S'_{i-2}$ dovrebbe essere soluzione anche per $P_i$ e che $||S'_{i-2} \cup \{i\}|| > ||S_i||$, ma questo è in contraddizione con l'ipotesi che $S_i$ sia soluzione ottima per $P_i$.

**Passaggio ad algoritmo**

Una volta definita la formula ricorsiva possiamo passare ad un algoritmo che calcoli il massimo importo che si può raccogliere, ma l'approccio *divide-et-impera* non è il migliore in questo caso, dobbiamo come per il caso del domino calcolare più volte dei sotto-problemi, dunque usiamo la programmazione dinamica.
Memorizzare il risultato dei sotto-problemi è abbastanza complesso in quanto necessitiamo di memorizzare un insieme di indici. Per la soluzione della prima parte del problema possiamo usare un array $DP$ che memorizzi il massimo importo che si può raccogliere fino alla casa $i$, questo sarà più semplice da implementare ed anche più efficiente. Dunque l'equazione di ricorrenza sarà:

$$DP[i] = \begin{cases} 0 & i = 0 \\ D[1] & i = 1 \\ \max(DP[i-1], DP[i-2] + D[i]) & i > 1 \end{cases}$$

[1] Uso highest e non max in quanto sto trattando di insiemi di indici di case e non di valori numerici.
[2] Ed a questo punto sarebbe cosa buona sapere la differenza tra soluzione ottima e soluzione ottimale.

L'algoritmo iterativo corrispondente sarà:

**Algorithm 70** **int** `hateville`(**int** $n$, **int** $D[1 \dots n]$)

```
int [] DP = new int [0...n]
DP[0] = 0
DP[1] = D[1]
for i = 2 to n do
    DP[i] = max(DP[i − 1], DP[i − 2] + D[i])
return DP[n]
```

A questo punto abbiamo trovato l'algoritmo per ottenere il valore della soluzione massimale ma non la soluzione in se.

**Ricostruzione della soluzione** Notiamo che il valore di $DP[i]$ deriva da $DP[i] = DP[i-1]$ nel primo caso ed $DP[i] = DP[i-2]+D[i]$ nel secondo, dunque nel primo caso prendiamo la soluzione senza aggiungere nulla, mentre nel secondo aggiungiamo $i$. Dunque possiamo ricostruire la soluzione iterando all'indietro e controllando se il valore di $DP[i]$ deriva da $DP[i-1]$ o da $DP[i-2] + D[i]$.

**Algorithm 71** SET `hateville`(**int** $n$, **int** $D[1 \dots n]$)

```
[...]
return SOLUTION(DP, D, n)
```

**Algorithm 72** SET `solution`(**int** [] $DP$, **int** $D[1 \dots n]$, **int** $i$)

```
if i == 0 then
    return ∅
else if i == 1 then
    return {1}
else if DP[i] == DP[i − 1] then
    return SOLUTION(DP, D, i − 1)
else
    SET sol = SOLUTION(DP, D, i − 2)
    sol.INSERT(i)
    return sol
```

L'algoritmo `solution()` ha complessità $\Theta(n)$ in merito al tempo, mentre la complessità di `hateville()` è $\Theta(n)$ in merito al tempo e $\Theta(n)$ in merito allo spazio, se sussiste la necessità di ricostruire la soluzione allora non è possibile ridurre la complessità spaziale.

### 10.1.3 Zaino (*Knapsack*)

Il problema dello zaino è un problema di ottimizzazione, in cui si ha uno zaino con una capacità massima $C$ ed lo scopo è quello di riempire lo zaino con oggetti di valore massimo, ma la somma dei pesi degli oggetti non deve superare la capacità dello zaino.
Si ha quindi in input un vettore $w$ dove $w[i]$ è il peso dell'oggetto $i$ ed un vettore $p$ dove $p[i]$ è il profitto dell'oggetto $i$ ed un intero $C$ che rappresenta la capacità dello zaino. L'algoritmo deve restituire un insieme $S \subseteq \{1, \dots, n\}$ tale che $w(S) = \sum_{i \in S} w[i] \leq C$ e $\text{argmax}_S\, p(S) = \sum_{i \in S} p[i]$.

#### Definizione Ricorsiva

Dato lo zaino di capacità $C$ e $n$ oggetti da inserire, definiamo $DP[i][c]$ come il massimo profitto che si può ottenere inserendo i primi $i$ oggetti nello zaino di capacità $c$. Dunque $DP[n][C]$ sarà il massimo profitto che si può ottenere inserendo tutti gli oggetti nello zaino. (Con $i \leq n \wedge c \leq C$)

**Parte ricorsiva** Come per il precedente problema distinguo se inserire o meno l'oggetto $i$ nello zaino. Se non lo inserisco allora il profitto sarà $DP[i][c] = DP[i-1][c]$, mentre se lo inserisco allora il profitto sarà $DP[i][c] = DP[i-1][c-w[i]] + p[i]$. Anche qui dovrò scegliere il massimo tra i due valori: $DP[i][c] = \max(DP[i-1][c], DP[i-1][c-w[i]] + p[i])$.

**Casi Base** Per stabilire i casi base dobbiamo stabilire il massimo profitto che si può ottenere inserendo 0 oggetti nello zaino di capacità $c$, ovvero $DP[0][c] = 0$, il massimo profitto che si può ottenere inserendo $i$ oggetti nello zaino di capacità 0, ovvero $DP[i][0] = 0$, ed il massimo profitto che si può ottenere inserendo 0 oggetti nello zaino di capacità negativa $c$, ovvero $DP[0][c] = -\infty$.

**Formula Ricorsiva** La formula ricorsiva sarà dunque:

$$DP[i][c] = \begin{cases} 0 & i = 0 \vee c = 0 \\ -\infty & c < 0 \\ \max(DP[i-1][c], DP[i-1][c-w[i]] + p[i]) & i > 0 \wedge c > 0 \end{cases}$$

**Passaggio ad algoritmo**

**Algorithm 73** **int** `knapsack`(**int** [] $w[1 \dots n]$, **int** [] $p[1 \dots n]$, **int** $n$, **int** $C$)

```
DP = new int [0...n][0...C]
for i = 0 to n do
    DP[i][0] = 0
for c = 0 to C do
    DP[0][c] = 0
for i = 1 to n do
    for c = 1 to C do
        if w[i] ≤ c then
            DP[i][c] = max(DP[i-1][c], DP[i-1][c-w[i]] + p[i])
        else
            DP[i][c] = DP[i-1][c]
return DP[n][C]
```

Visti i due cicli annidati l'algoritmo ha complessità $O(nC)$, però non è un algoritmo polinomiale, questo infatti e pseudo-polinomiale perché sono necessari $k = \lceil \log C \rceil$ `bit` per rappresentare $C$ e quindi la complessità temporale sarà $O(n2^k)$

### 10.1.4 Zaino con *memorization*

Prima di aggiungere la *memorization* all'algoritmo dello zaino, vediamo come possiamo passare ad una versione ricorsiva dell'algoritmo. La complessità computazionale di `knapsack()` ricorsiva è $O(2^n)$, in quanto

**Algorithm 74** **int** `knapsack`(**int** [] $w[1 \dots n]$, **int** [] $p[1 \dots n]$, **int** $n$, **int** $C$)

```
if c < 0 then
    return -∞
else if i = 0or c = 0 then
    return 0
else
    notTaken = KNAPSACK(w, p, i-1, c)
    taken = KNAPSACK(w, p, i-1, c-w[i]) + p[i]
    return max(notTaken, taken)
```

vi è associata la seguente equazione di ricorrenza:

$$T(n) = \begin{cases} 1 & n \leq 1 \\ 2T(n-1)+1 & n > 1 \end{cases}$$

In questa soluzione non tutti i sotto-problemi vengono risolti, infatti se $w[i] > c$ allora il problema non viene risolto, ora vediamo come possiamo passare ad una versione con *memorization*.

#### *memorization*

Per questo problema uniamo l'approccio ricorsivo di *divide-et-impera* con la tecnica della *memorization*, in modo da evitare di ricalcolare più volte lo stesso sotto-problema.
Creiamo una tabella $DP$ che inizializzata ad un valore $-1$ ci permetterà di capire se il sotto-problema è già stato risolto o meno. Inoltre la tabella $DP$ sarà di dimensione $n \times C$. Modifichiamo dunque l'algoritmo in modo da inserire la *memorization*. Questa versione aiuta a ridurre il numero di sotto-problemi che vengono

**Algorithm 75** **int** `knapsack`(**int** [] $w[1 \dots n]$, **int** [] $p[1 \dots n]$, **int** $n$, **int** $C$)

```
DP = new int [0...n][0...C]
for i = 0 to n do
    for c = 0 to C do
        DP[i][c] = −1
return knapsackRec(w, p, n, C, DP)
```

**Algorithm 76** **int** `knapsackRec`(**int** [] $w[1 \dots n]$, **int** [] $p[1 \dots n]$, **int** $i$, **int** $c$, **int** [][] $DP$)

```
if c < 0 then
    return −∞
else if i = 0or c = 0 then
    return 0
else if DP[i][c] ≠ −1 then
    return DP[i][c]
else
    notTaken = knapsackRec(w, p, i − 1, c, DP)
    taken = knapsackRec(w, p, i − 1, c − w[i], DP) + p[i]
    DP[i][c] = max(notTaken, taken)
    return DP[i][c]
```

risolti, ma non migliora la complessità computazionale dell'algoritmo, infatti la complessità computazionale in tempo è sempre $O(nC)$.

#### Dizionario/Tabella

Invece di usare una matrice $DP$ possiamo usare un dizionario che memorizzi i risultati dei sotto-problemi, il costo di inizializzazione viene omesso in quanto non necessario, come costo di esecuzione si ha un costo $O(\min(nC, 2^n))$. Questa variante permette di usare solo le caselle necessarie ed evitare calcoli inutili e quindi è più efficiente.

### 10.1.5 Variante dello Zaino senza limiti

In questa variante dello zaino non vi è un limite di quantità per ogni oggetto, ovvero si può prendere un numero illimitato di uno stesso oggetto, dunque. Verifichiamo come l'equazione $DP[i, c]$ cambia rispetto alla

variante precedente.

$$DP[i][c] = \begin{cases} 0 & i = 0 \vee c = 0 \\ -\infty & c < 0 \\ \max(DP[i-1][c], DP[i\cancel{-1}][c - w[i]] + p[i]) & i > 0 \wedge c > 0 \end{cases}$$

La seguente ha come complessità $(nC)$
Dato che abbiamo eliminato un oggetto dalla formula ricorsiva proviamo ad cerare una tabella con $DP[c]$ rimuovendo l'indice $i$ dalla tabella in quanto non dobbiamo tenere conto di quanti oggetti abbiamo preso, ma solo del profitto massimo che possiamo ottenere con una capacità $c$.

$$DP[c] = \begin{cases} 0 & c = 0 \\ \max_{w[i] \leq c}\{DP[c - w[i]] + p[i]\} & c > 0 \end{cases}$$

Questa formula ha complessità $O(nC)$ e la sua implementazione è la seguente:

**Algorithm 77** **int** knapsackRec(**int** [] $w[1 \dots n]$, **int** [] $p[1 \dots n]$, **int** $n$, **int** $C$)

```
DP = new int [0...C]
for c = 0 to C do
    DP[c] = 0
for c = 1 to C do
    int maxSoFar = 0
    for i = 1 to n do
        if w[i] ≤ c then
            int val =KNAPSACKREC(w, p, i, c − w[i], DP)+p[i]
            maxSoFar = max(maxSoFar, val)
    DP[c] = maxSoFar
return DP[c]
```

Questa ha complessità temporale $T(n) = O(nC)$ infatti nel caso pessimo è necessario riempire ogni cella della tabella $DP$, per riempire ogni singolo valore per $c$ allora è necessario $O(n)$ operazioni.
In questa versione non possiamo ricostruire la soluzione, ciò in quanto non abbiamo memorizzato gli indici degli oggetti che abbiamo preso, ma solo il profitto massimo che possiamo ottenere con una capacità $c$.

### Ricostruzione della soluzione

Per ricostruire la soluzione possiamo usare un vettore *pos* che, inizializzato ad $-1$, memorizzi l'indice dell'oggetto che ha portato al profitto massimo per una capacità $c$. In questo modo possiamo ricostruire la soluzione iterando all'indietro e prendendo l'indice dell'oggetto che ha portato al profitto massimo per la capacità $C$. La soluzione cambia come segue:

**Algorithm 78** **int** knapsack(**int** []$w[1 \dots n]$, **int** [] $p[1 \dots n]$, **int** $n$, **int** $C$)

```
int [] DP = new int [0...C] = {−1}
int [] pos = new int [0...C] = {−1}
KNAPSACKREC(w, p, n, C, DP, pos)
return SOLUTION(w, C, pos)
```

**Algorithm 79** **int** `knapsackRec`(**int** [] $w[1 \dots n]$, **int** [] $p[1 \dots n]$, **int** $i$, **int** $C$, **int** [] $DP$, **int** [] $pos$)

```
if C = 0 then
    return 0
if DP[C] < 0 then
    DP[C] = 0
    for i = 1 to n do
        if w[i] ≤ C then
            int val =KNAPSACKREC(w, p, i, C − w[i], DP, pos)+p[i]
            if val > DP[C] then
                DP[C] = val
                pos[C] = i
return DP[C]
```

**Algorithm 80** LIST `solution`(**int** [] $w$, **int** $C$, **int** [] $pos$)

```
if C == 0or pos[C] < 0 then
    return LIST ()
LIST L = SOLUTION(w, C − w[pos[C]], pos)
L.INSERT(L.HEAD(), pos[C])
return L
```

Questa lista può contenere un **multi-insieme** di indici, il che significa che un indice può essere ripetuto più volte, nel caso di capacità $C = 0$ allora la lista sarà vuota in quanto la sacca non può contenere oggetti. Se invece $pos[c] < 0$ allora la capacità $c$ non è stata raggiunta (sacca con capacità pari e pesi dispari) e quindi la lista sarà vuota.

## 10.2 Problemi più complessi su stringhe

### 10.2.1 Sotto-sequenza comune massimale

Il problema consiste nel trovare quanto due stringe sono simili tra di loro, questo può essere valutato o verificando che una sia sotto-stringa dell'altra oppure tramite delle la "distanza di *edit*" tra le due stringhe. In questo caso vediamo come calcolare la lunghezza della sotto-sequenza comune massimale tra due stringhe.

#### Definizione

Una sequenza $P$ è una sotto-sequenza di $T$ se $P$ è ottenuto da $T$ rimuovendo uno o più dei suoi elementi, oppure $P$ è definito come sotto-insieme degli indici $\{1, \dots, n\}$ di $T$ tale che $P$ sia una sequenza crescente di indici.

**Definizione 10.1** (Sotto-sequenza comune)**.** Una sotto-sequenza comune tra due sequenze $T$ e $P$ è una sequenza $S$ tale che $S$ è sotto-sequenza di $T$ e di $P$. Scriviamo $X \in \mathcal{CS}(T, U)$

**Definizione 10.2** (Sotto-sequenza massimale)**.** Una sotto-sequenza comune massimale tra due sequenze $T$ e $P$ è una sotto-sequenza comune tra $T$ e $P$ tale che non esiste una sotto-sequenza comune più lunga. Scriviamo $X \in \texttt{LCS}(T, U)$

#### Soluzione *brute-force*

Una soluzione *brute-force* per il problema è quella di generare tutte le possibili sotto-sequenze di $T$ e di $P$ e di verificare quale sia la più lunga.

**Algorithm 81 int** LCS(ITEM [] T,ITEM U)

```
ITEM [] maxsofar = nil
foreach subsequence X of T do
    if X is subsequence of U then
        maxsofar = max(LENGTH(X), max)
return maxsofar
```

Data una sequenza $T$ lunga $n$ ci sono $2^n$ sotto-sequenze di $T$, controllare una sequenza è sotto-sequenza costa $O(m+n)$ e quindi la complessità computazionale dell'algoritmo è $\Theta(2^n(m+n))$.

**Descrizione matematica soluzione ottima**

**Definizione 10.3** (Prefisso)**.** Data una sequenza $T$ composta dai caratteri $t_1t_2\dots t_n$ denotiamo con $T(i)$ il prefisso dato dai primi caratteri tali che:

$$T(i) = t_1t_2\dots t_i$$

Date due sequenze $T$ e $U$ di lunghezza $n$ e $m$ rispettivamente, denotiamo con $\texttt{LCS}(T(i), U(j))$ che restituisce la LCS dei prefissi $T(i)$ e $U(j)$.

**Casi ricorsivi** Nel caso nel quale l'ultimo carattere di $T$ e $U$ siano uguali allora la LCS sarà uguale alla LCS dei prefissi $T(i-1)$ e $U(j-1)$ più il carattere in comune:

$$LCS(T(i), U(j)) = LCS(T(i-1), U(j-1)) \bigoplus t_i$$

Nel caso in cui l'ultimo carattere di $T$ e $U$ siano diversi allora la LCS sarà il massimo tra la LCS di $T(i-1)$ e $U(j)$ e la LCS di $T(i)$ e $U(j-1)$:

$$LCS(T(i), U(j)) = \text{longest}(LCS(T(i-1), U(j)), LCS(T(i), U(j-1)))$$

**Casi base** Se uno dei due prefissi è vuoto allora la LCS sarà vuota, ovvero $LCS(T(0), U(j)) = \emptyset$ e $LCS(T(i), U(0)) = \emptyset$.

**Formula Ricorsiva** La formula ricorsiva sarà dunque:

$$LCS(T(i), U(j)) = \begin{cases} \emptyset & i = 0 \vee j = 0 \\ LCS(T(i-1), U(j-1)) \bigoplus t_i & t_i = u_j \\ \text{longest}(LCS(T(i-1), U(j)), LCS(T(i), U(j-1))) & t_i \neq u_j \end{cases}$$

**Sotto-struttura ottima**

**Teorema 10.1** (Sotto-struttura ottima)**.** Date le due sequenze $T = (t_1, \dots, t_nj)$ e $U = (u_1, \dots, u_m)$ sia $X = (x_1, \dots, x_k)$ una LCS di $T$ e $U$. Allora distinguiamo tre casi:

1. $t_n = u_m \Rightarrow x_k = t_n = u_m$ e $X_{k-1} \in \mathcal{LCS}(T_{n-1}, U_{m-1})$
2. $t_n \neq u_m, x_k \neq t_n \Rightarrow X \in \mathcal{LCS}(T_{n-1}, U)$
3. $t_n \neq u_m, x_k \neq u_m \Rightarrow X \in \mathcal{LCS}(T, U_{m-1})$

**Dimostrazione punto 1**

**Parte A** Se per assurdo $x_k \neq t_n = u_m$ considerando $Y = Xt_n$ allora $Y \in \mathcal{CS}(T, U)$ e $|Y| > |X|$ il che è in contraddizione con l'ipotesi che $X$ sia una LCS di $T$ e $U$.

**Parte B** Se per assurdo $X(k-1) \notin \mathcal{LCS}(T(n-1), U(m-1))$ allora dovrebbe $\exists Y \in \mathcal{LCS}(T(n-1), U(m-1))$ tale che $|Y| > |X(k-1)|$ e quindi $Yt_n \in \mathcal{CS}(T, U)$ e $|Yt_n| > |X(k-1)t_n| = |X|$ il che è in contraddizione con l'ipotesi che $X$ sia una `LCS` di $T$ e $U$.

**Dimostrazione punto 2 - simmetrico 3** Per assurdo se $X \notin \mathcal{LCS}(T(n-1), U)$ allora $\exists Y \in \mathcal{LCS}(T(n-1), U)$ tale che $|Y| > |X|$ e quindi $Y \in \mathcal{LCS}(T, U)$ e quindi $X \notin \mathcal{LCS}(T, U)$, il che è in contraddizione con l'ipotesi che $X$ sia una `LCS` di $T$ e $U$.

#### Riccorrenza soluzione ottimale

Avendo quindi stabilito che andiamo in ricorsione sui prefissi delle due stringhe possiamo descrivere l'equazione di ricorrenza come segue:

$$DP[i][j] = \begin{cases} 0 & i = 0 \vee j = 0 \\ DP[i-1][j-1] + 1 & i > 0 \wedge j > 0 \wedge t_i = u_j \\ \max(DP[i-1][j], DP[i][j-1]) & i > 0 \wedge j > 0 \wedge t_i \neq u_j \end{cases}$$

Quindi alla fine $DP[n][m]$ conterrà la lunghezza della sotto-sequenza comune massimale tra $T$ e $U$.

#### Passaggio ad algoritmo

**Algorithm 82** **int** `LCS`(ITEM [] $T$, ITEM [] $U$)

```
int [][] DP = new int [0...n][0...m]
for i = 0 to n do
    DP[i][0] = 0
for j = 0 to m do
    DP[0][j] = 0
for i = 1 to n do
    for j = 1 to m do
        if T[i] == U[j] then
            DP[i][j] = DP[i − 1][j − 1] + 1
        else
            DP[i][j] = max(DP[i − 1][j], DP[i][j − 1])
return DP[n][m]
```

L'algoritmo ha complessità $O(nm)$ in quanto riempie completamente la tabella $DP$ che ha dimensione $n \times m$.

#### Ricostruzione della soluzione

Per ricostruire la soluzione possiamo usare la tabella $DP$ e iterare all'indietro per ricostruire la sotto-sequenza comune massimale.

**Algorithm 83** **int** `LCS`(ITEM [] $T$, ITEM [] $U$)

```
[...]                                          ▷ Algoritmo per riempire la tabella DP
return SOLUTION(DP, T, U, n, m)
```

**Algorithm 84** LIST `solution`(**int** [][] $DP$, ITEM [] $T$, ITEM [] $U$, **int** $i$, **int** $j$)

```
if i == 0or j == 0 then
    return LIST ()
if T[i] == U[j] then
    LIST L = SOLUTION(DP, T, U, i − 1, j − 1)
    L.INSERT(L.HEAD(), T[i])
    return L
else
    if DP[i − 1][j] > DP[i][j − 1] then
        return SOLUTION(DP, T, U, i-1, j)
    else
        return SOLUTION(DP, T, U, i, j-1)
```

Questo algoritmo ripercorre la tabella $DP$ "all'indietro" e ricostruisce la sotto-sequenza comune massimale tra $T$ e $U$.
Il costo della funzione per la ricostruire la soluzione è $O(n+m)$ in quanto la lunghezza della sotto-sequenza comune massimale è $O(n+m)$.[3]

### 10.2.2 *String matching* approssimato

Il problema dello *string matching* approssimato consiste nel trovare una occorrenza $k$-approssimata di una stringa $P = p_1 \dots p_m$ in una stringa $T = t_1 \dots p_n$ [4], ovvero una sotto-sequenza $S$ di $T$ tale che $S$ sia una sotto-sequenza di $P$ con al più $k$ errori, i quali possono essere del tipo *mismatch* (un carattere è stato sostituito con un altro), *insertion* (un carattere è stato inserito) e *deletion* (un carattere è stato rimosso).

#### Sottostruttura ottima

Sia $DP[0 \dots m][0 \dots n]$ una tabella di programmazione dinamica tale che $DP[i][j]$ sia il minimo valore $k$ per i quali esiste un'occorrenza $k$-approssimata di $P(i)$ in $T(j)$ che termina in posizione $j$.

$$DP[i][j] = \begin{cases} 0 & & i = 0 \wedge j > 0 \\ i & & i \geq 0 \wedge j = 0 \\ \min \begin{cases} DP[i-1][j-1] & P[i] = T[j] \\ DP[i-1][j-1] + 1 & P[i] \neq T[j] \\ DP[i][j-1] + 1 & \text{inserimento} \\ DP[i-1][j] + 1 & \text{cancellazione} \end{cases} & & i > 0 \wedge j > 0 \end{cases}$$

Una volta popolata la tabella $DP$ la soluzione sarà il minimo valore di $DP[m][j]$ per $0 \leq j \leq n$. Esempio della ricerca $BAB$ in $ABABA$:

| | | A | B | A | B | A | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | ∅ | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
| B | | 1 | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 |
| A | | 2 | 1 | 0 | 1 | 2 | 3 |
| B | | 3 | 2 | 1 | 0 | 1 | 2 |

Passando all'algoritmo:

[3] Esiste un algoritmo più efficiente per il calcolo della lunghezza `LCS` ma senza la ricostruzione della soluzione andando a conservare nella tabella $DP$ la sola riga precedente, l'algoritmo non è stato riportato

[4] Eventualmente con $n \leq m$

**Algorithm 85** **int** stringMatching(ITEM [] $T$, ITEM [] $P$, **int** m, **int** n)

```
int [][] DP = new int [0...m][0...n]
for j = 0 to n do
    DP[0][j] = 0
for i = 1 to m do
    DP[i][0] = i
for i = 1 to m do
    for j = 1 to n do
        DP[i][j] = min(DP[i-1][j-1] + iff(P[i] ≠ T[j], 1, 0), DP[i][j-1] + 1, DP[i-1][j] + 1)
int pos = 0
for j = 0 to n do
    if DP[m][j] < DP[m][pos] then
        pos = j
return pos
```

### 10.2.3 Prodotto di catena di matrici

Il problema del prodotto di catena di matrici consiste nel trovare il modo più efficiente per calcolare il prodotto di $n$ a due a due compatibili matrici. Ricordando che il prodotto di matrici non è commutativo, ovvero $A \cdot B \neq B \cdot A$, ma è associativo, ovvero $(A \cdot B) \cdot C = A \cdot (B \cdot C)$.
A livello algoritmico vogliamo trovare il modo più efficiente per calcolare il prodotto di $n$ matrici, ovvero vogliamo trovare il modo più efficiente per calcolare il prodotto di $A_1 \cdot A_2 \cdot A_3 \cdot \cdots \cdot A_n$ andando ad associare le matrici in modo da minimizzare il numero di moltiplicazioni scalari.

#### Parentesizzazione

Una parentesizzazione di $P_{i,j}$ del prodotto $A_i \cdot A_{i+1} \dots A_j$ consiste nella matrice $A_i$ se $i = j$ nel prodotto $A_i \cdot A_{i+1} \dots A_j$ se $i < j$ e in una parentesizzazione di $P_{i,k}$ e di $P_{k+1,j}$ se $i < j$. La parentesizzazione ottima di $P_{i,j}$ è la parentesizzazione che minimizza il numero di moltiplicazioni scalari necessarie per calcolare $P_{i,j}$.

**Numero possibile di parentesizzazione** Nel caso $P(n)$ abbiamo $n$ posizioni per l'ultimo prodotto. Una volta fissato $k$ abbiamo $P(k)$ parentesizzazioni per $P_{i,k}$ e $P(n-k)$ parentesizzazioni per $P_{k+1,n}$, dunque il numero totale di parentesizzazioni è $P(k) \cdot P(n-k)$, tutto questo và ripetuto per ogni $k$ compreso tra 1 e $n-1$. Dunque:

$$P(n) = \begin{cases} 1 & n = 1 \\ \sum_{k=1}^{n-1} P(k) \cdot P(n-k) & n > 1 \end{cases}$$

Dunque provarne tutte le possibili parentesizzazioni ha complessità $\Omega\left(\frac{4^n}{\sqrt{n}}\right)$ il che rende improponibile l'approccio *brute-force*.

#### Parentesizzazione ottima

In una parentesizzazione ottima ($A[i \dots j]$) allora esiste un $k$ tale che $A[i \dots j] = A[i \dots k] \cdot A[k+1 \dots j]$ e $A[i \dots k]$ e $A[k+1 \dots j]$ sono parentesizzazioni ottime di $A[i \dots k]$ e $A[k+1 \dots j]$.

**Teorema 10.2.** Se $P[i \dots j] = P[i \dots k]P[k+1 \dots j]$ è una parentesizzazione ottima di $A[i \dots j]$ allora:

- $P[i \dots k]$ è una parentesizzazione ottima di $A[i \dots k]$
- $P[k+1 \dots j]$ è una parentesizzazione ottima di $A[k+1 \dots j]$

*Dimostrazione.* Per assurdo se $P[i \dots k]$ non fosse una parentesizzazione ottima di $A[i \dots k]$ allora esisterebbe una parentesizzazione $P'[i \dots k]$ tale che $P'[i \dots k]$ richiede meno moltiplicazioni scalari di $P[i \dots k]$, ma allora $P'[i \dots k]P[k+1 \dots j]$ richiederebbe meno moltiplicazioni scalari di $P[i \dots k]P[k+1 \dots j]$ il che è in contraddizione con l'ipotesi che $P[i \dots j]$ sia una parentesizzazione ottima di $A[i \dots j]$. □

**Valore della soluzione ottima**

Sia $DP[i][j]$ il minimo numero di moltiplicazioni scalari necessarie per calcolare il prodotto $A_i \cdot A_{i+1} \dots A_j$ allora:

**Caso Base** Se $i = j$ allora $DP[i][j] = 0$ in quanto non vi è alcuna moltiplicazione da fare.

**Caso Ricorsivo** Se $i < j$ allora esiste una parentesizzazione ottima $P[i \dots j]$ tale che $P[i \dots j] = P[i \dots k] \cdot P[k+1 \dots j]$ allora $DP[i][j] = DP[i][k] + DP[k+1][j] + c_{i-1} \cdot c_k \cdot c_j$ dove $c_i$ è il numero di righe della matrice $A[i]$ e $c_{i-1}$ è il numero di colonne della matrice $A[i-1]$ ed $c_j$ è il numero di colonne della matrice $A[j]$. Quindi:

$$DP[i][j] = \begin{cases} 0 & i = j \\ \min_{i \le k < j}\{DP[i][k] + DP[k+1][j] + c_{i-1} \cdot c_k \cdot c_j\} & i < j \end{cases}$$

**Dalla formula all'algoritmo**

innanzitutto memorizziamo in un vettore $c[0 \dots n]$ la dimensione delle matrici dove $c[0]$ è il numero di righe della prima matrice e $c[i]$ è il numero di colonne della matrice $A[i]$ ed $c[i-1]$ è il numero di righe della matrice $A[i]$. E due indici $i, j$ che partono da 1 e $n$ rispettivamente.

**Algorithm 86** **int** recPair(**int** c, **int** i, **int** j)

```
if i == j then
    return 0
else
    minSoFar = +∞
    for int k = i to j − 1 do
        val = recPair(c, i, k) + recPair(c, k + 1, j) + c[i − 1] · c[k] · c[j]
        minSoFar = min(minSoFar, val)
    return minSoFar
```

**Versione bottom-up** La versione bottom-up dell'algoritmo è la seguente:

**Algorithm 87** computePair(**int** [] $c$, **int** $n$)

```
int [][] DP = new int [1 . . . n][1 . . . n]
for int i = 1 to n do
    DP[i][i] = 0
int [][] last = new int [1 . . . n][1 . . . n]
for int h = 2 to n do
    for int i = 1 to n − h + 1 do
        int j = i + h − 1
        DP[i][j] = +∞
        for int k = i to j − 1 do
            temp = DP[i][k] + DP[k + 1][j] + c[i − 1] · c[k] · c[j]
            if temp < DP[i][j] then
                DP[i][j] = temp
                last[i][j] = k
```

# Capitolo 11

# Scelta della struttura dati

In questo capitolo si analizza come può essere eseguita la scelta di una struttura dati rispetto ad un'altra per la risoluzione di uno stesso problema. Si analizzano le strutture dati più comuni e si valutano i pro e i contro di ognuna di esse. Inoltre si analizzano le strutture dati più adatte per la risoluzione di problemi specifici.

## 11.1 Cammini minimi

Dato un **grafo orientato** $G = (V, E)$, un nodo sorgente $s$ ed una funzione peso $w : E \to \mathbb{R}$, il problema dei cammini minimi consiste nel: "Dato un cammino $p =< v_1, v_2, \ldots, v_k >$, con $k > 1$ e $v_i \in V$, il peso del cammino è dato da $w(p) = \sum_{i=1}^{k-1} w(v_i, v_{i+1})$". Il problema consiste nel trovare il cammino di peso minimo tra il nodo sorgente $s$ e tutti gli altri nodi del grafo.

**Pesi** Per il seguente problema ci si piò trovare in due casi:

- **Pesi positivi - positivi/negativi** Se i pesi degli archi sono tutti positivi o se ci sono pesi positivi e negativi, ma non ci sono cicli di peso negativo, allora si può utilizzare l'algoritmo di Dijkstra.
- **Reali - interi** Se i pesi degli archi sono tutti interi o sono reali.

**Sottostruttura ottima** Possono esserci due cammini minimi che condividono uno stesso tratto comune ($A \rightsquigarrow C$) ma non possono convergere in un nodo comune, in quanto l'albero dei cammini minimi è un albero di copertura radicato in $s$ avente un cammino da $s$ a $v$ per ogni $v \in V \setminus \{s\}$.

**Albero di copertura** Dato un grafo $G = (V, E)$ non orientato e connesso, un albero di copertura di $G$ è un sottoinsieme di archi $T \subseteq E$ tale che $T$ è un albero, $E_T$ è un sottoinsieme di $E$ e $T$ contiene tutti i nodi di $G$.

**Rappresentazione dell'albero** Per rappresentare l'albero usiamo la rappresentazione basata su vettori di padri.

**Algorithm 88** printPath(Node $s$, Node $d$, Node [] $T$)

```
if d = s then
    PRINT(s)
else if T[d] == nil then
    PRINT("Error")
else
    PRINTPATH(s, T[d], T)
    PRINT(d)
```

### 11.1.1 Teorema di Bellman

Il teorema di Bellman afferma che una soluzione ammissibile $T$ è **ottima** se e solo se:

$$d[v] = d[u] + w(u,v) \quad \forall (u,v) \in T$$
$$d[v] \leq d[u] + w(u,v) \quad \forall (u,v) \in E$$

*Dimostrazione.* Sia $T$ una soluzione ottima e siano $(u,v) \in E$ allora se $(u,v) \in T$ allora $d[v] = d[u] + w(u,v)$, altrimenti se $(u,v) \notin T$ allora $d[v] \leq d[u] + w(u,v)$ altrimenti esisterebbe un altro cammino nel grafo da $u$ a $v$ con peso minore di $d[v]$.
Sia $T$ per assurdo non sia ottimo, allora esisterebbe una cammino $C$ da $s$ ad un qualunque nodo $u$ con peso minore di $d[u]$, allora esiste un'altro albero $T'$ che contiene $C'$ tale che $w(C') < w(C)$, quindi $T$ non è ottimo. Sia $d'$ il vettore delle distanze associato a $T$ poiché $d'[s] = 0$ ma $d'[v] < d[v]$ allora esiste un arco $(h,k) \in C'$ tale che $d'[h] = d[h] \wedge d'[k] < d[k]$. Per costruzione $d'[h] = d[h]$, $d'[k] = d'[h] + w(h,k)$ avendo ipotizzato che $T$ non sia ottimo e che quindi $d[k] \leq d[h] + w(h,k)$, quindi $d'[k] = d'[h] + w(h,k) = d[h] + w(h,k) \geq d[k]$, quindi $d'[k] \geq d[k]$ che è assurdo. □

#### Algoritmo prototipo

**Algorithm 89** (**int** [], **int** [])prototipoCamminiMinimi(Graph $G$, Node $s$)

▷ Inizializza $T$ ad una foresta di copertura composta da nodi isolati
▷ Inizializza $d$ con sovrastima della distanza ($d[s] = 0, d[v] = \infty$)
**while** $\exists (u,v) : d[u] + G.\text{w}(u,v) < d[v]$ **do**
  $d[v] = d[u] + G.\text{w}(u,v)$
▷ Sostituisci il padre di $v$ con $u$
**return** $T, d$

### 11.1.2 Dijkstra, 1959

L'algoritmo di Dijkstra è un algoritmo che nella versione originale veniva usato prt trovare la distanza minima tra soli due nodi e sfrutta il concetto di coda con priorità.

#### Algoritmo

**Algorithm 90** shortestPath(Graph $G$, Node $s$)

```
PriorityQueue Q = new PriorityQueue()
Q.insert(s, 0)
while ¬Q.isEmpty do
    int u = Q.extractMin
    b[u] = false
    foreach v ∈ G.adj(u) do
        if d[v] > d[u] + G.w(u, v) then
            if b[v] = false then
                Q.insert(v, d[v])
                b[v] = true
            else
                Q.decreaseKey(v, d[v])
            T[v] = u
            d[v] = d[u] + G.w(u, v)
```

#### Spiegazione

Ogni nodo viene estratto una sola volta ed al momento dell'estrazione la sua distanza è minima, quindi non verrà più modificata. Ciò è dimostrabile per induzione sul numero $k$ di nodi estratti dalla coda. Se $k = 1$ allora il nodo estratto è $s$ e la distanza è 0, se $k > 1$ allora quando il nodo estratto è $u$ la distanza $d[u]$ dipende dai nodi $k - 1$ già estratti e non dipende dai nodi ancora da estrarre. Quindi $d[u]$ è minima e non verrà più modificata e quindi re-inserita nella coda.

#### Complessità

L'algoritmo di Dijkstra nella versione 1959 ha complessità $O(n^2)$, ma con l'uso di una coda con priorità basata su *heap* (**Jonson 1977**) la complessità diventa $O(m \log n)$, se invece viene usata la *heap* di Fibonacci (**Fredman-Tarjan 1987**) la complessità diventa $O(m + n \log n)$.

### 11.1.3 Algoritmo di Bellman-Ford-Moore 1958 - Coda

L'algoritmo di Bellman-Ford-Moore è un algoritmo che permette di trovare il cammino minimo tra un nodo sorgente e tutti gli altri nodi del grafo. L'algoritmo è basato su una coda e permette di gestire anche i grafi con cammini di peso negativo.

#### Algoritmo

**Algorithm 91** shortestPath(Graph $G$, Node $s$)

```
Queue Q = new Queue()
Q.enqueue(s)
while not Q.isEmpty do
    Node u = Q.dequeue
    b[u] = false
    foreach v ∈ G.adj(u) do
        if d[v] > d[u] + G.w(u, v) then
            d[v] = d[u] + G.w(u, v)
            if b[v] = false then
                Q.enqueue(v)
                b[v] = true
            T[v] = u
return T, d
```

#### Spiegazione

Dopo l'inizializzazione nelle prime due righe, si entra nel ciclo principale che estrae un nodo dalla coda e lo esamina. Per ogni nodo adiacente si controlla se la distanza è minore di quella attuale ($+\infty$ se non è stata ancora visitata) e se è minore si aggiorna la distanza e si inserisce il nodo nella coda. Se il nodo è già stato visitato **e** la distanza è maggiore di quella attuale, allora non si fa nulla.

#### Complessità

L'algoritmo ci permette di trovare il cammino minimo tra un nodo sorgente e tutti gli altri nodi del grafo anche nel caso di pesi negativi, tuttavia questo ha un costo computazionale maggiore rispetto all'algoritmo di Dijkstra, infatti un nodo può essere inserito nella coda più di una volta, dato che l'inizializzazione della cosa ha costo $O(1)$, il *dequeue* ha costo $O(1)$ ma viene eseguita $O(n^2)$ volte, quindi la complessità è $O(n^2)$, infine il *enqueue* ha costo $O(1)$ ma viene eseguito $O(nm)$ volte, dunque la complessità totale è $O(nm)$.

### 11.1.4 Cammini minimi su DAG

Dato un grafo orientato aciclico (DAG) $G = (V, E)$, un nodo sorgente $s$ ed una funzione peso $w : E \to \mathbb{R}$, il problema dei cammini minimi è più semplice in quanto non ci sono cicli e quindi anche in presenza di pesi negativi non incorreremo mai in un ciclo di peso negativo, per semplificare il problema possiamo usare un ordinamento topologico.

#### Algoritmo

**Algorithm 92** shortestPath(GRAPH $G$, NODE $s$)

```
int [] d = new int [1...G.n]
int [] T = new int [1...G.n]
foreach u ∈ G.V do
    d[u] = ∞
    T[u] = nil
T[s] = nil
d[s] = 0
STACK S = new topSort(G)
while not S.isEmpty do
    NODE u = S.pop
    foreach v ∈ G.adj(u) do
        if d[u] + G.w(u, v) < d[v] then
            T[v] = u
            d[v] = d[u] + G.w(u, v)
return T, d
```

#### Complessità

L'algoritmo ha complessità $O(n + m)$ limitato superiormente dal costo dell'ordinamento topologico.

### 11.1.5 Recap

Riportiamo di seguito una tabella contenete i vari algoritmi per la risoluzione del problema dei cammini minimi con il migliore algoritmo sulla base dei pesi e della struttura del grafo.

| Algoritmo | Complessità | Pesi |
|---|---|---|
| BFS | $O(n + m)$ | Senza pesi |
| Dijkstra | $O(n^2)$ | Positivi, grafi densi |
| Johnson | $O(m \log n)$ | Positivi, grafi sparsi |
| Fredman-Tarjan | $O(m + n \log n)$ | Positivi, grafi densi, dimensioni elevate |
| Bellman-Ford-Moore | $O(nm)$ | Positivi/Negativi |
| DAG | $O(n + m)$ | Positivi/Negativi (DAG) |

Tabella 11.1: Recap cammini minimi

## 11.2 Cammini minimi con sorgente multipla

Dato un grafo $G = (V, E)$, un insieme di nodi sorgente $S$ ed una funzione peso $w : E \to \mathbb{R}$, il problema dei cammini minimi con sorgente multipla consiste nel trovare il cammino di peso minimo tra i nodi sorgente $S$ e tutti gli altri nodi del grafo.
Intuitivamente possiamo pensare di eseguire l'algoritmo opportuno secondo la tabella precedentemente presentata 11.1 per ogni nodo sorgente, andando quindi a ottenere le seguenti complessità:

| Input | Algoritmo | Complessità |
|---|---|---|
| Pesi positivi, grafi densi | Dijkstra per ogni nodo | $O(n \cdot n^2) = O(n^3)$ |
| Pesi positivi, grafi sparsi | Johnson per ogni nodo | $O(n \cdot m \log n)$ |
| Pesi negativi | Bellman-Ford-Moore per ogni nodo | $O(n \cdot nm) = O(n^2 m)$ |
| Pesi negativi grafo denso | Floyd-Warshall | $O(n^3)$ |
| Pesi negativo grafo sparso | Jonson per sorgenti multiple | $O(n \cdot m \log n)$ |

Tabella 11.2: Complessità cammini minimi con sorgente multipla

### 11.2.1 Floyd-Warshall, 1962

L'algoritmo di Floyd-Warshall è un algoritmo che permette di trovare il cammino minimo $k$-vincolato tra due nodi $x$ e $y$ di un grafo $G = (V, E)$, con $k \in \{0, 1, \ldots, n\}$ ed il cammino non può passare per i vertici $v_{k+1}, \ldots, v_n$ con $x, y$ esclusi da questo vincolo.

#### Distanza $k$-vincolata

Denotiamo con $d^k[x][y]$ il costo totale del cammino minimo $k$-vincolato tra $x$ e $y$ se tale cammino esiste, altrimenti $d^k[x][y] = \infty$.

$$d^k[x][y] = \begin{cases} w(p^k_{xy}) & \text{se } p^k_{xy} \text{ esiste} \\ \infty & \text{altrimenti} \end{cases}$$

La sua formulazione ricorsiva è:

$$d^k[x][y] = \begin{cases} w(x, y) & \text{se } k = 0 \\ \min\{d^{k-1}[x][y], d^{k-1}[x][k] + d^{k-1}[k][y]\} & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Per la ricostruzione del cammino minimo usiamo una matrice di padri dove la posizione $T[x][y]$ contiene il nodo precedente a $y$ nel cammino minimo tra $x$ e $y$, nel caso $T[x][y] = x$ allora $y$ è adiacente a $x$, altrimenti si deve vedere la cella $T[x][T[x][y]]$ e così via.

#### Algoritmo

**Algorithm 93** (**int** [][],**int** [][]) FloydWarshall(Graph $G$)

```
int [][] d = new int [1...G.n][1...G.n]
int [][] T = new int [1...G.n][1...G.n]
foreach u, v ∈ G.V do
    d[u][v] = ∞
    T[u][v] = nil
foreach u ∈ G.V do
    foreach v ∈ G.adj(u) do
        d[u][v] = G.w(u, v)
        T[u][v] = u
for k = 1 to G.n do
    foreach u ∈ G.V do
        foreach v ∈ G.V do
            if d[u][v] > d[u][k] + d[k][v] then
                d[u][v] = d[u][k] + d[k][v]
                T[u][v] = T[k][v]
return (d, T)
```

**Complessità**

L'algoritmo di Floyd-Warshall ha complessità $O(n^3)$ in quanto una volta inizializzate le matrici $d$ e $T$ si esegue un triplo ciclo annidato per calcolare le distanze minime a partire da $k = 1$ fino a $k = n$.

### 11.2.2 Chiusura transitiva (Algoritmo di Warshall)

La chiusura transitiva di un grafo $G = (V, E)$ è un grafo $G' = (V, E')$ orientato tale che $(u, v) \in E'$ se e solo se esiste un cammino da $u$ a $v$ in $G$. L'algoritmo di Warshall permette di calcolare la chiusura transitiva di un grafo in tempo $O(n^3)$ in quanto segue la seguente formula ricorsiva:

$$M^k[x][y] = \begin{cases} M[x][y] & \text{se } k = 0 \\ M^{k-1}[x][y] \vee (M^{k-1}[x][k] \wedge M^{k-1}[k][y]) & \text{altrimenti} \end{cases}$$