Sprawozdanie – Laboratoria 3.

Jakub Kogut

9 grudnia 2025

1 Wprowadzenie

Na liście 3. mamy za zadanie przeprowadzić implementację i analizę algorytmów znajdowania najkrótszych ścieżek w grafach. Za dane mamy użyć grafy wygenerowane przez generator oraz sieć drogową USA napisane przez `DIMACS`.

2 Implementacja

Wszystkie zadania zaimplementowałem w języku `C++`. Kody algorytmów znajdują się w `algo.cpp`, natomiast instrukcje uruchamiania w `README.md`. Wszytkie programy kożystają wyłącznie z biblioteki standardowej `C++`, można je kompilować przy użyciu `make`

2.1 Algorytm `DIJKSTRY`

Graf przechowuję w klasycznej postaci list sąsiedztwa: dla każdego wierzchołka u tablica `g[u]` zawiera listę par (v, w) oznaczających łuk $u \to v$ o koszcie w. Typ `Distance` jest aliasem na typ całkowity (w praktyce `long long`), a wartość `INF` reprezentuje „nieskończoną” odległość.

Implementacja funkcji `dijkstra` odpowiada kopcowej wersji algorytmu Dijkstry, w której operację wyboru wierzchołka o najmniejszej etykiecie realizuje się przez kolejkę priorytetową. `std::priority_queue` przechowuje pary (*dystans*, *wierzchołek*), a dzięki komparatorowi `std::greater` działa jak kopiec minimalny. Zamiast operacji `decrease-key` stosuję typowy „leniwy” wariant: przy każdej poprawie etykiety wierzchołka dokładam nową parę do kolejki, a przy wyjmowaniu ignoruję wpisy nieaktualne (sprawdzam warunek `if (d > dist[u]) continue;`).

W uproszczonym pseudokodzie:

```
dijkstra(G, s):
    for v in V:
        dist[v] = INF
    dist[s] = 0
    PQ = min-kolejka priorytetowa par (odległość, wierzchołek)
    PQ.push( (0, s) )

    while PQ niepusta:
        (d, u) = PQ.pop_min()
        if d != dist[u]:
            continue        // stary wpis w kolejce

        for (v, w) w G[u]:
            if d + w < dist[v]:
                dist[v] = d + w
                PQ.push( (dist[v], v) )
```

Zgodnie z klasyczną analizą, dla kopca binarnego każda operacja `push`/`pop` ma koszt $O(\log n)$. Wykonujemy $O(n)$ operacji `pop` oraz $O(m)$ wstawek, więc łączna złożoność czasowa wynosi

$$T(n, m) = O\big((m + n) \log n\big),$$

co w grafie spójnym zwykle zapisuje się jako $O(m \log n)$. Złożoność pamięciowa to $O(n + m)$ na przechowywanie grafu i tablicy odległości.

2.2 Algorytm `DIALA`

Algorytm Diala zakłada, że wszystkie koszty łuków są całkowite i nieujemne oraz że znamy z góry maksymalny koszt pojedynczej krawędzi

$$C = \max\{c_{ij}\}.$$

W implementacji przekazuję C jako dodatkowy parametr funkcji `dial`. Korzystam z wersji „cyklicznej”: zamiast $nC + 1$ kubełków używam tylko $C + 1$ kubełków indeksowanych modulo $C + 1$.

Tablica `buckets` ma rozmiar `binCount` $= C+1$, a kubełek o indeksie k przechowuje wierzchołki v z tymczasową etykietą

$$d(v) \equiv k \pmod{C + 1}.$$

Dzięki własności, że w każdym momencie wszystkie skończone etykiety leżą w przedziale $[d_{\min}, d_{\min} + C]$, wystarczy $C + 1$ kubełków i indeksowanie modulo.

W dużym uproszczeniu implementacja wygląda tak:

```
dial(G, s, C):
    for v in V:
        dist[v] = INF
    dist[s] = 0

    binCount = C + 1
    buckets[0..binCount-1] = puste listy
    currentBucket = 0
    buckets[0].push_back(s)

    while istnieje niepusty kubełek:
        // szukamy pierwszego niepustego kubełka
        steps = 0
        while buckets[currentBucket] pusty
              i steps < binCount:
            currentBucket = (currentBucket + 1) mod binCount
            steps++

        if steps == binCount i buckets[currentBucket] pusty:
            break   // wszystkie kubełki puste

        u = ostatni element z buckets[currentBucket]
        usuń u z tego kubełka
        du = dist[u]

        for (v, w) w G[u]:
            if du + w < dist[v]:
                dist[v] = du + w
```

```
idx = (dist[v]) mod binCount
buckets[idx].push_back(v)
```

Kolejne wierzchołki są wybierane „wiadrami” o rosnących etykietach, co symuluje sortowanie po odległości, ale w czasie stałym na pojedynczą relaksację. Każdą krawędź relaksujemy co najwyżej raz z sukcesem, więc łączny koszt części *distance update* jest $O(m)$. Przeszukanie kubełków daje w najgorszym wypadku koszt $O(nC)$, co prowadzi do złożoności:

$$T(n, m, C) = O(m + nC), \qquad S(n, C) = O(n + C).$$

Jest to więc algorytm pseudowielomianowy – zależny liniowo od maksymalnej wagi C. Przy małych wartościach C (np. gdy wagi to małe liczby całkowite) algorytm Diala bywa w praktyce znacznie szybszy niż klasyczny Dijkstra.

2.3 Algorytm `RADIX HEAP`

Trzeci wariant to algorytm Dijkstry, w którym kolejkę priorytetową zaimplementowałem jako specjalizowaną strukturę `RadixHeap<Distance>`. Jest to monotoniczny *radix heap*: zakładamy, że klucze (tu: aktualne odległości $d(u)$) są całkowite, nieujemne oraz że wartości wyjmowane z kopca są niemalejące. Ta własność zachodzi dla Dijkstry z wagami $c_{ij} \geq 0$, dlatego w implementacji asercja `assert(x >= last);` sprawdza, czy nowy klucz nie jest mniejszy od ostatnio wyjętego.

Struktura `RadixHeap` składa się z 65 kubełków `buckets[0..64]`, gdzie `U = unsigned long long` jest wewnętrznym typem klucza (wystarcza to dla `Distance = long long`). Kubełki mają zróżnicowane „szerokości”, wyznaczane przez najwyższy bit, na którym klucz różni się od `last`. Funkcja `bucketIndex(x)` oblicza indeks kubełka jako:

- jeśli $x =$ `last`, zwraca 0,
- w przeciwnym razie oblicza `diff` $= x \oplus$ `last`, znajduje pozycję najstarszego ustawionego bitu w `diff` i zwraca `msb` $+ 1$, co daje kubełki numerowane od 1 do 64.

Operacja `push` jedynie wrzuca element (`key`, v) do odpowiedniego kubełka. Gdy kubełek 0 (z aktualnym minimum) się opróżni, wywoływana jest funkcja `pull`, która:

1. wyszukuje pierwszy niepusty kubełek $i > 0$,
2. wyznacza nową wartość `last` jako minimalny klucz znajdujący się w tym kubełku,
3. przenosi wszystkie elementy z kubełka i do kubełków o mniejszych indeksach, zgodnie z nową wartością `last`.

Dzięki temu kubełek 0 zawsze zawiera elementy o najmniejszym aktualnym kluczu.

Dijkstra z tą strukturą ma postać:

```
radixheap_dijkstra(G, s):
    for v in V:
        dist[v] = INF
    dist[s] = 0

    RH = pusty RadixHeap
    RH.push(0, s)

    while RH niepusty:
        (d, u) = RH.top()
        RH.pop()
        if d > dist[u]:
            continue        // stary wpis

        for (v, w) w G[u]:
```

```
if dist[u] + w < dist[v]:
    dist[v] = dist[u] + w
    RH.push(dist[v], v)
```

W strukturze Radix Heap każdy wierzchołek może zostać „przepakowany” pomiędzy kubełkami co najwyżej $K = O(\log(nC))$ razy, gdzie C jest górnym ograniczeniem na długości najkrótszej ścieżki (tzn. na etykiety $d(\cdot)$). Łączny koszt wszystkich przeniesień i operacji wyboru wierzchołka to $O(nK)$, natomiast relaksacje krawędzi kosztują $O(m)$. Ostatecznie:

$$T(n, m, C) = O\big(m + n \log(nC)\big).$$

Przy odpowiednim doborze liczby kubełków można tę złożoność zapisać w postaci $O(m+n \log C)$. W praktyce, dla grafów o umiarkowanych wagach całkowitych, wariant z `RadixHeap` łączy zalety algorytmu Diala (operacje w czasie prawie stałym dla małych wag) z dobrą skalowalnością dla większych wartości C.

3 Analiza rodzin grafów

W części doświadczalnej korzystamy z rodzin grafów zdefiniowanych w ramach *9th DIMACS Implementation Challenge*. Rodziny te zostały zaprojektowane tak, aby w kontrolowany sposób zmieniać:

- strukturę grafu (losowy vs. siatka vs. sieć drogowa),
- głębokość drzewa najkrótszych ścieżek i typowy rozmiar zbioru aktualnie etykietowanych wierzchołków,
- zakres wag krawędzi C (istotny m.in. dla algorytmu Diala i `RadixHeap`).

Dzięki temu można obserwować, jak poszczególne struktury danych do Dijkstry zachowują się w różnych warunkach.

3.1 Grafy losowe: rodziny `Random4-n` i `Random4-C` (podpunkt 3.1)

3.1.1 Definicja i własności strukturalne

Grafy losowe są skierowane, z liczbą wierzchołków n i liczbą łuków $m = 4n$. Generator najpierw tworzy cykl Hamiltona (aby zapewnić silną spójność), a następnie losuje dodatkowe łuki, wybierając pary (v, w), $v \neq w$. Długości łuków są niezależnie i jednostajnie losowane z przedziału całkowitego $[0, C]$. :contentReference[oaicite:0]index=0

Takie grafy:

- są dobrymi *ekspanderami* (przy średnim stopniu ≥ 4),
- mają płytkie drzewa najkrótszych ścieżek (głębokość rzędu $\Theta(\log n)$),
- w trakcie działania algorytmu Dijkstry typowa liczba aktualnie etykietowanych wierzchołków jest duża,
- mają słabą lokalność pamięciową (są „przemieszane”).

Rodzina `Random4-n`. W rodzinie `Random4-n` rośnie liczba wierzchołków, a zakres wag jest związany z rozmiarem grafu:

$$m = 4n, \quad C = n, \quad n = 2^{10}, 2^{11}, \ldots, 2^{21}.$$

Zmiana n powiększa zarówno liczbę krawędzi, jak i zakres wag.

Rodzina `Random4-C`. W rodzinie `Random4-C` rozmiar grafu jest stały, a rośnie tylko zakres wag:

$$n = 2^{20}, \quad m = 4n, \quad C = 4^i,\ i = 0, 1, \ldots, 15.$$

3.1.2 Wpływ na badane algorytmy

- **Dijkstra (kopiec binarny).** Dla `Random4-n` złożoność teoretyczna to $O(m \log n)$, więc oczekujemy prawie liniowego wzrostu czasu z n pomnożonego przez czynnik $\log n$. Dla `Random4-C` struktura grafu się nie zmienia, więc czas powinien być praktycznie niezależny od C (zmienia się jedynie rozkład etykiet, nie zaś liczba operacji na kopcu).
- **Dial.** Złożoność $O(m + nC)$ powoduje, że:
  - w rodzinie `Random4-n` czynnik $nC = n^2$ szybko dominuje, przez co Dial jest konkurencyjny tylko dla małych n,
  - w rodzinie `Random4-C` dla stałego n czas rośnie w przybliżeniu liniowo z C; dla większych C algorytm staje się wyraźnie wolniejszy niż Dijkstra i `RadixHeap`.
- **Dijkstra + `RadixHeap`.** Teoretyczna złożoność to $O(m + n \log(nC))$. W praktyce:
  - w `Random4-n` czas rośnie z n, ale czynnik $\log(nC) \approx \log n$ powoduje trochę łagodniejszy wzrost niż w kopcu binarnym,
  - w `Random4-C` zależność od C jest bardzo słaba (logarytmiczna), więc czas praktycznie nie zmienia się wraz z powiększaniem zakresu wag, w ostrym kontraście do Diala.

3.2 Grafy siatkowe: `Long-n`, `Square-n`, `Long-C`, `Square-C` (podpunkt 3.2)

3.2.1 Definicja i własności strukturalne

Grafy siatkowe mają strukturę prostokątnej siatki $x \times y$. Wierzchołki są połączone z sąsiadami w górę, w dół, w lewo i w prawo (z wyjątkiem brzegów), a długości łuków są losowane z $[0, C]$. :contentReference[oaicite:1]index=1

Rozróżniamy:

- **Long grids** (`Long-*`) – „długie” siatki o stałej wysokości $y = 16$ i rosnącej szerokości x. Drzewa najkrótszych ścieżek są bardzo głębokie $\Theta(n)$, a liczba aktualnie etykietowanych wierzchołków jest mała.
- **Square grids** (`Square-*`) – siatki „prawie kwadratowe”, $x \approx y \approx \sqrt{n}$. Drzewa najkrótszych ścieżek mają umiarkowaną głębokość $\Theta(\sqrt{n})$, a liczba etykietowanych wierzchołków jest umiarkowana.

3.2.2 Rodziny `Long-n` i `Square-n`

W rodzinach „-n” rośnie liczba wierzchołków, a zakres wag jest związany z rozmiarem:

$$C = n, \quad n = 2^{10}, 2^{11}, \ldots, 2^{21}.$$

Porównanie:

- **Struktura drzewa najkrótszych ścieżek.**
  - W `Long-n` najkrótsze ścieżki są długie (prawie liniowe), więc Dijkstra „idzie” po grafie dość sekwencyjnie; typowy rozmiar kolejki priorytetowej jest stosunkowo mały.
  - W `Square-n` ścieżki są krótsze, ale front fali BFS/Dijkstry jest szerszy, co prowadzi do większego zbioru etykietowanych wierzchołków jednocześnie.
- **Dijkstra (kopiec binarny).** Dla obu rodzin złożoność asymptotyczna pozostaje $O(m \log n)$, ale w praktyce:
  - w `Long-n` kolejka jest mniejsza, więc mimo tego samego rzędu złożoności można oczekiwać nieco krótszych czasów,
  - w `Square-n` więcej operacji na kopcu (większy front), co przekłada się na gorsze czasy niż w `Long-n` przy tym samym n.
- **Dial i `RadixHeap`.** Zakres wag $C = n$ powoduje, że Dial teoretycznie ma koszt $O(m + n^2)$ i przy większych rozmiarach będzie wyraźnie przegrywał z pozostałymi algorytmami, mimo

korzystnej struktury frontu. `RadixHeap` pozostaje dużo bardziej odporne na wzrost C, więc różnice między `Long-n` i `Square-n` wynikają głównie z rozmiaru frontu, nie z zakresu wag.

3.2.3 Rodziny `Long-C` i `Square-C`

W rodzinach „-C" liczba wierzchołków jest stała ($n = 2^{20}$ w definicji; w przypadku bardzo dużych C dopuszczamy zmniejszenie np. do $n = 2^{15}$), a rośnie jedynie zakres wag:

$$C = 4^i, \quad i = 0, 1, \ldots, 15.$$

- **Dijkstra (kopiec binarny).** Ponieważ struktura grafu się nie zmienia, a liczba operacji na kopcu nie zależy bezpośrednio od wartości wag, czas działania praktycznie nie zależy od C (dla bardzo dużych C może pojawić się jedynie subtelny wpływ na kolejność relaksacji).
- **Dial.** Tutaj wpływ C jest kluczowy:
  - dla małych C (np. $C = 1, 4, 16$) liczba kubełków jest mała, więc algorytm Diala bywa bardzo szybki,
  - wraz ze wzrostem C czas rośnie praktycznie liniowo (koszt $O(nC)$), co dla największych wartości 4^{15} może prowadzić do bardzo długich czasów lub wręcz przerwania testów; w takiej sytuacji sensowne jest zmniejszenie n (np. do 2^{15}), aby mimo wszystko zaobserwować trend zależności od C.
- **Dijkstra + `RadixHeap`.** Teoretyczna złożoność $O(m + n \log(nC))$ oznacza, że:
  - przy rosnącym C obserwujemy bardzo łagodny wzrost czasu (logarytmiczny w C),
  - `RadixHeap` jest dzięki temu dużo bardziej skalowalne niż Dial; nawet dla dużych C pozostaje konkurencyjne wobec kopca binarnego.
  - różnice między `Long-C` i `Square-C` wynikają głównie z rozmiaru frontu (jak w rodzinach „-n"), a nie z C.

3.3 Grafy drogowe: rodziny `USA-road-d` i `USA-road-t` (podpunkt 3.3)

3.3.1 Definicja i struktura sieci drogowych

Rodziny `USA-road-d` oraz `USA-road-t` opisują rzeczywiste sieci drogowe USA, zbudowane na podstawie danych TIGER/Line. Poszczególne instancje (np. `USA`, `CTR`, `CAL`, `NY`) różnią się rozmiarem, ale wszystkie:

- są bardzo rzadkie (średni stopień niewielki, bliski stałemu),
- mają silną strukturę geometryczną (drogi osadzone w 2D),
- charakteryzują się dobrą lokalnością pamięciową (wierzchołki odpowiadające bliskim położeniom geograficznym są często blisko również w numeracji),
- zawierają dwie naturalne funkcje wag:
  - długości odcinków (`USA-road-d`),
  - czasy przejazdu (`USA-road-t`).

Typowe drzewa najkrótszych ścieżek mają umiarkowaną głębokość, a liczba aktualnie etykietowanych wierzchołków jest relatywnie mała (ścieżki zwykle podążają wzdłuż kilku głównych korytarzy komunikacyjnych).

3.3.2 Wpływ na badane algorytmy

- **Dijkstra (kopiec binarny).** Dla grafów drogowych jest to klasyczny punkt odniesienia. Duża rzadkość grafu sprawia, że część $O(m)$ zdominowana jest przez liczbę łuków, a czynnik $\log n$ jest stosunkowo łagodny. W praktyce obserwuje się dobre skalowanie nawet dla największych instancji.

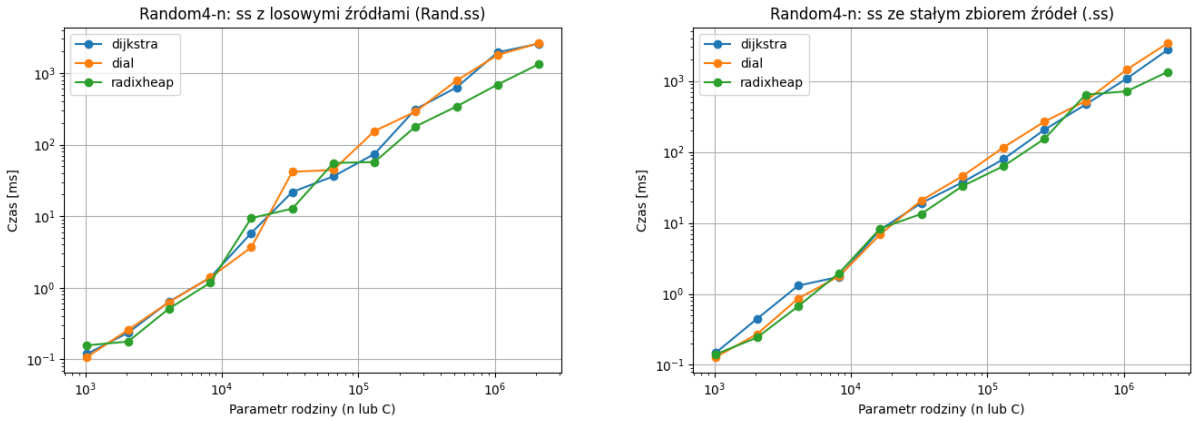
- **Dial.** Wagi na sieciach drogowych są zwykle przechowywane jako liczby całkowite, ale ich zakres może być duży (setki tysięcy lub więcej po odpowiednim przeskalowaniu). Oznacza to:
  - dla lokalnych podgrafów o małych rozpiętościach wag Dial może być konkurencyjny,
  - dla pełnych instancji o dużym C liczba kubełków rośnie na tyle, że koszt $O(nC)$ eliminuje przewagę nad Dijkstrą.
- **Dijkstra + `RadixHeap`.** Dzięki monotonicznemu charakterowi etykiet w Dijkstrze i umiarkowanemu zakresowi wag w praktycznych danych, `RadixHeap` dobrze dopasowuje się do grafów drogowych:
  - złożoność $O(m + n \log(nC))$ jest bliska liniowej w liczbie krawędzi,
  - silna lokalność i mały stopień wierzchołków przekładają się na dobrą efektywność pamięciową i czasową,
  - w porównaniu do kopca binarnego zwykle obserwuje się podobne lub nieco lepsze czasy, szczególnie na większych instancjach.

Podsumowując, rodziny grafów `Random`, `Grid` i `USA-road` pozwalają osobno zbadać wpływ:

1. rozmiaru grafu i liczby krawędzi (`Random4-n`, `Long-n`, `Square-n`),
2. zakresu wag C przy stałym grafie (`Random4-C`, `Long-C`, `Square-C`),
3. realistycznej struktury geometrycznej i lokalności pamięciowej (`USA-road-d/t`),

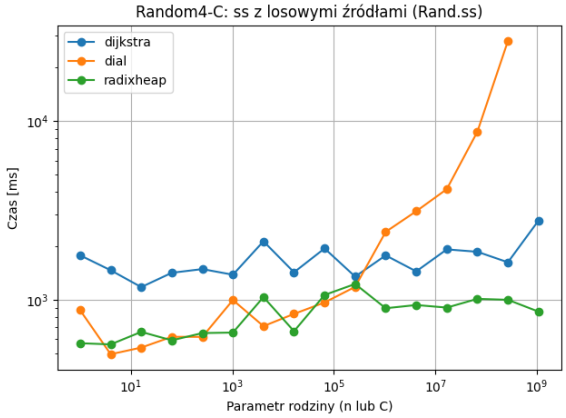
na względną wydajność trzech wariantów algorytmu Dijkstry: z kopcem binarnym, z algorytmem Diala oraz z kolejką `RadixHeap`.

4 Wyniki, wnioski

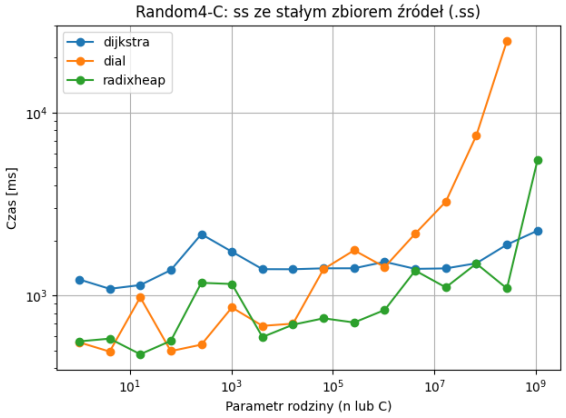


(a) `Random4-n`, test Rand (`Rand.ss`) (b) `Random4-n`, test ss

Rysunek 1: Czasy działania algorytmów dla rodziny `Random4-n`.

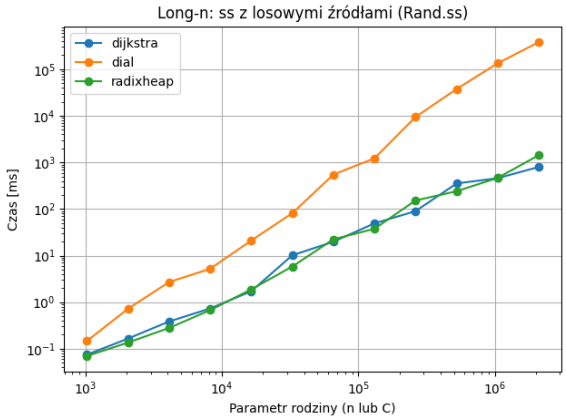


(a) `Random4-C`, test Rand (`Rand.ss`)

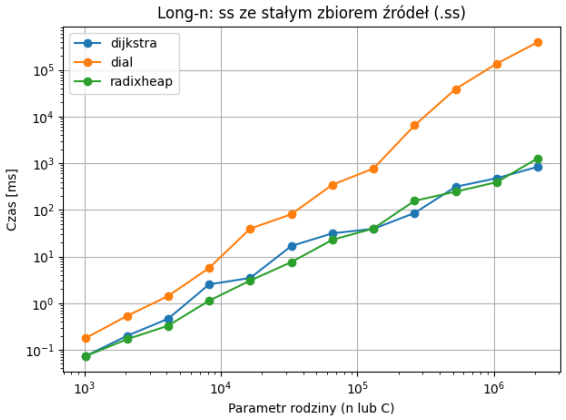


(b) `Random4-C`, test ss

Rysunek 2: Czasy działania algorytmów dla rodziny `Random4-C`.

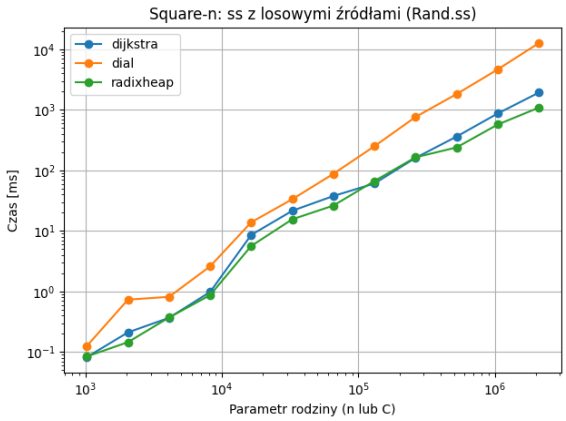


(a) `Long-n`, test Rand (`Rand.ss`)

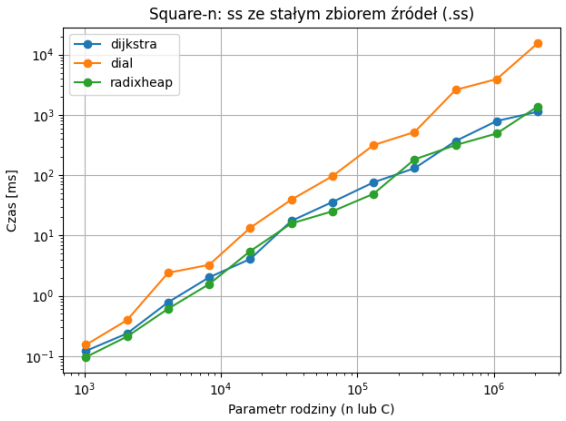


(b) `Long-n`, test ss

Rysunek 3: Czasy działania algorytmów dla rodziny `Long-n`.

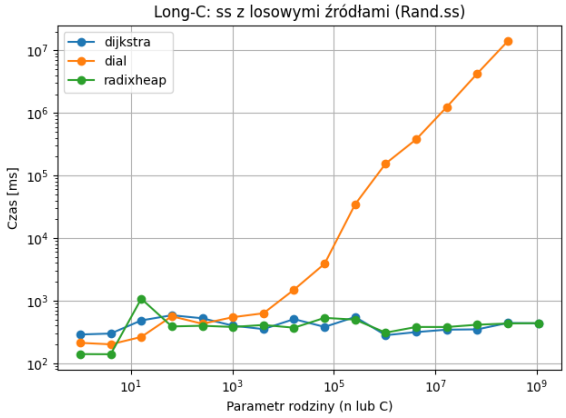


(a) `Square-n`, test Rand (`Rand.ss`)

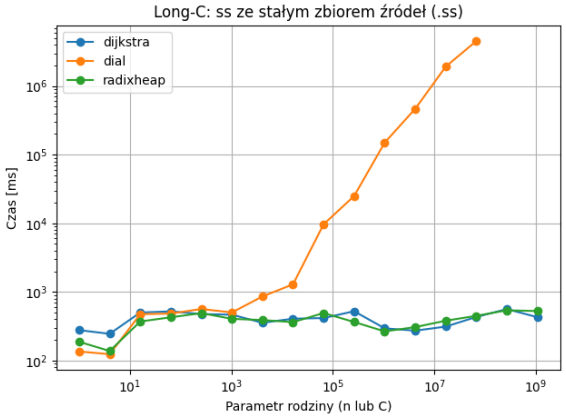


(b) `Square-n`, test ss

Rysunek 4: Czasy działania algorytmów dla rodziny `Square-n`.

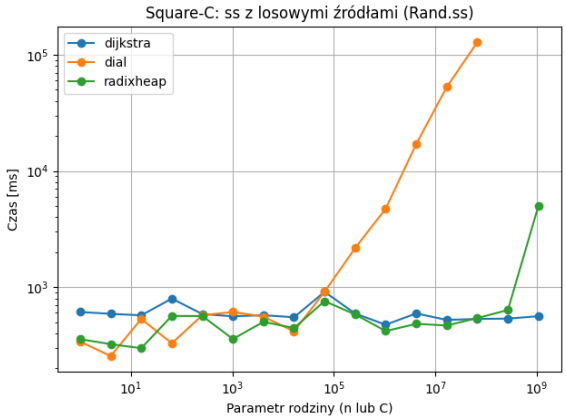


(a) `Long-C`, test Rand (`Rand.ss`)

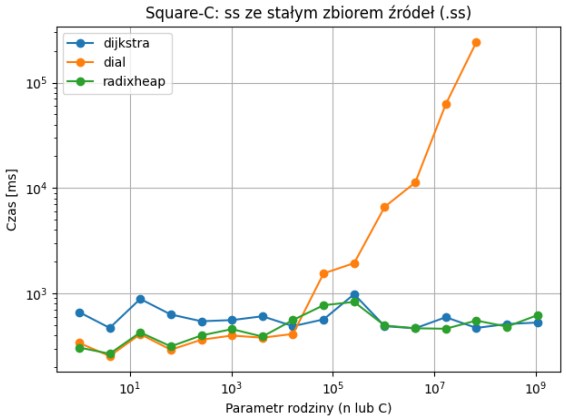


(b) `Long-C`, test ss

Rysunek 5: Czasy działania algorytmów dla rodziny `Long-C`.

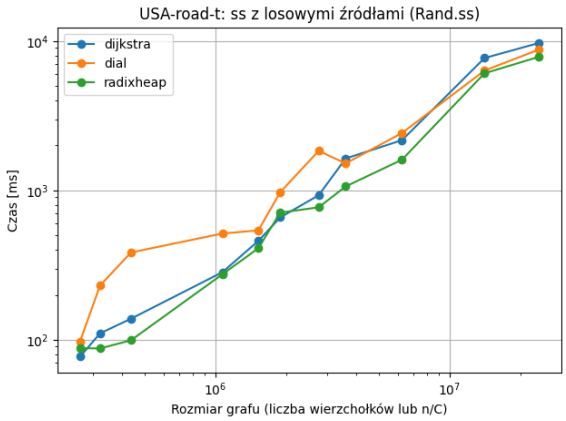


(a) `Square-C`, test Rand (`Rand.ss`)

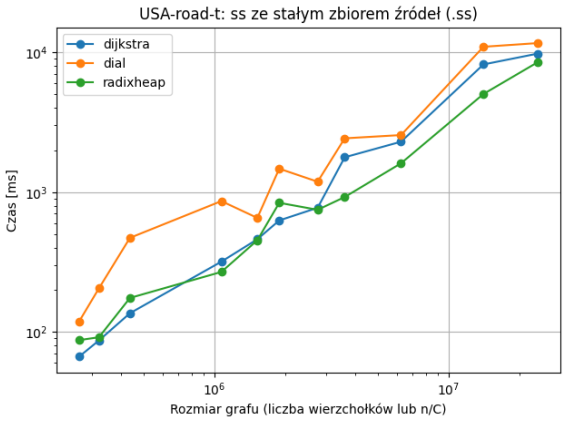


(b) `Square-C`, test ss

Rysunek 6: Czasy działania algorytmów dla rodziny `Square-C`.



(a) `USA-road-t`, test Rand (`Rand.ss`)



(b) `USA-road-t`, test ss

Rysunek 7: Czasy działania algorytmów dla rodziny `USA-road-t`.

5 Podsumowanie