

Algorithmen & Datenstrukturen

Prof. Dr. Christian Sohler Oliver Filla

Sommersemester 2023

Contents

Disclaimer	5
1. Definitionen	5
Informatik	6
Algorithmus	6
Datenstruktur	6
Lernziele	6
2. Entwicklung von Algorithmen	6
Methode: Teile und Herrsche	6
Beispiele	6
Unterscheidungen	7
Laufzeit	7
Methode: Dynamische Programmierung	7
Beispiele	7
Methode: Gierige Algorithmen	7
Beweise	8
Beispiele	8
Rekursion	8
Laufzeit	8
Optimierung	8
Kostenfunktion	9
3. wichtige Datenstrukturen	9
Felder	9
Einfache Felder	9
Sortierte Felder	9
Felder mit direkter Adressierung	9
Listen	9
Einfach verkettete Liste	10
Doppelt verkettete Liste	10
(Warte-)Schlange (Queue)	10
Prioritätenschlange (Priority Queue)	10
Graphen	10
Wege	11
Erreichbarkeit	11

Einfachheit	11
Kreis	11
Länge von Wegen	11
Kürzester Weg	11
Wald & Bäume	12
Nachbar	12
Gerichtete Graphen	12
Ungerichtete Graphen	12
Gewichtete Graphen	12
Zusammenhang	13
Zusammenhangskomponenten	13
Knotengrade	13
Darstellungen	13
Adjazenzmatrix	13
Adjazenzlisten	13
Bäume	13
Baumhöhe	13
Rotationen	14
Onkelknoten	14
Tiefe eines Knotens	14
Binärbäume	14
Binäre Suchbäume	14
Rot-Schwarz-Bäume	15
Die Rot-Schwarz-Eigenschaft	15
Der NIL-Knoten	16
Die Schwarzhöhe	16
Minimale Spannbäume	16
Aufspannende Bäume	16
Hashtabellen	16
Kollisionen	16
Hashfunktionen	16
Offene Adressierung	17
Union-Find-Datenstrukturen	17
4. wichtige Algorithmen	18
Rekursionsalgorithmen	18
Insertion Sort	18
deskriptiver Pseudocode	18
Merge Sort	18
deskriptiver Pseudocode	18
Pseudocode: Merge	19
BinarySearch	19
deskriptiver Pseudocode	19
n -Ziffer-Integer Multiplikation	19
Algorithmus von Strassen (Matrixmultiplikation)	20
Dynamische Programmierung	20
Fibonacci-Zahlen	20
primitiver rekursiver Algorithmus	20
dynamischer Algorithmus	21
SearchMax	21

rekursiv	21
dynamisch	21
Partition	21
SubsetSum	21
Entwicklung des Algorithmus	22
Indikatorfunktion	22
Rekursive Beschreibung	22
Pseudocode	22
Korrektheitsbeweis	23
Optimierungsprobleme	23
Rucksackproblem	23
Wechselgeldrückgabe	23
Korrektheit	23
Interval-Scheduling	23
Notation	23
Kompatible Intervalle	23
Gieriger Algorithmus	24
Interval-Scheduling mit Deadlines	24
Notation	24
Pseudocode	24
Leerlauf	25
Inversion	25
Suchbaumalgorithmen	25
Binäre Suchbäume	25
Inorder-Tree-Walk	25
BinaryTreeSearch	25
MinSearch / MaxSearch	25
FollowerSearch	26
Save	26
Delete	27
Rot-Schwarz-Bäume	27
Linksrotation	27
RS-Einfügen	28
RS-Einfügen-Fix	28
RS-Löschen	30
RS-Löschen-Fix	31
Hashalgorithmen	32
Einfügen mit Offener Adressierung	32
Suche mit Offener Adressierung	32
Löschen mit Offener Adressierung	33
Graphalgorithmen	33
Single Source Shortest Path (SSSP)	33
All Pairs Shortest Path (APSP)	33
Breitensuche (BFS)	33
Technische Invariante	33
Breitensuchbaum	33
Pseudocode	34
Dijkstras Algorithmus	34
Pseudocode	34
Bellman-Ford-Algorithmus	35

rekursive Beschreibung	35
Pseudocode	35
Floyd-Warshall-Algorithmus	36
Tiefensuche (<i>DFS</i>)	36
Technische Invariante	37
Klammersatz zur Tiefensuche	37
Satz vom weißen Weg	37
Klassifikation von Kanten	37
Pseudocode	37
Minimale Spannbäume	38
Kreiselminierung	38
Algorithmus von Kruskal	38
Algorithmus von Prim	39
5. Speicher und Datentypen	39
Speichermodell	39
Elementare Datentypen	39
ganze Zahlen	39
reale Zahlen	39
Zeichen	39
Zeiger / Referenz	39
Nicht-Elementare Datentypen	40
Felder	40
Verbunddaten	40
Speicherbedarf	40
6. Pseudocode	40
Kommentare	40
Verbunddatentypen	41
Felder	41
Zuweisung	41
Typ 1	41
Typ 2	41
Bedingte Verzweigungen	41
Schleifen	42
for	42
while	42
repeat	42
Prozeduren	42
7. Laufzeitanalyse	43
Worst Case Analyse	43
Average Case Analyse	43
Master-Theorem	43
Merkhilfen	44
Alternative Formulierung	44
8. Landau-Notation	45
Beweise	45
Schranken	45

\mathcal{O} -Notation	45
Hierarchien	45
Erweiterte \mathcal{O} -Notation	45
Ω -Notation	46
Zusammenhänge	46
Θ -Notation	46
o -Notation	46
ω -Notation	46
9. Korrektheitsbeweise	46
Definitionen	47
Korrektheitsbeweis	47
Problembeschreibung	47
Korrektheit	47
Methoden	47
Nachvollziehen der Befehle	47
Schleifeninvarianten	47
Rekursion	47
Bäume	47
P vs. NP	48
10. Optimierungsprobleme	48
Rucksackproblem	48
Zulässige Lösungen	48
Optimale Lösungen	49
Methode: Dynamische Programmierung	49
Finde optimale Teillösungen	49
Finde den Wert der optimalen Lösung iterativ	49
finde den Weg der optimalen Lösung	50
Rechentricks / -regeln	51
Vollständige Induktion	51
Landau-Notation	51
Literatur	51

Disclaimer

Dies ist eine *inoffizielle* Mitschrift aus der Vorlesung zu Algorithmen & Datenstrukturen von Prof. Dr. Christian Sohler. Ich habe Prof. Sohler's Erlaubnis, dies zu publizieren. Dies bedeutet jedoch nicht, dass irgendjemand Korrektur gelesen hätte. Fehler, Ungenauigkeiten etc. sind demnach zu erwarten und mir zuzuschreiben.

1. Definitionen

Informatik

Informatik ist die Disziplin der automatischen Verarbeitung von Information.¹

Algorithmus

Ein Algorithmus ist eine wohldefinierte Handlungsvorschrift, die einen Wert oder eine Menge von Werten als Eingabe erhält und als Ausgabe einen Wert oder eine Menge von Werten liefert.²

Datenstruktur

Eine Datenstruktur ist eine Anordnung von Daten im Speicher eines Rechners, die effizienten Zugriff auf die Daten ermöglicht.

Es gibt verschiedene Anforderungen. Im Allgemeinen sind die Suche eines bestimmten Wertes, das Speichern eines neuen Datensatzes und das Löschen eines bestehenden Datensatzes wichtige Anforderungen. Oft kann nicht jede dieser Anforderungen gleich effizient gewährleistet werden.

Deswegen können Datenstrukturen bezüglich ihres Speicherbedarfs und der Laufzeit von Algorithmen, die auf ihnen ausgeführt werden, bewertet werden.

Lernziele

- Methoden zur Entwicklung von Algorithmen
- Bewertung der Qualität von Algorithmen
 - Korrektheit
 - Ressourcen, insbesondere Laufzeit
- Lernen grundlegender Algorithmen und Datenstrukturen

2. Entwicklung von Algorithmen

Methode: Teile und Herrsche

1. Teile die Eingabe in mehrere gleich große Teile auf.
2. Löse das Problem rekursiv auf den einzelnen Teilen.
3. Füge die Teile zu einer Lösung des Gesamtproblems zusammen.

Diese Algorithmen sind oft für teilbare Daten geeignet, beispielsweise für Felder und geometrische Daten.

Beispiele

- MergeSort
- BinäreSuche
- n -Ziffer-Integer Multiplikation
- Matrixmultiplikation (Algorithmus von Strassen)

¹<https://gi.de/fileadmin/GI/Hauptseite/Themen/was-ist-informatik-kurz.pdf>

²(Cormen et al. 2022)

Unterscheidungen

Teile-und-Herrsche-Algorithmen unterscheiden sich durch... * die Anzahl der Teilprobleme. * die Größe der Teilprobleme. * den Algorithmus für das Zusammensetzen der Teilprobleme. * den Rekursionsabbruch.

Laufzeit

Die Laufzeit kann durch eine Laufzeitanalyse vorhergesagt werden:

- $T(1) \in \mathcal{O}(1)$
- $T(n) = aT(\frac{n}{b}) + f(n)$
 - a : Anzahl der Teilprobleme
 - b : Größe der Teilprobleme, bestimmt die Höhe des Rekursionsbaums
 - $f(n)$: Aufwand für Aufteilen und Zusammenfügen

Methode: Dynamische Programmierung

- Beschreibe optimale Lösung einer gegebenen Instanz durch optimale Lösungen „kleinerer“ Instanzen.
- Beschreibe Rekursionsabbruch.
- Löse die Rekursion “bottom-up” durch schrittweises Ausfüllen einer Tabelle der benötigten Teillösungen.

Dies ist schneller als die rekursive Methode, wenn 1. die “Rekursionstiefe” klein ist. 2. die normale Rekursion viele Mehrfachausführungen hat.

Hinweise: * Wenn wir es mit Mengen zu tun haben, können wir eine Ordnung der Elemente einführen und die Rekursion durch Zurückführen der optimalen Lösung für i Elemente auf die Lösung für $i - 1$ Elemente erhalten. * Benötigt wird dabei der Wert der optimalen Lösung für $i - 1$ Elemente. * Die Lösung selbst kann nachher aus der Tabelle rekonstruiert werden.

Dynamische Programmierung kann genutzt werden, um Optimierungsprobleme zu lösen.

Beispiele

- Fibonacci-Zahlen
- SearchMax (keine Laufzeitverkürzung möglich)
- Rucksackproblem

Methode: Gierige Algorithmen

Gierige Algorithmen sind dazu gedacht, Optimierungsprobleme zu lösen. Sie lösen das Problem schrittweise, wobei bei jedem Schritt ein lokales Kriterium optimiert wird.

Üblicherweise sind diese Algorithmen einfach zu implementieren. Die Korrektheit sicherzustellen ist dagegen schwieriger. Da immer ein lokales Kriterium optimiert wird, ist nicht sichergestellt, dass das globale Kriterium dabei optimal werden kann. Es kann also sein, dass keine oder eine suboptimale Lösung gefunden wird.

Manchmal kann eine optimale Lösung gefunden werden, manchmal kann aber nur eine approximative Lösung gefunden werden. Üblicherweise lassen sich diese Algorithmen in polynomieller Laufzeit implementieren.

Eine Idee zum Entwickeln kann sein, nur bestimmte Ereignisse zu überprüfen. Beispielsweise bei der Verteilung von (Zeit-)Intervallen sind nur die Zeitpunkte betrachten, zu denen mindestens ein Intervall beginnt oder endet.

Beweise

Zu einem bestimmten Zeitpunkt im Algorithmus muss gezeigt werden, dass der gierige Algorithmus mindestens so gut wie die optimale Lösung ist.

Beispiele

- Wechselgeldrückgabe
- IntervalScheduling
- LatenessScheduling: Interval-Scheduling mit Deadlines

Rekursion

Eine rekursive Methode ruft sich selbst mit veränderten Parametern auf. Hierzu ist zu Beginn der Methode eine Abbruchbedingung notwendig, die den einfachsten Fall des Problems löst. Ansonsten kommt es zu einer Endlosrekursion.

Zur Entwicklung von neuen Algorithmen ist Rekursion oft hilfreich, wenn man ein Problem auf eine kleinere Stufe desselben Problems runterbrechen kann. Allerdings sind manche rekursive Methoden ineffizient,³ daher sollte ein solcher Algorithmus oft verbessert / angepasst werden.

Laufzeit

Die Laufzeit kann durch eine Laufzeitanalyse vorhergesagt werden.

- $T(1) \in \mathcal{O}(1)$
- $T(n) = aT(\frac{n}{b}) + f(n)$
 - a : Anzahl der Teilprobleme
 - n/b : Größe der Teilprobleme, bestimmt die Höhe des Rekursionsbaums
 - $f(n)$: Aufwand für Aufteilen und Zusammenfügen
- Die Laufzeit beträgt normalerweise $T(n) \in \mathcal{O}(f(n) \cdot \log_b(n))$
 - $\log_b(n)$ ist die Höhe des Rekursionsbaums
 - meistens ist $b = 2$, also gilt meist $T(n) \in \mathcal{O}(f(n) \cdot \log_2(n))$
 - Auf der letzten Rekursionsstufe gibt es n Teilprobleme der Größe 1. Es gilt $b^h = n$, wobei $h = \log_b n$ die Rekursionshöhe beschreibt.

Optimierung

³Beispielsweise die Berechnung von Fibonacci-Zahlen ist rekursiv extrem ineffizient, so lange keine Ergebnisse zwischengespeichert werden.

Kostenfunktion

Für eine Eingabe I sei $S(I)$ die Menge der möglichen Lösungen. Für $L \in S(I)$ sei $\text{cost}(L)$ eine *Kostenfunktion*. Gesucht ist nun die Lösung L mit minimalen Kosten $\text{cost}(L)$.

Alternativ zu dieser Methode kann man auch eine *Wertefunktion* maximieren.

3. wichtige Datenstrukturen

Felder

Einfache Felder

Felder sind eine Datenstruktur, bei denen ein zusammenhängender Speicherblock für N Elemente reserviert wird.

Man kann zudem in einer Variable n speichern, wie viele Elemente gespeichert wurden, um sich zu merken, an welcher Stelle das nächste Element eingefügt werden darf. Dann sind immer die ersten n Elemente des Feldes verwendet.

Der Speicherbedarf ist $\mathcal{O}(N)$, ebenso wie die Laufzeit für die Suche eines Elementes $\mathcal{O}(N)$ beträgt. Das Speichern und Löschen eines Elements laufen dagegen in konstanter Laufzeit $\mathcal{O}(1)$.

Sortierte Felder

Sortierte Felder sind eine Erweiterung von Einfachen Feldern, bei denen die Elemente in sortierter Reihenfolge gespeichert sind.

Wird ein neues Element gespeichert, muss dies wie bei InsertionSort an der richtigen Position geschehen, andere Elemente müssen dazu verschoben werden. Ebenso müssen beim Löschen Elemente verschoben werden, damit nur die ersten n Positionen besetzt sind.

Dadurch ist der Speicherbedarf unverändert $\mathcal{O}(N)$. Die Suche nach einem Element erfolgt mittels BinarySearch in Laufzeit $\mathcal{O}(\log_2 N)$, allerdings brauchen Speichern und Löschen dafür die Laufzeit $\mathcal{O}(N)$.

Felder mit direkter Adressierung

Sei $U \subset \mathbb{N}_0$ ein Universum der Größe $|U|$ ($U = \{1, \dots, |U| - 1\}$). Dann gibt es keine doppelt vorkommenden Schlüssel und in dem Feld $T = \text{new array}[|U|]$ derselben Größe können Werte gespeichert werden.

Das Suchen, Einfügen und Löschen von Elementen der Liste funktioniert in konstanter Laufzeit $\mathcal{O}(1)$, da die Größe des Universums Konstant ist. Die Schlüssel für T müssen dann alle aus U stammen, zudem ist der Speicherbedarf $\Omega(|U|)$. Dies ist nicht sehr effizient.

Listen

Einfach verkettete Liste

Im Unterschied zu Feldern sind die Elemente einer Liste nicht in einem zusammenhängenden Speicherblock gespeichert. Deshalb müssen in jedem Listenelement Zeiger auf das nächste oder das folgende Element gespeichert werden.

Ein Listenelement x ist damit ein Verbunddatentyp, bestehend aus dem zu speichernden Schlüssel $\text{key}[x]$ sowie Zeiger auf das vorherige Element $\text{prev}[x]$ und / oder das folgende Element $\text{next}[x]$. Zudem wird der Zeiger auf das erste Element der Liste in $\text{head}[L]$ gespeichert. Wenn es keinen Vorgänger bzw. Nachfolger gibt, wird NIL in dem entsprechenden Zeiger gespeichert.

Doppelt verkettete Liste

Bei doppelt verketteten Listen werden sowohl Vorgänger als auch Nachfolger eines Elementes x in x gespeichert.

Wie bei einfachen Feldern sind der Speicherbedarf in $\mathcal{O}(N)$ und die Suche in $\mathcal{O}(N)$, das Speichern oder Löschen in konstanter Laufzeit $\mathcal{O}(1)$. Allerdings ist die Suche deutlich länger, da für jedes Element nicht nur ein Index erhöht wird, sondern jedes nachfolgende Element einzeln ermittelt werden muss.

(Warte-)Schlange (Queue)

Bei einer Warteschlange Q werden neue Elemente am Ende angefügt, während die Elemente vom Anfang ausgehend bearbeitet werden. Sie fällt in die Gruppe der *FIFO*-Speicher⁴. Dies kann durch eine (doppelt) verkettete Liste dargestellt werden.

$\text{head}[Q]$ verweist auf das vorderste Element von Q , $\text{tail}[Q]$ auf das Ende. Die Operation $\text{dequeue}(Q)$ entfernt das erste Element aus Q und gibt es dann zurück, die Operation $\text{enqueue}(Q, x)$ fügt das Element x am Ende von Q an.

Prioritätenschlange (Priority Queue)

Eine Prioritätenschlange Q ist eine Erweiterung der Schlange, bei der jedes Element v eine Priorität p_v hat.

Es gibt die Operationen Einfügen(Q, v) und Löschen(Q, v) wie bei der normalen Schlange. Zudem gibt es die Operation $\text{ExtractMin}(Q)$, die das Objekt mit der geringsten Priorität zurückgibt und aus Q löscht. Weiterhin kann man mit $\text{DecreaseKey}(v, p)$ die Priorität des Elements v auf den Wert p verringern.

Wird die Prioritätenschlange durch einen Rot-Schwarz-Baum realisiert, können all diese Operationen in der Worst-Case-Laufzeit $\mathcal{O}(\log_2 n)$ erfolgen. Dann wird bei $\text{DecreaseKey}(v, p)$ ein neuer Knoten angelegt und der alte gelöscht. Falls mehrere Elemente die gleichen Prioritäten haben, muss eine weitere Information zur Sortierung verwendet werden.

Graphen

Graphen bestehen aus *Knoten* und *Kanten*. Kanten können *gerichtet* sein.

⁴FIFO: first in, first out

Es gibt auch Graphenvarianten, bei denen eine Kante nur einen Knoten mit sich selbst verbindet, ebenso welche, die mehrere Kanten zwischen Knoten erlauben.

Beispielsweise das “Pageranking” von Google war ein *Graphalgorithmus*, der Google die Vorherrschaft auf dem Suchmaschinenmarkt einbrachte: Das Ranking einer Website wurde aus der Anzahl von Verweisen auf ebendiese Website ermittelt.

Wege

Ein Weg der Länge k von Knoten u zu Knoten v in einem Graph $G = (V, E)$ ist eine Sequenz von $k + 1$ Knoten (v_0, \dots, v_k) mit $u = v_0$ und $v = v_k$, die paarweise durch Kanten $(v_{i-1}, v_i) \in E$ verbunden sind (mit $k = 1, \dots, k$).

Erreichbarkeit u ist von v aus erreichbar, wenn es einen Weg von u nach v gibt.

Einfachheit Ein Weg heißt einfach, wenn kein Knoten mehrfach auf dem Weg vorkommt.

Kreis Ein Kreis ist ein Weg (v_0, \dots, v_k) , bei dem Startknoten v_0 und Endknoten v_k identisch sind ($v_0 = v_k$).

Ein Kreis heißt einfach, wenn der Weg ein einfacher Weg ist, also wenn kein Knoten mehrfach auf dem Weg vorkommt.

Ein negativer Kreis ist ein Kreis in einem gewichteten Graphen, bei dem die Summe der Gewichte entlang des Kreises negativ ist. Wenn es einen negativen Kreis gibt, gibt es keinen (wohldefinierten) kürzesten Weg.

Länge von Wegen Sei $G = (V, E)$ ein Graph. Dann ist $w : E \rightarrow \mathbb{R}$ eine Abbildung, die die Länge $w(e)$ der Kante $e \in E$ oder die Länge $w(u, v)$ der Kante (u, v) beschreibt. Für den Weg $p = \langle v_0, v_1, \dots, v_k | v_0, v_1, \dots, v_k \rangle$ ist die Länge des Weges p durch $w(p) = \sum_{i=1}^k w(v_{i-1}, v_i)$ gegeben.

Kürzester Weg Sei G ein Graph, dann gibt $\delta(u, v) = \min_{\{p\}} w(p)$ die Länge des kürzesten Weges u nach v an. $\{p\}$ ist dabei die Menge aller Wege von u nach v . Falls es keinen Weg von u nach v gibt, gilt $\delta(u, v) = \infty$.

Wenn $\langle v_1, \dots, v_k | v_1, \dots, v_k \rangle$ ein kürzester Weg von v_1 nach v_k ist, dann ist $\forall 1 \leq i < j \leq k$ der Weg $\langle v_i, \dots, v_j | v_i, \dots, v_j \rangle$ ein kürzester Weg von v_i nach v_j . In diesem kommt kein Knoten doppelt vor.

Sei $G = (V, E)$ ein gewichteter Graph und sei $s \in V$ ein beliebiger Knoten, dann gilt für jede Kante $(u, v) \in E$, dass $\delta(s, v) \leq \delta(s, u) + w(u, v)$.

Hat G einen negativen Kreis, so gibt es keinen wohldefinierten kürzesten Weg. Negative Kreise können werden, falls sich der kürzeste Weg nach $|V|$ Kanten für mindestens einen Knoten ändert.

Wald & Bäume

Ein kreisfreier ungerichteter Graph heißt Wald. Ein ungerichteter, zusammenhängender, kreisfreier Graph heißt Baum.

Nachbar

Ein Knoten u ist ein Nachbar eines Knotens v in einem Graph $G = (V, E)$, wenn es eine Kante $(v, u) \in E$ gibt, die sie verbindet.

Gerichtete Graphen

Ein gerichteter Graph ist ein Paar (V, E) , wobei die Knotenmenge V eine endliche Größe $|V|$ hat und $E \subseteq V \times V$ die Kantenmenge des Graphen ist. Eine gerichtete Kante von u nach v wird als (u, v) geschrieben.

Ein gerichteter Graph heißt *stark zusammenhängend*, wenn es von jedem Knoten einen Weg zu jedem anderen Knoten im Graph gibt. Die *starken Zusammenhangskomponenten* eines Graphen sind die Äquivalenzklassen der Relation “ist beidseitig erreichbar.”

Der *Ausgangsgrad* eines Knotens in einem gerichteten Graph ist die Anzahl Kanten, die den Knoten verlassen. Der *Eingangsgrad* eines Knotens in einem gerichteten Graph ist die Anzahl Kanten, die auf den Knoten zeigen.

Ungerichtete Graphen

Ein ungerichteter Graph ist ein Paar (V, E) , wobei die Knotenmenge V eine endliche Größe $|V|$ hat und $E = \{(a, b) | a, b \in V\}$ die Menge aller Knotenpaare des Graphen ist. Kanten werden als $\{u, v\}$ geschrieben, oft wird aber auch als (u, v) , was dieselbe Kante wie (v, u) darstellt.

Ein ungerichteter Graph heißt *zusammenhängend*, wenn es von jedem Knoten einen Weg zu jedem anderen Knoten im Graph gibt. Die *Zusammenhangskomponenten* eines Graphen sind die Äquivalenzklassen der Relation “ist erreichbar.”

Der *Grad* eines Knotens v in einem ungerichteten Graph ist die Anzahl Kanten, die an v anliegen.

Für die Adjazenzmatrix A gilt $A = A^T$, für die Adjazenzliste Adj gilt $u \in \text{Adj}[v] \Leftrightarrow v \in \text{Adj}[u]$.

Gewichtete Graphen

Es gibt gewichtete und ungewichtete Graphen. Bei gewichteten Graphen haben Knoten und / oder Kanten Gewichte.

Wenn ein Graph ein Straßenverkehrsnetz darstellt, können solche Gewichte beispielsweise die erlaubte Höchstgeschwindigkeit oder die Durchschnittsgeschwindigkeit sein.

Bei gewichteten Graphen können Kanten i.A. auch negative Gewichte haben. Dann kann es sein, dass ein kürzester Weg nicht wohldefiniert ist, insbesondere wenn es Kreise gibt, die einen “negativen” Weg haben.

Zusammenhang

Ein gerichteter Graph heißt *stark zusammenhängend*, wenn es von jedem Knoten einen Weg zu jedem anderen Knoten im Graph gibt. Ein ungerichteter Graph heißt *zusammenhängend*, wenn es von jedem Knoten einen Weg zu jedem anderen Knoten im Graph gibt.

Zusammenhangskomponenten Die *starken Zusammenhangskomponenten* eines Graphen sind die Äquivalenzklassen der Relation “ist beidseitig erreichbar.” Die *Zusammenhangskomponenten* eines Graphen sind die Äquivalenzklassen der Relation “ist erreichbar.”

Knotengrade

Der *Ausgangsgrad* eines Knotens in einem gerichteten Graph ist die Anzahl Kanten, die den Knoten verlassen. Der *Eingangsgrad* eines Knotens in einem gerichteten Graph ist die Anzahl Kanten, die auf den Knoten zeigen.

Darstellungen

Adjazenzmatrix Für dicht besetzte Graphen mit $|E| \lesssim |V|^2$ eignen sich Adjazenzmatrizen zur Speicherung der Knoten.

Hierbei ist $A = (a_{ij})$ eine $|V| \times |V|$ -Matrix. Hierbei wird für jedes Knotenpaar gespeichert, ob sie durch eine Kante verbunden sind. Bei gewichteten Graphen wird stattdessen das Gewicht w gespeichert, bei ungewichteten gilt $w = 1$. Bei ungerichteten Graphen gilt $A = A^T$.

$$a_{ij} = \begin{cases} w & : (i, j) \in E \\ 0 & : (i, j) \notin E \end{cases}$$

Adjazenzlisten Für dünn besetzte Graphen mit $|E| \ll |V|^2$ eignen sich besonders Adjazenzlisten zum Speichern der Kanten. Hierbei wird für jeden Knoten v eine Liste angelegt, in der die Nachbarn von v gespeichert sind.

Es gibt ein Feld Adj mit $|V|$ Einträgen, je einem pro Knoten. $\text{Adj}[v]$ enthält die Knoten u , die mit v benachbart sind. Es gibt also für jedes u eine Kante $(u, v) \in E$.

Für ungerichtete Graphen gilt $u \in \text{Adj}[v] \Leftrightarrow v \in \text{Adj}[u]$.

Für gewichtete Graphen wird das Gewicht $w(u, v)$ zusammen mit dem Knoten v in der Adjazenzliste $\text{Adj}[u]$ von u gespeichert.

Bäume

Ein Baum ist ungerichteter, zusammenhängender und kreisfreier Graph.

Baumhöhe

Die Höhe eines Baums mit Wurzel v ist die Anzahl Kanten des längsten einfachen Weges von der Wurzel zu einem Blatt.

Ein Binärbaum der Höhe h hat maximal $2^{h+1} + 1$, aber mindestens $\lfloor \log_2 n \rfloor$ Knoten.

Rotationen

Rotationen können die Struktur von Suchbäumen verändern und gleichzeitig die Suchbaumeigenschaft aufrecht erhalten. Sie werden dazu genutzt, Suchbäume zu balancieren.

Sei p ein Knoten in einem Rot-Schwarz-Baum mit $\text{left}[p] = l$ und $\text{right}[p] = r$.

Dann verschiebt eine Rechtsrotation die Struktur nach rechts, sodass l die Position von p einnimmt und $p = \text{right}[l]$ wird. Eine Linksrotation verschiebt die Struktur nach links, sodass r die Position von p einnimmt und $p = \text{left}[r]$ wird.

Anders formuliert wirkt eine Rechtsrotation rechts herum im Uhrzeigersinn, und eine Linksrotation links herum gegen den Uhrzeigersinn.

Onkelknoten

Der Onkelknoten eines Knotens v mit einer Tiefe von mindestens 2 ist das Kind von $\text{parent}[\text{parent}[v]]$, das nicht $\text{parent}[v]$ ist.

Tiefe eines Knotens

Die Tiefe eines Knotens v ist die Länge eines Weges von der Wurzel zu v .

Binärbäume

Ein Binärbaum T ist eine Struktur, die auf einer endlichen Menge definiert ist. Diese Menge nennt man auch die *Knotenmenge* des Binärbaums. Daher ist die leere Menge ein *leerer Baum*. Graphen sind eine Untergruppe der Graphen.

Ein Binärbaum ist ein Tripel (v, T_1, T_2) , wobei T_1 und T_2 wiederum Binärbäume mit disjunkten Knotenmengen V_1 und V_2 sind und $v \notin V_1 \cup V_2$ Wurzelknoten heißt. Die Knotenmenge des Baums ist dann $v \cup V_1 \cup V_2$. T_1 heißt linker Unterbaum von v und T_2 heißt rechter Unterbaum von v . Blattknoten sind die Knoten, deren Unterbäume leer sind. Der Wurzelknoten ist der einzige Knoten, der keine Elternknoten hat.

Ein Knoten v ist ein Verbundobjekt aus dem Schlüssel $\text{key}[v]$ sowie Zeigern auf den Elternknoten $\text{parent}[v]$, den linken Unterbaum $\text{left}[v]$ und den rechten Unterbaum $\text{right}[v]$. Zudem gibt es einen Zeiger $\text{root}[T]$, der auf den Wurzelknoten des Baumes T zeigt.

Binäre Suchbäume

In einem binären Suchbaum werden die Schlüssel sortiert in einem Binärbaum gespeichert.

Seien y ein Knoten in einem binären Suchbaum und x der Elternknoten von y . Wenn $\text{key}[y] > \text{key}[x]$, dann ist y der rechte Unterbaum, ansonsten ist er der linke Unterbaum.

$$\begin{cases} \text{key}[y] \leq \text{key}[x] : & y = \text{left}[x] \\ \text{key}[y] > \text{key}[x] : & y = \text{right}[x] \end{cases}$$

Sei x ein Knoten in einem binären Suchbaum mit zwei Kindern. Dann hat der Nachfolger von x maximal ein Kind, da der Nachfolger den nächstgrößeren Schlüssel hat.

Suchalgorithmen brauchen die Laufzeit $\mathcal{O}(h)$, wobei h die Höhe des Baumes ist. Das Speichern eines neuen Schlüssels benötigt allerdings auch die Laufzeit $\mathcal{O}(h)$, da zunächst die richtige Position gesucht werden muss.

Die Worst-Case-Speichergröße eines binären Suchbaums ist $\Omega(n)$. Dieser Fall tritt ein, falls die Eingabewerte sortiert sind.

Rot-Schwarz-Bäume

Rot-Schwarz-Bäume sind balancierte binäre Suchbäume, die nach dem Speichern oder Löschen eines Knotens immer so balanciert werden, dass eine Baumhöhe von $\mathcal{O}(\log_2 n)$ garantiert wird. Das Speichern und Löschen kann ebenso wie das Suchen in einer Laufzeit von $\mathcal{O}(\log_2 n)$ erfolgen.

Der Verbundtyp eines Knotens k enthält die Elemente Farbe $\text{color}[k]$ und Schlüssel $\text{key}[k]$ sowie Zeiger zu dem Elternknoten $\text{parent}[k]$ und den Unterbäumen $\text{left}[k]$ sowie $\text{right}[k]$. Zeiger auf NIL werden als Zeiger auf Blätter interpretiert, die leere Bäume sind.

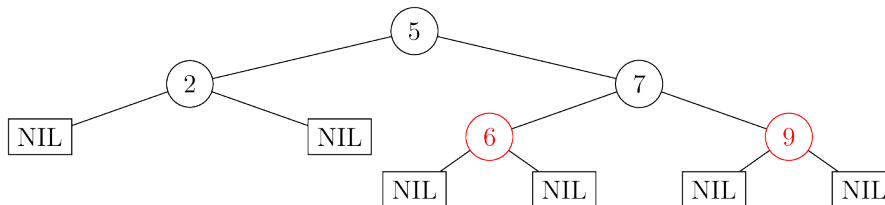


Figure 1: Rot-Schwarz-Baum

In Darstellungen wird üblicherweise auf die NIL-Einträge verzichtet.

Die Rot-Schwarz-Eigenschaft Jeder Knoten ist entweder rot oder schwarz, die Wurzel und alle Blätter sind schwarz, ebenso alle Kinder eines roten Knotens. Zudem haben alle Pfade von einem beliebigen Knoten zu den Blättern dieselbe Anzahl an schwarzen Knoten.

Da keine zwei aufeinanderfolgende Knoten in einem Suchpfad rot sein dürfen und alle Pfade zu einem Blatt gleich viele schwarze Knoten haben, hat der Baum eine logarithmische Höhe.

Es gibt nach dem Einfügen oder Löschen eines Knotens zwei Bedingungen, die verletzt sein können. Deshalb muss der Baum neu balanciert werden. Dabei kann die Wurzel rot sein oder es kann ein roter Knoten ein rotes Kind haben.

Der NIL-Knoten Zur Implementierung ist es sinnvoll, einen besonderen Knoten zu definieren. Dieser Knoten heißt $\text{NIL}[T]$ und hat alle Werte auf NIL gesetzt. Nur $\text{key}[\text{NIL}[T]]$ darf 0 sein und somit davon abweichen. Dann werden alle Verweise in Bäumen, die NIL wären, auf den NIL-Knoten gesetzt. Im obigen Beispiel zeigen demnach die Knoten 2, 6 und 9 je zweimal (left und right) auf $\text{NIL}[T]$. In Darstellungen wird $\text{NIL}[T]$ normalerweise nicht gezeichnet.

Die Schwarzhöhe Die Schwarzhöhe $\text{sh}(v)$ eines Knotens v in einem Rot-Schwarz-Baum ist die Anzahl der schwarzen Knoten ohne Knoten v auf einem Pfad von v zum Knoten $\text{NIL}[T]$. Hierbei wird $\text{NIL}[T]$ mitgezählt, falls $v \neq \text{NIL}[T]$.

Ein Unterbaum mit der Wurzel v eines Rot-Schwarz-Baums hat mindestens $2^{\text{sh}(v)-1}$ interne Knoten.

Minimale Spannbäume

Sei $G = (V, E)$ ein gewichteter, ungerichteter, zusammenhängender Graph. Dann ist ein minimaler Spannbaum ein aufspannender Baum mit dem minimalen Gesamtgewicht.

Sei $G = (V, E)$ ein ungerichteter, gewichteter, zusammenhängender Graph. Sei (v_0, \dots, v_k) ein einfacher Kreis in G und sei e eine Kante des Kreises mit maximalem Gewicht. Dann ist der Graph $G' = (V, E \setminus \{e\})$ zusammenhängend und der minimale Spannbaum hat dasselbe Gewicht wie der minimale Spannbaum von G .

Aufspannende Bäume

Ein aufspannender Baum ist ein Baum, dessen Knoten die gesamte Knotenmenge V eines Graphen $G = (V, E)$ bilden.

Hashtabellen

Da Felder mit direkter Adressierung einen extrem ineffizienten Speicherbedarf haben, wird stattdessen eine *Hashfunktion* $h : U \rightarrow \{1, \dots, m-1\}$ verwendet, die das Universum U auf eine Hashtabelle $T[0..m-1]$ der Größe m abbildet. Für einen Schlüssel k nennen wir $h(k)$ den Hashwert von k .

Kollisionen

Kollisionen sind möglich, das heißt es gibt verschiedene Schlüssel a, b gibt, die den selben Hashwert $h(a) = h(b)$ haben.

Dies kann durch Verkettungen in Hashtabellen gelöst werden. Dabei verweist jeder Eintrag in der Hashtabelle T auf eine verkettete Liste, die die Schlüssel speichert. Alternativ kann die offene Adressierung verwendet werden.

Hashfunktionen

Hashfunktionen werden in der Regel zufällig gewählt, weil bei einer zufälligen Wahl nur wenige Kollisionen zu erwarten sind. Allerdings benötigt die Abbildung einer vollständig zufälligen Hashfunktion viel Speicher.

Deswegen wird oft eine Hashfunktion h zufällig aus einer Menge geeigneter Funktionen gewählt, sodass sich die Hashfunktion ähnlich einer vollständig zufälligen Hashfunktion verhält.

- Divisionsmethode: $h(k) = k \bmod m$
 - m sei eine Primzahl, die nicht zu nah an einer Zweierpotenz liegt
- Multiplikationsmethode: $\exists A \in (0, 1) : h(k) = \lfloor m(kA \wedge \lfloor kA \rfloor) \rfloor$
- Universelles Hashing: $h_{a,b}(k) = ((ak + b) \bmod p) \bmod m$
 - $a \in \{1, \dots, p-1\}$ und $b \in \{0, \dots, p-1\}$ werden zufällig gewählt

Die erwartete Durchschnittslaufzeit für Suchen, Einfügen und Löschen ist $\mathcal{O}(1 + \frac{n}{m})$, wobei n die Anzahl gespeicherter Schlüssel und m die Größe der Hashtabelle ist.

Offene Adressierung

Alle Schlüssel werden in der Hashtabelle T gespeichert. Beim Einfügen, suchen oder löschen wird des Schlüssels wird zunächst $T[h(k)]$ ausprobiert. Falls das Element belegt ist bzw. den falschen Wert enthält, wird $T[h(k) + 1]$, dann $T[h(k) + 2]$ und so weiter, bis entweder alle Elemente aus T ausprobiert wurden oder das entsprechende / freie Feld gefunden wurde.

Ein freies Feld wird meist mit -1 markiert, ein gelöscht mit -2 . Die spezielle Markierung eines gelöschten Feldes ist notwendig, weil die Suche nicht bei einem gelöschten Element abbrechen darf, da das gesuchte Element danach folgen kann.

Union-Find-Datenstrukturen

Union-Find-Datenstrukturen speichern Partitionen $\mathcal{S} = \{S_1, \dots, S_k\}$ einer Grundmenge $V = \bigcup_i S_i$. Diese Partitionen sind disjunkt ($\forall i \neq j : S_i \cap S_j = \emptyset$), zudem gibt es für jede Partition einen Repräsentanten, der gespeichert wird.

Die Operation $\text{Make-Set}(x)$ erzeugt eine neue Menge, die nur das Element $x \in V$ enthält, und fügt x in V ein. Die Operation $\text{Union}(x, y)$ vereint die Mengen, die x und y enthalten. Die Operation $\text{Find}(x)$ gibt eine Referenz auf den Repräsentanten der Menge $M \ni x$ zurück.

Diese Datenstruktur kann durch eine Menge an verketteten Listen dargestellt werden, bei der das erste Element einer Liste der Repräsentant ist. Jedes Listenelement enthält einen Zeiger auf den Repräsentanten, um die Gruppenzugehörigkeit darzustellen.

Die Operationen $\text{Make-Set}(x)$ und $\text{Find}(x)$ funktionieren in konstanter Laufzeit ($\mathcal{O}(1)$). Die Operation $\text{Union}(x, y)$ kann realisiert werden, indem die Liste mit y an die Liste mit x angehängt wird. Dann muss jedes Element, das zur Liste mit y gehörte, die Referenz auf den Repräsentanten auf x aktualisiert bekommen, dies benötigt eine Worst-Case-Laufzeit von $\mathcal{O}(m)$, wobei m die Größe der kleineren Liste ist. Daraus folgt, dass immer die kleinere Liste an die größere Liste angehängt werden muss.

Wenn wir verkettete Listen als Union-Find Datenstruktur benutzen und bei einer Union-Operation immer die kürzere hinter die längere Liste hängen und entsprechend aktualisieren, dann benötigt eine Sequenz von m Operationen aus

Make-Set, Union und Find, von denen n Operationen Make-Set sind, $\mathcal{O}(m + n \log_2 n)$ Zeit.

4. wichtige Algorithmen

Rekursionsalgorithmen

Insertion Sort

```
InsertionSort(A, n) \\ Feld A der Länge n wird übergeben
  for i=2 to n do
    x = A[i]
    j = i - 1
    while j>0 and A[j]>x do
      A[j+1] = A[j]
      j = j - 1
    A[j+1] = x
```

Die Worst-Case-Laufzeit von InsertionSort ist $\Theta(n^2)$.

deskriptiver Pseudocode

```
InsertionSort(A, n) \\ Feld A der Länge n wird übergeben
  if n=1 return \\ n=1 ist sortiert
  x = A[n] \\ speichere das letzte Element
  InsertionSort(A,n-1) \\ sortiere das Feld bis n-1
  Füge x an die korrekte Stelle in A ein
```

Merge Sort

MergeSort sortiert erst beide Hälften eines Feldes separat, bevor es sie zusammenfügt. Dadurch wird das Feld rekursiv sortiert.

- Erster Aufruf: MergeSort($A, 1, n$) mit einem Feld A der Länge n .
- Worst-Case-Laufzeit:
$$T(n) \leq \begin{cases} 1 & \Leftrightarrow n = 1 \\ 2T(\frac{n}{2}) + n & : \text{sonst} \end{cases} \Rightarrow T(n) = \mathcal{O}(n \log_2 n)$$

Satz: Der Algorithmus MergeSort(A, p, r) sortiert das Feld $A[p..r]$ korrekt. Satz: Der Algorithmus MergeSort($A, 1, n$) hat eine Laufzeit von $\mathcal{O}(n \log_2 n)$.

deskriptiver Pseudocode

```
MergeSort(A,p,r) \\ Sortiert A[p..r]
  if p<r then \\ Rekursionsabbruch, wenn p=r
    int q = (p+r)/2 \\ Berechne die Mitte (Gaußklammer)
    MergeSort(A,p,q) \\ Sortiere linke Teilhälfte
    MergeSort(A,q+1,r) \\ Sortiere rechte Teilhälfte
    Merge(A,p,q,r) \\ Füge die Teile zusammen
```

Pseudocode: Merge

```
Merge(A, p, q, r)
  B = new array[1..(r-p+1)] \\ Feld zum Einsortieren
  i = p \\ aktuelle Position linker Teilarray
  j = q+1 \\ aktuelle Position rechter Teilarray
  for k=1 to r-p+1 do
    \\ wenn rechter Rand überschritten wurde oder das linke Element kleiner ist
    if i <= q and (j>r or A[i] <= A[j])
      then
        \\ dann nehme das linke Element (falls vorhanden)
        B[k] = A[i] \\ in richtige Position in B einfügen
        i = i+1
      else
        \\ sonst nehme das rechte Element
        B[k] = A[j] \\ in richtige Position in B einfügen
        j = j+1
  A[p..r] = B[1..(r-p+1)] \\ kopiere Daten von B nach A
```

BinarySearch

BinarySearch sucht erst in beiden Hälften eines Feldes separat, die Ergebnisse vergleicht. Dadurch wird das Feld rekursiv durchsucht.

Satz: Die Laufzeit von $\text{BinäreSuche}(A, x, p, r)$ ist $\mathcal{O}(\log_2 n)$, wobei $n = r - p + 1$ die Größe des zu durchsuchenden Bereichs ist. Satz: Der Algorithmus $\text{BinäreSuche}(A, x, p, r)$ findet den Index einer Zahl x in einem sortierten Feld $A[p..r]$, sofern x in $A[p..r]$ vorhanden ist.

deskriptiver Pseudocode

```
BinarySearch(A,x,p,r) \\ Finde Zahl x in sortiertem Feld A[p..r]
  if p=r then return p \\ sofern vorhanden
  else \\ Ausgabe: Index der gesuchten Zahl
    int q = (p+r)/2 \\ Berechne die Mitte (Gaußklammer)
    if x <= A[q] then return BinarySearch(A,x,p,q)
    else return BinarySearch(A,x,q+1,r)
```

n -Ziffer-Integer Multiplikation

Für große Zahlen wird angenommen, dass jede Ziffer eine Speicherzelle benötigt. Zwei n -Ziffer-Zahlen kann in der Laufzeit $\Theta(n)$ berechnet werden. Eine n -Ziffer kann in Laufzeit $\Theta(n + k)$ mit 10^k multipliziert werden.

Dazu wird wie bei der schriftlichen Multiplikation vorgegangen, wobei A, B, C, D n -Ziffern sind. $AB \cdot CD = 100AC + 10(AD + BC) + BD$. Dies sind 4 Multiplikationen von n -Ziffern. Die Laufzeit ist allerdings $T(n) = 4T(\frac{n}{2}) + cn \in \Theta(n^2)$.

Effizienter wird die Multiplikation, wenn die Identität $(A + B)(C + D) = AC + BC + AD + BD$ verwendet wird. Damit kann die Summe $BC + AD$ durch $(A + B)(C + D) - AC - BD$ ausgedrückt werden, die Werte AC und BD müssen ohnehin berechnet werden. Dadurch kann man sich eine Multiplikation sparen und man erhält die Laufzeit von $T(n) = 3T(\frac{n}{2}) + cn \in \Theta(n)$.

Algorithmus von Strassen (Matrixmultiplikation)

Mithilfe des Algorithmus von Strassen kann das Produkt zweier $n \times n$ -Matrizen rekursiv in der Worst-Case-Laufzeit $\mathcal{O}(n^2)$ berechnet werden.

Dazu kann jede $n \times n$ -Matrix in 4 Teilmatrizen der Größe $\frac{n}{2} \times \frac{n}{2}$ aufteilen. Dann werden $8 \frac{n}{2} \times \frac{n}{2}$ -Matrizen multipliziert und $4 \frac{n}{2} \times \frac{n}{2}$ -Matrizen addiert.

$$\begin{pmatrix} A & B \\ C & D \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} E & F \\ G & H \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} AE + BG & AF + BH \\ CE + DG & CF + DH \end{pmatrix}$$

Mit dieser simplen Methode ist die Laufzeit $T(n) \in \mathcal{O}(n^{\log_2 8}) \subseteq \mathcal{O}(n^3)$.

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

Es können einige Relationen verwendet werden, um die Multiplikation einer $\frac{n}{2} \times \frac{n}{2}$ -Matrix zu sparen.

- $P_1 = A(F - H)$
- $P_2 = (A + B)H$
- $P_3 = (C + D)E$
- $P_4 = D(G - E)$
- $P_5 = (A + D)(E + H)$
- $P_6 = (B - D)(G + H)$
- $P_7 = (A - C)(E + F)$
- $AE + BG = P_4 + P_5 + P_6 \circ P_2$
- $AF + BH = P_1 + P_2$
- $AF + BH = P_1 + P_2$
- $AF + BH = P_1 + P_5 \circ P_3 \circ P_7$

Auf diese Weise kann das Produkt zweier $n \times n$ -Matrizen in der Laufzeit $\mathcal{O}(n^{\log_2 7}) \subseteq \mathcal{O}(n^2)$ berechnet werden.

Dynamische Programmierung

Fibonacci-Zahlen

primitiver rekursiver Algorithmus

```
FibRecursive(n)
  if n=1 then return 1
  if n=2 then return 1
  return Fib2(n-1) + Fib2(n-2)
```

FibRecursive hat eine Laufzeit von $T(n) \in \Omega(2^n)$, da für jede Rekursionsebene 2-mal der komplette Rekursionsbaum aufgerufen werden muss. Beispielsweise wird FibRecursive(6) dreimal FibRecursive(3) aufrufen.

$$T(n) = \begin{cases} 2 & n = 1 \\ 3 & n = 2 \\ T(n-1) + T(n-2) + 1 & n > 2 \end{cases}$$

dynamischer Algorithmus Ein besserer Algorithmus speichert Zwischenergebnisse, um doppelte Berechnungen zu vermeiden. Dies gehört zur Dynamischen Programmierung und benötigt eine Worst-Case-Laufzeit von $\mathcal{O}(n)$.

```
Fib1(n)
  F = new array[1..n]
  F[1] = 1
  F[2] = 1
  for i=3 to n do
    F[i] = F[i-1] + F[i-2]
  return F[n]
```

SearchMax

Suche das Maximum der Werte in einem Feld A der Länge n . In diesem Fall bringt die Dynamische Programmierung keine Laufzeitverkürzung.

rekursiv Rekursiver Algorithmus.

```
SearchMaxRecursive(A, n)
  if n=1 then return A[1]
  prev_max = SearchMaxRecursive(A, n-1)
  return max{prev_max, A[n]}
```

dynamisch Algorithmus nach Dynamischer Programmierung.

```
MaxSucheDP(A,n)
  Max = new array [1..n]
  Max[1] = A[1]
  for i=2 to n do
    Max[i] = max{Max[i-1], A[i]}
  return Max[n]
```

Partition

Sei eine Menge natürlicher Zahlen $M \subset \mathbb{N}$ gegeben. Nun soll festgestellt werden, ob M in zwei Mengen L, R aufgeteilt werden kann, sodass die Summe aller Elemente in den Teilmengen gleich ist.

$$\sum_{x \in L} x = \sum_{y \in R} y$$

- Das Partitionsproblem ist NP -vollständig.
- Die Frage, ob man Partition in *polynomieller* Laufzeit lösen kann, ist äquivalent zur Frage ob P gleich NP ist.
- Sei $W = \sum_{x \in M} x$, so kann man die zwei Teilmengen L, R genau dann finden, wenn es eine Teilmenge L mit $\sum_{x \in L} x = \frac{W}{2}$ gibt.

SubsetSum

SubsetSum löst eine verallgemeinerte Fragestellung aus der Partitionsfrage. Gibt es für ein gegebenes U eine Teilmenge $L \subseteq M$, für die $U = \sum_{x \in L} x$ gilt?

- Sei $M = \{x_1, \dots, x_n\}$ eine Menge, deren Elemente eine Reihenfolge haben.
- Definiere Indikatorfunktion $\text{Ind}(U, m)$.

Entwicklung des Algorithmus

1. Sei $x_n \in L$
 - Es gilt $L = \{x_n\} \cup L \setminus \{x_n\}$.
 - Sei $U' = U - x_n$
 - Gesucht wird eine Menge $L' \subseteq L \setminus \{x_n\} : U' = \sum_{x \in L'} x$
2. Sei $x_n \notin L$
 - Gesucht wird eine Menge $L' \subseteq L \setminus \{x_n\} : U = \sum_{x \in L'} x$

Indikatorfunktion

$$\text{Ind}(U, m) = \begin{cases} \text{true} & \exists L \subseteq M : U = \sum_{x \in L} x \\ \text{false} & \nexists L \subseteq M : U = \sum_{x \in L} x \end{cases}$$

Rekursive Beschreibung

```

Ind(A, U, n)
  if n=1
  then
    if U>0 \ \ Ind(0, 1)
    then return true
    else \ \ Ind(U, 1)
    if A[1]=U
    then return true
    else return false
  if U>=x and Ind(A, U-x, n-1) = true then return true
  return Ind(A, U, n-1)

```

Pseudocode

```

SubsetSum(A, U, n)
  \ \ initialisiere Indikator
  Ind = new array [0..U][1..n]
  for j=1 to U do
    Ind[j,1] = false
  Ind[0,1] = true \ \ leere Menge
  if A[1] <= U \ \ Menge {A[1]}
  then Ind[A[1],1] = true

  \ \ suche nach Teilmenge
  for i=2 to n do
    for u=0 to U do
      Ind[u,i] = false
      if Ind[u,i-1] = true then Ind[u,i] = true
      if u>=A[i] und Ind[u-A[i], i-1] = true
      then Ind[u,i] = true
  return Ind[U,n]

```

$\text{SubsetSum}(A, U, n)$ hat eine Laufzeit von $T(n) = \mathcal{O}(nU)$.

Korrektheitsbeweis Der Korrektheitsbeweis nutzt die Schleifeninvariante $\text{Ind}[u, i] = \text{true}$ genau dann, wenn es eine Teilmenge der ersten i Zahlen aus A gibt, die sich zu u aufsummieren.

Optimierungsprobleme

Rucksackproblem

Es gibt einen Rucksack mit begrenzter Kapazität, in den Objekte mit verschiedenen Größen und verschiedenen Werten gepackt werden sollen. Ziel ist es, den Rucksack mit dem größtmöglichen Wert zu befüllen.

Dazu hat man eine Menge $M = \{1, \dots, n\}$ an Objekten, die jeweils eine Größe und einen Wert haben. Dies kann man auch durch getrennte Felder für die Werte w_i , die Gewichte g_i und die Rucksackgröße G darstellen.

Dies ist ein Optimierungsproblem.⁵

Wechselgeldrückgabe

Ein eingegebener Centbetrag soll mit möglichst wenig Münzen zurückgegeben werden. Dies wird mit einem gierigen Algorithmus gelöst.

Sei B der Centbetrag. Ein gieriger Algorithmus wählt zunächst die größte verfügbare Münze M mit $M \leq B$ aus und sucht die optimale Rückgabe für den Restbetrag $B - M$.

Korrektheit Angenommen, die Menge der Münzen sei $\{50, 10, 5, 1\}$, dann funktioniert der Algorithmus.

Falls die Menge der Münzen aber $\{50, 10, 7, 5, 1\}$ ist, löst der Algorithmus das Problem nicht: Sei $B = 14$, so liefert der Algorithmus $(1 \times 10, 4 \times 1)$ als Ergebnis. Die optimale Lösung wäre aber (2×7) .

Interval-Scheduling

Ziel ist es, eine Ressource möglichst effektiv zu nutzen. Dies bedeutet, dass die Ressource möglichst wenig genutzt wird oder immer möglichst schnell wieder freigegeben wird.

Notation Sei die Eingabe eine Menge von Intervallen. In Pseudocode kann dies durch die Anzahl n , sowie Felder mit den Anfangswerten A und den Endwerten E dargestellt werden.

Gesucht sei die Menge $S \subseteq \{1, \dots, n\}$, sodass die Anzahl der Elemente maximiert wird, wenn sich die verschiedenen Intervalle nicht überlappen. $\forall i \in S : \exists i \neq j \in S : E[i] \leq A[j] \vee E[j] \leq A[i]$.

Kompatible Intervalle Zwei Intervalle heißen kompatibel, wenn sie sich nicht teilweise überlappen. D.h. mit Feldern der Anfangswerte A und Feldern der Endwerte E gilt $\forall i \in S : \exists i \neq j \in S : E[i] \leq A[j] \vee E[j] \leq A[i]$.

⁵siehe Kapitel 10: *Optimierungsprobleme*

Gieriger Algorithmus

1. Wähle ein Intervall i_j geschickt und füge es in die Ergebnismenge S ein.
2. Entferne alle Intervalle, die nicht mit i_j kompatibel sind.
3. Gehe zu 1.

Die Schwierigkeit liegt in Schritt 1. Sowohl die Wahl des erstmöglichen Intervalls als auch die Wahl des kürzesten Intervalls liefert nicht immer das gewünschte Ergebnis. Da die Ressource immer möglichst früh freigegeben werden soll, kann man immer das Intervall nehmen, das am frühesten endet.

Der Algorithmus IntervalSchedule berechnet in Laufzeit $\mathcal{O}(n)$ eine optimale Lösung, wenn die Eingabe nach Endzeit der Intervalle sortiert ist. Die Sortierung kann in $\mathcal{O}(n \log n)$ Zeit berechnet werden.

Voraussetzung: Die Intervalle sind nach Endzeitpunkt sortiert.

```
IntervalScheduling(A,E,n)
  S = {1}
  j = 1
  for i=2 to n do
    if A[i] >= E[j] then
      S = S + {i} \\ Vereinigungsmenge
      j = i
  return S
```

Interval-Scheduling mit Deadlines

Wie beim Interval-Scheduling soll eine Ressource bestmöglich genutzt werden. Im Unterschied zu den dortigen Bedingungen sollen hier aber bestimmte Aufgaben gelöst werden, die die Ressource für eine gewisse Dauer in Anspruch nehmen. Zudem hat jede Aufgabe eine Deadline, zu der sie erfüllt sein soll.

Wird eine Aufgabe z Zeiteinheiten nach der Deadline erfüllt, hat sie eine Verzögerung von z . Wird eine Aufgabe innerhalb der Deadline beendet, hat sie eine Verzögerung von 0.

In diesem Fall wird so optimiert, dass die maximale Verzögerung minimiert wird. Hierzu müssen die Aufgaben in der Reihenfolge ihrer Deadlines bearbeitet werden.

Notation Sei die Eingabe eine Menge von Intervallen. In Pseudocode kann dies durch die Anzahl n , sowie Felder mit den Laufzeiten t und den Deadlines d .

Es sollen die Startzeitpunkte der jeweiligen Aufgaben zurückgegeben werden.

Pseudocode Unter der Annahme, dass die Aufgaben in Reihenfolge ihrer Deadlines nicht-absteigend sortiert sind, löst der folgende Algorithmus das Problem in Laufzeit $T(n) \in \mathcal{O}(n)$ optimal und ohne Leerlauf.

```
LatenessScheduling(t,d,n)
  A = new array [1..n]
  z=0
  for i=1 to n do
    A[i] = z
```



```

    z = z + t[i]
return A

```

Leerlauf Alle Lösungen ohne Leerlauf, bei denen die Aufgaben nicht-absteigend nach Deadline sortiert sind, haben dieselbe maximale Verzögerung. Es gibt immer eine optimale Lösung ohne Leerlauf, bei der die Aufgaben nicht-absteigend nach Deadline sortiert sind.

Inversion Eine Reihenfolge von Aufgaben hat eine Inversion (i, j) , wenn Aufgabe i vor Aufgabe j in der Reihenfolge auftritt, aber die Deadline $d[i]$ von Aufgabe i größer ist als die Deadline $d[j]$ von Aufgabe j .

Eine Reihenfolge ohne Inversionen ist nicht-absteigend sortiert.

Gibt es in einer Reihenfolge von Aufgaben eine Inversion (i, j) , dann gibt es auch eine Inversion zweier in der Reihenfolge benachbarter Aufgaben und man kann Aufgabe i und j vertauschen, ohne die Lösung zu verschlechtern.

Suchbaumalgorithmen

Binäre Suchbäume

Inorder-Tree-Walk Sei x ein binärer Suchbaum. Dann gibt diese Prozedur den kompletten Baum in aufsteigender Reihenfolge in Laufzeit $\mathcal{O}(n)$ aus.

```

Inorder-Tree-Walk(x)
    if x=NIL then return \ \ kein Baum
    Inorder-Tree-Walk(left[x])
    Ausgabe key[x]
    Inorder-Tree-Walk(right[x])

```

BinaryTreeSearch Sei x ein binärer Suchbaum der Höhe h . Dann gibt BinaryTreeSearch(x, k) den Knoten mit dem Schlüssel k aus, falls dieser in dem Baum x enthalten ist. Ansonsten gibt die Funktion NIL zurück, dies benötigt die Worst-Case-Laufzeit $\mathcal{O}(h)$ aus.

```

BinaryTreeSearch(x,k)
    if x=NIL or k=key[x] then return x
    if k<key[x] then return BinaryTreeSearch(left[x],k)
    else return BinaryTreeSearch(right[x],k)

```

MinSearch / MaxSearch Sei x ein binärer Suchbaum der Höhe h , dann können der minimale und der maximale Schlüssel in Worst-Case-Laufzeit $\mathcal{O}(h)$ gefunden werden.

```

MinSearch(x)
    while left[x] != NIL do
        x = left[x]
    return x

```

FollowerSearch FollowerSearch(x) sucht den Nachfolgerknoten in einem binären Suchbaum der Höhe h in der Worst-Case-Laufzeit $\mathcal{O}(h)$. Nachfolger bedeutet, dass x den nächstgrößten Schlüssel besitzt. Analog kann der Vorg

1. Falls es einen rechten Unterbaum gibt, ist der am weitesten links liegende Knoten der Nachfolger.
2. Ansonsten ist der Nachfolger der erste Elternknoten, dessen Schlüssel größer als der von x ist. Gibt es keinen solchen Knoten, dann hat x den größten Schlüssel.

```
FollowerSearch(x)
  if right[x] != NIL \ es gibt einen rechten Unterbaum
  then
    \ der Knoten mit dem kleinsten Wert ist der Nachfolger
    return MinSearch(right[x])

  y = parent[x]
  while y != NIL and x = right[y] do
    x = y
    y = parent[y]
  return y
```

Save Um einen neuen Schlüssel k in einem binären Suchbaum T der Höhe h zu speichern, muss der Blattknoten gefunden werden, an den der neue Knoten angehängt wird. Daraufhin wird ein neuer Knoten als Unterbaum abgespeichert. Da dies konstante Laufzeit erfordert, benötigt der Speichervorgang die Laufzeit $\mathcal{O}(h)$, die durch die Suche des Blattknotens mittels FollowerSearch(x) entsteht.

```
Save(T,k)
  \ create new node
  z = new node
  key[z] = k
  right[z] = NIL
  left[z] = NIL

  \ find future parent node
  y = NIL
  x = root[T]
  while x != NIL do
    y=x
    if k < key[x]
    then x = left[x]
    else x = right[x]

  parent[z] = y

  if y=NIL
  then root[T] = z
  else
    if key[z] < key[y]
    then left[y] = z
```

```
else right[y] = z
```

Delete Beim Löschen eines Knotens z aus einem binären Suchbaum T der Höhe h muss der Baum wieder korrekt zusammengebaut werden. Dies funktioniert nur in der Worst-Case-Laufzeit $\mathcal{O}(h)$.

1. Wenn z keine Kinder hat, kann z einfach entfernt werden.
2. Wenn z ein Kind hat, dann wird z mit seinem Kind ersetzt.
3. Wenn z zwei Kinder hat, dann muss es mit seinem Nachfolger y ersetzt werden. Dazu muss der Schlüssel $\text{key}[z]$ auf den des Nachfolgers $\text{key}[y]$ gesetzt werden, woraufhin der Nachfolger y entfernt werden kann.

```
Löschen(T,z)
  if left[z]=NIL or right[z]=NIL then y=z
  else y = FollowerSearch(z)

  if left[y]=NIL
  then x = right[y]
  else x = left[y]

  if x != NIL
  then parent[x]=parent[y]

  if parent[y]=NIL
  then root[T]=x
  else
    if y = left[parent[y]]
    then left[parent[y]]=x
    else right[parent[y]]=x

  key[z]=key[y]
  delete y
```

Rot-Schwarz-Bäume

Linksrotation Sei p ein Knoten in einem Rot-Schwarz-Baum mit $\text{left}[p] = l$ und $\text{right}[p] = r$. Eine Linksrotation verschiebt die Struktur nach links, sodass r die Position von p einnimmt und $p = \text{left}[r]$ wird. Die Rotation läuft gegen den Uhrzeigersinn.

```
Linksrotation(T,x)
  y = right[x]
  right[x] = left[y]

  if left[y]!=NIL then parent[left[y]] = x

  parent[y] = parent[x]

  if parent[x]=NIL
  then root[T] = y
  else
```

```

        if x=left[parent[x]]
        then left[parent[x]] = y
        else right[parent[x]] = y

left[y] = x
parent[x] = y

```

RS-Einfügen Beim Einfügen in einen Rot-Schwarz-Baum muss zunächst ein neuer Knoten eingefügt werden. Daraufhin muss die Baumstruktur repariert werden, sodass die Rot-Schwarz-Eigenschaft wieder erfüllt sind. So lange diese Reparatur maximal die Laufzeit $\mathcal{O}(\log_2 n)$ benötigt, läuft der gesamte Algorithmus in der Laufzeit $T(n) \in \mathcal{O}(\log_2 n)$.

```

RSEinfügen(T,k)
  \ \ Initialisiere neuen Knoten
  z = new node
  key[z] = k
  left[z] = NIL[T]
  right[z] = NIL[T]
  color[z] = rot

  \ \ Suche Position zum Einfügen
  y = NIL[T]
  x = Root[T]
  while x!=NIL[T] do
    y = x
    if k<key[x]
    then x = left[x]
    else x = right[x]

  \ \ Füge Knoten z ein
  parent[z] = y
  if y=NIL[T]
  then root[T] = z
  else
    if k<key[y]
    then left[y] = z
    else right[y] = z

  RS-Einfügen-Fix(T,z) \ \ Repariere Baumstruktur

```

RS-Einfügen-Fix Die Struktur des Rot-Schwarz-Baumes T wird nach dem Einfügen eines neuen Knotens z in der Laufzeit $\mathcal{O}(\log_2 n)$ wieder repariert. Nachdem diese Prozedur am Ende der Prozedur $\text{RSEinfügen}(T, z)$ ausgeführt wurde, erfüllt T wieder die Rot-Schwarz-Eigenschaft.

Hierbei wandert die Rot-Markierung des neuen Knotens schrittweise eine Ebene Richtung Wurzel. Wenn diese Markierung an der Wurzel angekommen ist, muss diese noch schwarz gefärbt werden, damit die Rot-Schwarz-Eigenschaft erfüllt ist.

Beim Reparieren soll man folgende Schleifeninvariante gelten.

1. Knoten z ist rot.
2. Wenn $\text{parent}[z]$ die Wurzel ist, dann ist $\text{parent}[z]$ schwarz.
3. Es gibt maximal eine Verletzung der Rot-Schwarz-Eigenschaften:
 1. Ist die Wurzel rot, dann ist z die Wurzel.
 2. Hat ein roter Knoten rote Kinder, dann ist $\text{parent}[z]$ rot.
4. Die Anzahl der schwarzen Knoten auf allen Pfaden von der Wurzel zu jedem Blatt ist gleich.

Fallunterscheidung

1. Falls z die Wurzel ist, muss z schwarz gefärbt werden.
2. Der Onkel von z ist rot, ebenso wie der Vater von z . Dann muss die rote Ebene um eine Ebene nach oben geschoben werden.
 1. Der Vater und der Onkel von z werden schwarz gefärbt.
 2. Der Großvater von z wird rot gefärbt.
 3. Die Rot-Schwarz-Bedingung muss ausgehend vom Großvater geprüft werden.
3. Der Onkel von z ist schwarz, außerdem sind z und der Vater $\text{parent}(z)$ beide linke bzw. rechte Kinder.
 1. Der Onkel von z wird rot gefärbt.
 2. Rotation um den Großvater von z :
 1. z und Vater sind linke Kinder: Rechtsrotation
 2. z und Vater sind rechte Kinder: Linksrotation
4. Der Onkel von z ist schwarz.
 1. Rotation um den Vaterknoten.
 1. z ist ein rechtes Kind und der Vater ist ein linkes Kind: Linksrotation
 2. z ist ein linkes Kind und der Vater ist ein rechtes Kind: Rechtsrotation
 2. Die Rot-Schwarz-Bedingung muss ausgehend vom Vater geprüft werden.

Pseudocode

```
RSEinfügenFix(T,z)
  while color[parent[z]] = rot do
    if parent[z] = left[parent[parent[z]]] then
      y = right[parent[parent[z]]] \ Onkel von z

      if color[y] = rot then \ Onkel ist rot
        \ schiebe rote "Ebene" eine Stufe höher
        color[parent[z]] = schwarz
        color[y] = schwarz
        color[parent[parent[z]]] = rot
        \ prüfe beim Großvater weiter
        z = parent[parent[z]]
      else \ Onkel schwarz
        if z = right[parent[z]] then
          \ parent[z] rechter Knoten
```

```

        Linksrotation(T, parent[z])
        \\ prüfe beim Vater weiter
        z = parent[z]
    else \\ z und parent[z] linke Knoten
        color[parent[z]] = schwarz
        color[parent[parent[z]]] = rot
        Rechtsrotation(T, parent[parent[z]])
    else
        \\ analog
    color[root[T]] = schwarz

```

RS-Löschen Der Prozedur wird ein Knoten z übergeben, die aus dem Baum T gelöscht werden soll. Das Löschen erfolgt wie beim allgemeinen binären Suchbaum. Danach muss der Baum repariert werden, falls die Rot-Schwarz-Eigenschaft nicht mehr gilt. Das Löschen erfolgt in Laufzeit $\mathcal{O}(\log_2 n)$.

1. Wenn z keine Kinder hat, kann z einfach entfernt werden.
2. Wenn z ein Kind hat, dann wird z mit seinem Kind ersetzt.
3. Wenn z zwei Kinder hat, dann muss es mit seinem Nachfolger y ersetzt werden. Dazu muss der Schlüssel $\text{key}[z]$ auf den des Nachfolgers $\text{key}[y]$ gesetzt werden, woraufhin der Nachfolger y entfernt werden kann.
4. Falls z schwarz ist, müssen die Rot-Schwarz-Eigenschaft wiederhergestellt werden.

```

RSLöschen(T,z)
    if left[z] = NIL[T] or right[z] = NIL[T]
    then y = z
    else y = NachfolgerSuche(z)

    if left[y] != NIL[T]
    then x = left[y]
    else x = right[y]

    parent[x] = parent[y]

    if parent[y] = NIL[T]
    then root[T] = x
    else
        if y = left[parent[y]]
        then left[parent[y]] = x
        else right[parent[y]] = x

    key[z] = key[y]

    if color[y] = schwarz
    then RS-Löschen-Fix(T,x)

    parent[NIL[T]] = NIL
    delete y

```

RS-Löschen-Fix Die Struktur des Rot-Schwarz-Baumes T wird nach dem Löschen eines Knotens z in der Laufzeit $\mathcal{O}(\log_2 n)$ wieder repariert. Nachdem diese Prozedur am Ende der Prozedur $\text{RSLöschen}(T, z)$ ausgeführt wurde, erfüllt T wieder die Rot-Schwarz-Eigenschaft.

Die Rot-Schwarz-Eigenschaft kann verletzt worden sein, wenn z schwarz ist, denn dann kann es sein, dass nach dem Löschen zwei rote Knoten aufeinanderfolgen.

Fallunterscheidung Wenn der Knoten x , der den Knoten z ersetzt, rot ist, muss x nur schwarz gefärbt werden um den Baum zu reparieren. Seien x schwarz und w der Geschwisterknoten von x , dann gibt es folgende Fälle.

1. w ist rot.
 1. Färbe w schwarz.
 2. Rotiere so um $\text{parent}[x]$, dass w und $\text{parent}[x]$ die Plätze tauschen.
 3. Fahre Prüfung mit x an neuer Position fort.
2. w von x und beide Kinder von w sind schwarz.
 1. Färbe w rot.
 2. Fahre Prüfung mit $\text{parent}[x]$ fort.
3. w ist schwarz und mindestens ein Kind von w ist rot.
 1. Falls nur das Kind auf der selben Seite wie x rot ist:
 2. Färbe das rote Kind von w schwarz.
 3. Färbe w rot.
 4. Rotiere so um w , dass w und das umgefärbte Kind die Plätze tauschen.
 5. Fahre mit Prüfung für x fort
 2. Sonst:
 1. Färbe w wie $\text{parent}[x]$.
 2. Färbe $\text{parent}[w]$ und das Kind auf der von x abgewandten Seite schwarz.
 3. Rotiere so um $\text{parent}[x]$, dass w und $\text{parent}[x]$ die Plätze tauschen.

Pseudocode

```

RS-Löschen-Fix(T,x)
  while x != root[T] and color[x]=schwarz do
    if x = left[parent[x]] then
      w = right[parent[x]]
      if color[w] = rot
      then \ \ Geschwisterknoten ist rot
        color[w] = schwarz
        color[parent[x]] = rot
        Linksrotation(T, parent(x))
        w = right[parent[x]]

    if color[left[w]] = schwarz and color[right[w]] = schwarz
    then \ \ beide Kinder des Geschwisterknotens sind schwarz
      color[w] = rot
      x = parent[x]
    else \ \ mindestens ein Kind des Geschwisterknotens ist rot
      if color[right[w]] = schwarz

```

```

        then \\ nur das linke Kind des Geschwisterknotens ist rot
            color[left[w]] = schwarz
            color[w] = rot
            Rechtsrotation(T,w)
            w = right[parent[x]]
        else \\ das linke Kind ist nicht schwarz
            color[w] = color[parent[x]]
            color[parent[x]] = schwarz
            color[right[w]] = schwarz
            Linksrotation(T, parent[x])
            x = root[T]
    else
        \\ analoger Fall
    color[x] = schwarz

```

Hashalgorithmen

Einfügen mit Offener Adressierung

Alle Schlüssel werden in der Hashtabelle T gespeichert. Zunächst wird versucht, den Schlüssel k in $T[h(k)]$ einzufügen. Falls dort schon ein Schlüssel gespeichert ist, wird $T[h(k) + 1]$ ausprobiert. Dies wird fortgeführt, bis der Schlüssel gespeichert wurde. Wurden alle m Elemente der Hashtabelle ausprobiert, wird ein Fehler ausgegeben.

```

Einfügen(T,k)
    i = 0
    while i < m do
        j = (h(k) + i) mod m
        if T[j] < 0
            then T[j] = k
            else i = i+1
    if i = m
        then output << "Zu viele Schlüssel in der Hash-Tabelle"

```

Suche mit Offener Adressierung

Die Suche funktioniert analog zum Einfügen und wird abgebrochen, wenn der Schlüssel gefunden wurde, alle Zellen der Hashtabelle durchsucht oder eine leere Zelle gefunden wurde. In den letzteren Fällen ist der Schlüssel nicht gespeichert.

Um zu zeigen, dass kein gültiger Wert gespeichert ist, wird in leeren Zellen -1 gespeichert. Dies kann man als Zustand nach der Initialisierung annehmen.

```

Suche(T,k)
    i = 0
    while i < m and T[j] != -1 do
        j = (h(k) + i) mod m
        if T[j] = k then return j
        i = i+1
    return -1

```


Löschen mit Offener Adressierung

Da die Suche nicht abbrechen darf, wenn ein Element in T gelöscht wurde, muss ein anderer Wert gespeichert werden, um die Löschung zu markieren. Dazu kann man $\text{DELETED} = -2$ wählen. Das zu löschende Feld muss erst gefunden werden, dann kann es gelöscht werden.

```
Löschen(T, k)
    i = Suche(T, k)
    if i = -1 then return -1 \\ nicht gefunden
    T[i] = -2
```

Graphalgorithmen

Single Source Shortest Path (SSSP)

Gegeben seien ein Graph G und ein Startknoten $s \in G$. Dann soll der Algorithmus für jeden anderen Knoten $s \neq k \in G$ den kürzesten Weg von s nach k berechnen.

Für ungewichtete Graphen kann dies über die Breitensuche ermittelt werden. Für gewichtete Graphen ohne negative Gewichte liefert Dijkstras Algorithmus den kürzesten Weg, für gewichtete Graphen mit negativen Gewichten kann der Bellman-Ford-Algorithmus verwendet werden.

All Pairs Shortest Path (APSP)

Gegeben seien ein Graph G . Dann soll der Algorithmus für alle Knotenpaare $a, b \in G : a \neq b$ den kürzesten Weg von a nach b berechnen.

Dies kann mit dem Floyd-Warshall-Algorithmus erfolgen.

Breitensuche (BFS)

Sei ein Graph $G = (V, E)$ in der Adjazenzlistendarstellung dargestellt. Dann können alle von einem Startknoten s ausgehenden Wege mit einer Breitensuche (BFS)⁶ in der Worst-Case-Laufzeit $\mathcal{O}(|V| + |E|)$ gesucht werden. Hierbei werden zunächst alle Nachbarn eines Knotens betrachtet, bevor diese Nachbarn bearbeitet werden.

Technische Invariante Allen Knoten wird eine von 3 Farben (wei,, grau, schwarz) zugewiesen. Alle noch nicht “entdeckten” Knoten sind wei,,. Wenn u schwarz ist, dann sind seine adjazenten Knoten grau oder schwarz. Graue Knoten können auch wei,,e adjazente Knoten haben.

Breitensuchbaum Dazu wird ein Breitensuchbaum BFS erstellt. Zu Beginn der Breitensuche enthält B nur einen Knoten, den Startknoten $s = \text{root}[B]$.

Wird im Laufe des Algorithmus ein wei,,er Knoten v entdeckt, der über die Kante (u, v) entdeckt wurde, werden (u, v) und v dem Baum hinzugefügt. u wird dabei der Vater von v .

⁶breadth first search

Pseudocode Bei der Initialisierung werden für jeden Knoten u der Abstand $d[u] = \infty$ zu s , der Vaterknoten $\pi[u] = \text{pi}[u] = \text{NIL}$ und die Farbe $\text{color}[u] = \text{wei,}$ initialisiert. Zudem wird s in der Warteschlange Q gespeichert.

```

BFS(G,s)
    initialisiere BFS
    while Q != {} do
        u = head[Q]
        for each v in Adj[u] do
            if color[v] = weiß
            then
                color[v] = grau
                d[v] = d[u] + 1
                pi[v] = u
                enqueue(Q,v)
        dequeue(Q)
        color[u] = schwarz

```

Dijkstras Algorithmus

Sei $G = (V, E)$ ein gewichteter Graph in Adjazenzlistendarstellung, dessen Kanten nicht-negative Gewichte haben. Dann kann Dijkstras Algorithmus die Kürzesten Wege von einem Startknoten $s \in V$ zu allen anderen Knoten ermitteln. Dies benötigt die Laufzeit $\mathcal{O}(|V| + |E| \log_2 |V|)$.

Dazu wird von s ausgehend immer derjenige Knoten u als nächstes betrachtet, der den kürzesten Gesamtweg hat. Für jeden benachbarten Knoten kann ein bislang kürzester Weg ermittelt werden. Danach wird der aktuelle Knoten schwarz gefärbt um zu speichern, dass der kürzeste Weg für u korrekt berechnet ist.

Für den Fall, dass nur eine geringe Anzahl W von ganzzahligen Gewichten $w \in \{1, \dots, W\}$ erlaubt ist, kann der Algorithmus so modifiziert werden, dass die Laufzeit $\mathcal{O}(W \cdot |V| + |E|)$ ist.

Zu jedem Ausführungszeitpunkt von Dijkstras Algorithmus ist für jeden Knoten w die Strecke $d[w]$ größer oder gleich dem kürzesten Weg: $d[w] \geq \delta(s, w)$.

Pseudocode Für alle Knoten $u \neq s$ wird der Weg zu diesem Knoten als $d[u] = \infty$ initialisiert, der Weg nach s als $d[s] = 0$. Alle Knoten werden mit der Farbe $\text{color}[u] = \text{wei,}$ initialisiert. $\text{pi}[v] = \pi[v]$ verweist auf den Vaterknoten von v .

```

DijkstrasAlgorithmus(G, w, s)
    Initialisiere SSSP
    Q = V[G]
    while Q != {} do
        u = ExtractMin(Q)
        for each v in Adj[u] do
            if d[u] + w(u,v) < d[v] then
                d[v] = d[u] + w(u, v)
                DecreaseKey(v, d[v])

```

```

        pi[v] = u
    color[u] = schwarz

```

Bellman-Ford-Algorithmus

Der Bellman-Ford-Algorithmus ist dazu gedacht, die Länge eines kürzesten Weges eines gewichteten Graphen $G = (V, E)$ vom Startknoten $s \in V$ aus zu berechnen, wobei Kanten $(u, v) \in E$ negative Gewichte $w(u, v)$ haben dürfen. In der hier angegebenen Beschreibung darf der Graph allerdings keine negativen Kreise haben.

rekursive Beschreibung Sei P ein optimaler s - v -Weg mit maximal i Kanten mit u als dem letzten Knoten vor v , dann sei $\text{Opt}(i, v)$ die Länge von P .

$$\text{Opt}(i, v) = \begin{cases} \min_{(u,v) \in E} \{\text{Opt}(i-1, v), \text{Opt}(i-1, u) + w(u, v)\} & \Leftrightarrow i > 0 \\ 0 & \Leftrightarrow i = 0 \wedge v = s \\ \infty & \Leftrightarrow i = 0 \wedge v \neq s \end{cases}$$

Falls $i > 0$ Kanten erlaubt sind, so wird zunächst die Länge des optimalen Weges mit einer Kante weniger ermittelt. Dieser kann um die Kante (u, v) ergänzt werden, wenn das Gewicht der Kante $w(u, v)$ den Gesamtweg verringert. Deswegen müssen beide Wege ermittelt werden, der kürzere ist der optimale Weg.

Falls der Weg keine Kanten mehr erlaubt ($i = 0$), dann ist der optimale Weg dann 0, wenn der Startknoten erreicht wurde, und ansonsten ∞ .

Dieser Algorithmus benötigt eine Laufzeit in $\mathcal{O}(|V|^2|E|)$ und Speicherplatz in $\mathcal{O}(|V|^2)$. Er kann verbessert werden, wenn zuvor Listen mit Eingangsknoten berechnet werden und nur der optimale Weg $d[v]$ für jeden Knoten v berechnet wird.

Pseudocode Um die Performance des obigen Algorithmus zu verbessern, kann für jeden Knoten v eine Liste $\text{In}[v]$ mit allen eingehenden Knoten in der Laufzeit $\mathcal{O}(|V| + |E|)$ berechnet werden. Wenn nur noch der optimale Weg $d[v]$ gespeichert wird, kann zudem der Speicherbedarf reduziert werden. Dann beträgt die Laufzeit $\mathcal{O}(|V|^2 + |V| \cdot |E|)$ und den Speicherplatz $\mathcal{O}(|V|)$. Falls der Graph mindestens $|V|$ Kanten hat, dann beträgt die Laufzeit immer $\mathcal{O}(|V| \cdot |E|)$.

```

Bellman-Ford(G, s)
    \ \ Initialisierung
    d = new array [1..|V|]
    for each v in V do
        d[v] = inf \ \ Unendlich
    d[s] = 0

    for i=1 to |V|-1 do
        for each v in V do
            for each (u, v) in In[v] do

```

```

        if d[u]+w(u,v) < d[v]
        then d[v] = d[u] + w(u,v)

    return d

```

Floyd-Warshall-Algorithmus

Sei $G = (V, E)$ ein Graph ohne negative Kreise. Dann berechnet der Algorithmus von Floyd-Warshall die Entfernung zwischen jedem Knotenpaar in einer Laufzeit $\mathcal{O}(|V|^3)$.

Hierzu wird eine Adjazenzmatrix $W = (w_{ij})$ übergeben, die für jeden Knoten das Gewicht w_{ij} beinhaltet. Hierbei gelten $\forall i = j : w_{ij} = 0$ und $\nexists (i, j) \in E : w_{ij} = \infty$.

Da kein Knoten doppelt in einem kürzesten Weg vorkommt, kann man nur die Wege betrachten, die jeden Knoten maximal einmal enthalten. Daher kann der kürzeste Weg von i nach j entweder der kürzeste Weg ohne einen beliebigen Knoten k sein, oder der kürzeste Weg von i nach k zuzüglich des kürzesten Weges von k nach j .

Sei $d_{ij}^{(k)}$ die Länge des kürzesten Weges von i nach j , der nur die Knoten aus der Menge $\{1, \dots, k\}$ verwendet.

$$d_{ij}^{(k)} = \begin{cases} w_{ij} & \Leftrightarrow k = 0 \\ \min \{d_{ij}^{(k-1)}, d_{ik}^{(k-1)} + d_{kj}^{(k-1)}\} & \Leftrightarrow k > 0 \end{cases}$$

Dann kann der jeweils kürzeste Pfad zu allen Knoten in einer dreidimensionalen Matrix D gespeichert werden. Dieser Algorithmus nutzt die Technik der dynamischen Programmierung.

```

Floyd-Warshall(W,n)
    \ Reserviere Speicher für Felder D(k)
    D = new array[V][V][V]
    D(0) = W

    for k=1 to n do
        for i=1 to n do
            for j=1 to n do
                d[i, j, k] = min{d[i, j, k-1], d[i, k, k-1]+d[k, j, k-1]}
    return D(n)

```

Tiefensuche (DFS)

Sei ein Graph $G = (V, E)$ in der Adjazenzlistendarstellung dargestellt. Dann wird in einer Tiefensuche (DFS)⁷ jeder Knoten in der Worst-Case-Laufzeit $\mathcal{O}(|V| + |E|)$ bearbeitet. Die Tiefensuche ist rekursiv, jeder neu entdeckte Knoten v_i wird unmittelbar als Ausgangspunkt einer Tiefensuche verwendet.

Erst wenn diese Tiefensuche an v abgeschlossen wird, wird nach weiteren unentdeckten Nachbarn des zuvor entdeckten Knotens v_{i-1} gesucht. Wird von einem

⁷depth first search

Knoten v aus ein Knoten w entdeckt, dann werden erst alle Nachbarknoten von w abgearbeitet, bevor die anderen Nachbarknoten von v bearbeitet werden.

Dadurch gibt es einen Unterschied zwischen dem Entdeckungszeitpunkt $d[v]$ eines Knotens v und dem Abarbeitungszeitpunkt $f[v]$, wobei $d[v] < f[v]$ und $d[v], f[v] \in [1, |V|]$ gelten. Vor $d[v]$ ist v weiß, zwischen $d[v]$ und $f[v]$ ist v grau, nach $f[v]$ ist v schwarz.

Die Tiefensuche kann beispielsweise zur Suche von starken Zusammenhangskomponenten oder für topologische Sortierungen verwendet werden.

Technische Invariante Allen Knoten wird eine von 3 Farben (weiß, grau, schwarz) zugewiesen. Alle noch nicht “entdeckten” Knoten sind weiß. Wenn u schwarz ist, dann sind seine adjazenten Knoten grau oder schwarz. Graue Knoten können auch weiße adjazente Knoten haben.

Klammersatz zur Tiefensuche In jeder Tiefensuche eines gerichteten oder ungerichteten Graphen gilt für jeden Knoten u und v genau eine der folgenden drei Bedingungen.

- Die Intervalle $[d[u], f[u]]$ und $[d[v], f[v]]$ sind vollständig disjunkt.
- Das Intervall $[d[u], f[u]]$ ist vollständig im Intervall $[d[v], f[v]]$ enthalten und u ist der Nachfolger von v im DFS-Wald.
- Intervall $[d[v], f[v]]$ ist vollständig im Intervall $[d[u], f[u]]$ enthalten und v ist Nachfolger von u im DFS-Wald.

Als Korollar folgt dass ein Knoten v ist genau dann echter ($u \neq v$) Nachfolger von Knoten u im DFS-Wald von G , wenn $d[u] < d[v] < f[v] < f[u]$.

Satz vom weißen Weg In einem DFS-Wald eines gerichteten oder ungerichteten Graphen G ist ein Knoten v genau dann ein Nachfolger des Knotens u , wenn v zum Zeitpunkt $d[u]$ über einen Weg weißer Knoten erreicht werden kann.

Klassifikation von Kanten Kanten im DFS-Wald werden allgemein als *Baumkanten* bezeichnet. *Rückwärtskanten* sind Kanten (u, v) , die den Knoten u mit dem Vorgängerknoten v verbinden. *Vorwärtskanten* sind Kanten (u, v) , die keine Baumkanten sind aber v mit dem Nachfolger u verbinden. Alle übrigen Kanten sind *Kreuzkanten*.

Vorwärtskanten bilden eine Abkürzung von einem Knoten zu einem Nachfolger, Rückwärtskanten schließen einen Kreis. Kreuzkanten bilden Verbindungen zwischen verschiedenen Bereichen im DFS-Wald.

Pseudocode

```
DFS(G)
  for each vertex u in V do
    color[u] = weiß
    p[u] = NIL
    time = 0
```

```

    for each vertex u in V do
        if color[u] = weiß
            then DFS-Visit(u)

DFS-Visit(u)
    color[u] = grau
    time = time + 1
    d[u] = time

    for each v in Adj[u] do
        if color[v] = weiß
            then p[v] = u
            DFS-Visit(v)

    color[u] = schwarz
    time = time + 1
    f[u] = time

```

Minimale Spannbäume

Kreiseliminierung Minimale Spannbäume können berechnet werden, in denen alle Kreise aus einem Graph G eliminieren. So lange es Kreise im Graphen gibt, werden Kreise gesucht, aus denen das Element mit dem größten Gewicht entfernt wird.

Dieser Algorithmus ist recht langsam, weil die Suche nach Kreisen rechenintensiv ist. Zusätzlich muss für jeden Kreis diejenige mit dem größten Gewicht identifiziert werden, auch dies kostet Zeit.

```

MST(G)
    T=G
    while T ist kein Baum do
        Finde Kreis in T
        Entferne die Kante mit maximalem Gewicht aus dem Kreis
    return T

```

Algorithmus von Kruskal Der Algorithmus von Kruskal wählt Kanten aus einem Graphen aufsteigend nach Gewicht aus. Dadurch können Inseln von verbundenen Knoten entstehen, die am Ende des Algorithmus verbunden sind.

Der Algorithmus von Kruskal berechnet in der Laufzeit $\mathcal{O}(|E| \log_2 |E|)$ einen minimalen Spannbaum eines gewichteten, zusammenhängenden, ungerichteten Graphen $G = (V, E)$.

```

Kruskal(G)
    A = {} \ \ leere Menge
    Sortiere Kanten nach Gewicht

    for each (u,v) in E geordnet nach aufsteigendem Gewicht do
        Graph H = (V,A)
        if u und v sind nicht in derselben Zusammenhangskomponente in H
            then A = A + {(u,v)} \ \ Vereinigungsmenge

```

```
return A
```

Die Zusammenhangskomponenten des durch die Kanten aus A erzeugten Graphen können durch eine Union-Find-Datenstruktur dargestellt werden.

```
Kruskal(G)
  A = {} \\ leere Menge

  for each vertex v in V do
    Make-Set(v)

  Sortiere Kanten nach Gewicht

  for each (u,v) in E (geordnet nach aufsteigendem Gewicht) do
    if Find(u) != Find(v)
    then
      A = A + {(u,v)} \\ Vereinigungsmenge
      Union(u,v)
  return A
```

Algorithmus von Prim

5. Speicher und Datentypen

Speichermodell

- Beliebig viele Speicherzellen (abstrahiert)
- Durchnummeriert, beginnend mit 1
- *Elementare Datentypen* brauchen jeweils eine Speicherzelle
 - In der Realität ist das nicht exakt der Fall, z.B. bei Kommazahlen

Details von Hardwareimplementierungen werden in diesem Modell vernachlässigt. Diese haben zwar Einfluss, aber üblicherweise in konstanten Größenordnungen.

Elementare Datentypen

Im Vereinfachten RAM-Modell gehen wir davon aus, dass jeder elementare Datentyp eine Speicherzelle belegt.

Bei einer Zuweisung an eine (andere) Variable werden Elementare Datentypen kopiert. Dies nennt man *copy by value*. Im Gegensatz dazu wird bei Nicht-Elementare Datentypen nur der Zeiger darauf kopiert. Dies nennt man *copy by reference*.

ganze Zahlen

reale Zahlen

Zeichen

Zeiger / Referenz

Eine ganze Zahl, die eine Speicherzelle bezeichnet, er kann 0 bzw. NIL sein, das bedeutet dann "kein Wert."

Eine Referenz wird z.B. benutzt, um auf größere Datentypen oder Verbundobjekte zu verweisen. In diesem Fall wird immer auf die erste Speicherzelle verwiesen.

Nicht-Elementare Datentypen

Nicht-Elementare Datentypen sind aus mehreren Elementaren Datentypen zusammengesetzt.

Felder

Felder sind zusammenhängende Speicherbereiche, die denselben elementaren Datentyp enthalten. In einer Variable wird eine Referenz auf die erste Speicherzelle gespeichert.

```
li = new array[n]
li[1] = 4
```

Verbunddaten

Elementare Datentypen können als Verbund organisiert werden. In einer Variable wird eine Referenz auf die erste Speicherzelle gespeichert.

```
Verbund list_item:
    previous
    number
    next
```

```
li = new list_item
previous[li] = NIL
number[li] = 5
next[li] = NIL
```

Speicherbedarf

- *Elementare Datentypen*: 1 Zelle
- Felder / Verbunddaten: Summe aller Elemente
- Speicherbedarf Algorithmus
 - Summe *aller* belegten Zellen (inkl. Parameter)
 - kann von Parametern abhängen

6. Pseudocode

- Datentyp wird i.A. nicht explizit angegeben
 - nutzen hier nur elementare Datentypen
- eine Anweisung braucht 1 Rechenschritt
- Variablen im Befehlsblock sichtbar
 - durch Einrückung gekennzeichnet

Kommentare

```
\* Kommentar \*
```


\\ Kommentar

Verbunddatentypen

Laufzeit der Initialisierung: entspricht reserviertem Speicherplatz

```
Verbund list_item:
    previous
    number
    next
```

```
li = new list_item
previous[li] = NIL
number[li] = 5
next[li] = NIL
```

Felder

Laufzeit der Initialisierung: entspricht reserviertem Speicherplatz * Initialisierung:
`x = new <_Verbundtyp_>` * Zugriff auf das *i*-te Feldelement: `x[i]` * Index beginnt bei 1

Zuweisung

Typ 1

Es wird eine Kopie von Y in X gespeichert. Variablen müssen definiert sein.

```
X = Y
```

Typ 2

Ein *konstant großer* mathematischer Ausdruck wird in X gespeichert. Variablen müssen definiert sein.

```
X = 10
Y = 2
X = X*Y
```

Nicht konstant groß ist z.B. $\sum_{i=1}^N i$. Dies hätte Laufzeit *N*. Die Summe $\sum_{i=1}^8 i$ ist dagegen konstant groß. Ggf. wird eine Variable

Bedingte Verzweigungen

lazy evaluation: Bei *UND*-Verknüpfungen wird nach dem ersten *False*-Ergebnis abgebrochen.

```
X = 10
Y = 20
if X > Y then output << Y
else output << X
```

Schleifen

for

Annahmen: * Die Laufvariable i wird am Ende des Schleifenrumpfs erhöht. * Nach dem letzten Durchlauf wird die Laufvariable dennoch erhöht. * Zur Initialisierung wird die Laufvariable i auf den Startwert gesetzt. * Deswegen wird das Schleifenkonstrukt einmal mehr als der Schleifenrumpf aufgerufen. * Die Laufzeitbestimmung zählt hierbei nur die Aufrufe des Schleifenkonstrukts. * Laufzeitanalyse: $1 + (n + 1) + n + 1 = 2n + 3$

Das bedeutet, dass die Laufvariable beim Eintritt in den Schleifenrumpf schon den Wert für den folgenden Schleifendurchlauf hat. Dies ist für die Betrachtung von Schleifeninvarianten relevant.

```
j=0  \* 1 \*
for i=1 to n do  \* Schleifenkonstrukt n+1 \*
    \* Schleifenrumpf \*
    j = j + i  \* n \*
output << j  \* 1 \*

j=0  \* 1 \*
for i=n downto 1 do  \* Schleifenkonstrukt n+1 \*
    \* Schleifenrumpf \*
    j = j + i  \* n \*
output << j  \* 1 \*
```

while

Der Schleifenrumpf kann 0-mal durchlaufen werden.

```
i=n  \* 1 \*
j=0  \* 1 \*
while i>0 do  \* n+1 \*
    j=j+i  \* n \*
    i=i-1  \* n \*
output << j  \* 1 \*
```

repeat

Der Schleifenkörper wird mindestens 1-mal durchlaufen

```
i=n  \* 1 \*
j=0  \* 1 \*
repeat  \* 1 \*
    j=j+i  \* n \*
    i=i-1  \* n \*
until = 0  \* n \*
output << j  \* 1 \*
```

Prozeduren

- jede Variable wird als Kopie übergeben (*call by value*)
- der Aufruf einer Prozedur kostet einen Zeitschritt

- die Zuweisung des Ergebnisses kostet einen weiteren Zeitschritt
- dazu kommt die Zeit für die Prozedur selbst

```

beispiel(j)
  j=j-10
  return j

j=100  \* 1 \*
x=7+beispiel(j)  \* 2+ Zeit für Prozedur \*
output << j  \* 1 \*
output << x  \* 1 \*

```

Ausgabe:

```

100
97

```

7. Laufzeitanalyse

In der Realität spielen Hardware sowie Software (z.B. OS, Compiler(-optionen)) eine Rolle. Diese Einflüsse sind allerdings in einer konstanten Größenordnung. Diese konstanten Laufzeiten werden hier ignoriert, da meistens die Landau-Notation zur Beschreibung von Laufzeiten verwendet wird.

Unser Rechenmodell besagt, dass eine Pseudocodeoperation einen Zeitschritt benötigt. Wir zählen diese Zeitschritte.

Hierbei will man für eine gegebene *Eingabegröße* n eine obere Schranke für die Laufzeit finden. Üblicherweise benutzt man eine Worst Case Analyse, auch wenn es auch die Average Case Analyse gibt.

Worst Case Analyse

Die Worst-Case Laufzeit $T(n) = \max[\text{Laufzeit}]$ ist die längste Laufzeit für alle möglichen Eingaben der Größe n . Dies ist der Standard, normalerweise ist diese Analyse gemeint, wenn man von “Laufzeitanalyse” spricht.

Average Case Analyse

Die Worst-Case Laufzeit $T(n) = \text{avg}[\text{Laufzeit}]$ ist die längste Laufzeit für alle möglichen Eingaben der Größe n . Allerdings benötigt diese Betrachtung eine Definition von “Durchschnittlich,” also auch eine Wahrscheinlichkeitsverteilung von Eingabegrößen. Daher wird sie i.A. nicht verwendet.

Master-Theorem

Seien $a \geq 1$ und $b \geq 1$ ganzzahlige Konstanten und $f : \mathbb{N} \rightarrow \mathbb{N}$ eine Funktion auf natürlichen Zahlen. Sei die Laufzeit $T(n)$ durch folgende rekursive Gleichung beschrieben.

$$T(n) \leq \begin{cases} n = 1 : f(n) \\ n > 1 : a \cdot T(\frac{n}{b}) + f(n) \end{cases}$$

Es gebe ein $\gamma > 0$, sodass gilt:

1. $\gamma = 1 : f(n) = \gamma a f\left(\frac{n}{b}\right) \Rightarrow T(n) \in \mathcal{O}(f(n) \cdot \log_b(n))$
2. $\gamma > 1 : f(n) \geq \gamma a f\left(\frac{n}{b}\right) \Rightarrow T(n) \in \mathcal{O}(f(n))$
3. $\gamma < 1 : f(n) \leq \gamma a f\left(\frac{n}{b}\right) \Rightarrow T(n) \in \mathcal{O}(a^{\log_b(n)})$

Merkhilfen

Die folgenden Erklärungen sind nicht zwangsweise mathematisch korrekt, daher sind sie eher als Merkhilfe zu verstehen. $T = \log_b(n)$ ist die Tiefe des Rekursionsbaums. Es gibt 3 Fälle.

1. Der Aufwand $f(n)$ ist in jeder Rekursionsebene *gleichartig* (z.B. linear, konstant). Hier fließt in jeder Rekursionsebene $f(n)$ ein, daher dominiert am Ende der Term $T \cdot f(n)$.
2. Der Aufwand $f(n)$ *wächst* in jeder Rekursionsebene (abhängig von n). Daher dominiert $f(n)$ über alle Rekursionsebenen.
3. Der Aufwand $f(n)$ *sinkt* in jeder Rekursionsebene (abhängig von n). Hier fließt in jeder Rekursionsebene a als dominanter Faktor ein, daher dominiert insgesamt a^T .

Alternative Formulierung

Es gibt noch andere Formulierungen. Die folgende Formulierung ist gängiger.⁸ Seien $a \geq 1$ und $b \geq 1$ ganzzahlige Konstanten und $f : \mathbb{N} \rightarrow \mathbb{N}$. Gelte weiterhin für die Laufzeit $T(n)$:

$$T(n) \leq \begin{cases} n = 1 : f(n) \\ n > 1 : a \cdot T(\frac{n}{b}) + f(n) \end{cases}$$

Seien $\varepsilon > 0$, $k < 1$, $n_0 \in \mathbb{N}$, dann gilt:

$$\begin{aligned} f(n) \in O(n^{\log_b(a) - \varepsilon}) &\Rightarrow T(n) \in \Theta(n^{\log_b(a)}) \\ f(n) \in \Theta(n^{\log_b(a)} \log_{10}^k(n)) &\Rightarrow T(n) \in \Theta(n^{\log_b(a)} \log_{10}^{k+1}(n)) \\ f(n) \in \Omega(n^{\log_b(a) + \varepsilon}) \wedge \forall n \geq n_0 : a f\left(\frac{n}{b}\right) \leq k f(n) &\Rightarrow T(n) \in \Theta(f(n)) \end{aligned}$$

⁸Theorem 4.1 (Cormen et al. 2022, 103)

8. Landau-Notation

Die detaillierte Laufzeitanalyse hat einige Schwachstellen: Konstante Faktoren werden durch Hardware und Software beeinflusst, die außerhalb des Algorithmus liegen. Zudem ist die Notation fehleranfällig und kompliziert.

Die Landau-Notation nutzt eine *asymptotischen Analyse* für große Eingabemengen $n \rightarrow \infty$. Konstante Faktoren sind damit vernachlässigbar.

Im Folgenden werden einige Annahmen getroffen: * Die Funktionen f und g haben den Definitionsbereich \mathbb{N}_0 und sollten für große n asymptotisch nicht-negativ sein, d.h. $\exists n_0 : \forall n \geq n_0 : f(n) > 0 \wedge g(n) > 0$. * Die Worst-Case-Laufzeit wird asymptotisch angenähert.

Bei rekursiven Funktionen muss man mit dem Abschätzen der Ω - und \mathcal{O} -Notationen aufpassen. Oft ist es sinnvoll, diese Funktionen konkret auszurechnen.

Beweise

Für Beweise, z.B. mittels Vollständiger Induktion, sollte man die Landau-Notationen nur vorsichtig verwenden. Bei dieser muss es konkrete Konstanten c geben, die für alle $n \geq n_0$ gelten. Nutzt man während eines Beweises eine Landau-Notation, kann man verschleiern, dass c immer wieder geändert wird.

Schranken

- Die Schranken $\mathcal{O}(g(n))$ und $\Omega(g(n))$ geben an, wie stark die analysierte Funktion bei großen n höchstens bzw. mindestens wächst wie $g(n)$.
- Die Schranke $\Theta(g(n))$ gibt dagegen an, dass die Funktion bei großen n in exakt der angegebenen Größenordnung wächst wie $g(n)$.
- Die Schranken $o(g(n))$ und $\omega(g(n))$ geben dagegen an, dass die Funktion immer schwächer bzw. stärker als $g(n)$ wächst.

\mathcal{O} -Notation

Mit der \mathcal{O} -Notation wird die *obere Schranke* angenähert.

$f(n) \in \mathcal{O}(g(n))$ bedeutet, f wächst höchstens so stark wie g . Dazu m

$$\mathcal{O}(g(n)) = \{f(n) | \exists c \in \mathbb{R}_+ : \exists n_0 \in \mathbb{N} : \forall n \ni n \geq n_0 : 0 \leq f(n) \leq c \cdot g(n)\}$$

Hierarchien

Seien $b, \varepsilon \in \mathbb{R}$, sodass $b \geq 2$ und $\varepsilon > 0$.

1. $\mathcal{O}(\log n) \subseteq \mathcal{O}(\log^2 n) \subseteq \mathcal{O}(\log^b n)$
2. $\mathcal{O}(\log^b n) \subseteq \mathcal{O}(n^\varepsilon)$
3. $\forall \varepsilon < 1 : \mathcal{O}(n^\varepsilon) \subseteq \mathcal{O}(n) \subseteq \mathcal{O}(n^2) \subseteq \mathcal{O}(n^b)$

Erweiterte \mathcal{O} -Notation

Man kann die \mathcal{O} -Notation auf Funktionen erweitern, die von mehreren Parametern $n, m \in \mathbb{N}$ abhängen. In diesem Fall sollen beide Parameter groß $n, m \rightarrow \infty$ werden.

$$\mathcal{O}(g(n, m)) = \{f(n) | \exists c \in \mathbb{R}_+ : \exists n_0, m_0 \in \mathbb{N} : \forall n \geq n_0, m \geq m_0 : f(n, m) \leq c \cdot g(n, m)\}$$

Diese Definition kann in konstruierten Fällen zu ungewünschten Aussagen führen, beispielsweise falls $g(1, m) = m^2$ und $\forall n > 1 : g(n, m) = m$.

Ω -Notation

Die Ω -Notation liefert eine *untere Schranke* für die Laufzeit. $f(n) \in \Omega(g(n))$ bedeutet, f wächst mindestens so stark wie g .

$$\Omega(g(n)) = \{f(n) | \exists c \in \mathbb{R}_+ : \exists n_0 \in \mathbb{N} : \forall n \geq n_0 : 0 \leq c \cdot g(n) \leq f(n)\}$$

Zusammenhänge

$$\begin{aligned} f(n) \in \mathcal{O}(g(n)) &\Leftrightarrow g(n) \in \Omega(f(n)) \\ f(n) \in o(g(n)) &\Leftrightarrow g(n) \in \omega(g(n)) \\ f(n) \in \Theta(g(n)) &\Leftrightarrow f(n) \in \mathcal{O}(g(n)) \wedge f(n) \in \Omega(g(n)) \end{aligned}$$

Θ -Notation

$f(n) \in \Theta(n)$ bedeutet, dass f für große n ($n \rightarrow \infty$) genauso stark wächst wie g .

$$f(n) \in \Theta(g(n)) \Leftrightarrow f(n) \in \mathcal{O}(g(n)) \wedge f(n) \in \Omega(g(n))$$

o -Notation

$f(n) \in o(g(n))$ bedeutet, f wächst weniger stark als g .

$$o(g(n)) = \{f(n) | \forall c \in \mathbb{R}_+ : \exists n_0 \in \mathbb{N} : \forall n \geq n_0 : 0 \leq f(n) \leq c \cdot g(n)\}$$

ω -Notation

$f(n) \in \omega(g(n))$ bedeutet, f wächst stärker als g .

$$\omega(g(n)) = \{f(n) | \forall c \in \mathbb{R}_+ : \exists n_0 \in \mathbb{N} : \forall n \geq n_0 : 0 \leq c \cdot g(n) \leq f(n)\}$$

9. Korrektheitsbeweise

- Elemente eines Korrektheitsbeweise können zur Überprüfung der Funktionsweise während der Laufzeit verwendet werden.
- Aus Korrektheitsbeweisen lassen sich häufig gute Kommentare herleiten.
- Ein Korrektheitsbeweis hält letztlich die Überlegungen fest, die ein Entwickler sowieso machen muss.
- Korrektheitsbeweise helfen dabei, sich dieser Überlegungen bewusst zu werden, und somit Fehler zu vermeiden.

Definitionen

Korrektheitsbeweis

Ein Korrektheitsbeweis ist eine formale Argumentation, dass ein Algorithmus korrekt arbeitet.

Problembeschreibung

Definiert für eine Menge von zulässigen Eingaben die zugehörigen gewünschten Ausgaben.

Korrektheit

Wir bezeichnen einen Algorithmus für eine vorgegebene Problembeschreibung als *korrekt*, wenn er für jede zulässige Eingabe die in der Problembeschreibung spezifizierte Ausgabe berechnet.

Methoden

Nachvollziehen der Befehle

Ohne Schleifen und Rekursion reicht es, den Ablauf der Befehle zu überprüfen.

Schleifeninvarianten

Sei $A(n)$ eine Aussage über den Zustand des Algorithmus vor dem n -ten Eintritt in den Schleifenrumpf. Eine Schleifeninvariante ist dann korrekt, wenn sie vor jedem Eintritt in den Schleifenrumpf korrekt ist. $A(1)$ wird auch als Initialisierung bezeichnet.

Der Beweis für die Korrektheit erfolgt über Vollständige Induktion. Hierbei ist wesentlich, auf den (Pseudo-)Code einzugehen, d.h. was in welcher Zeile gemacht wird.

Für *for*-Schleifen werden hierbei folgende Annahmen getroffen:⁹ * Die Laufvariable i wird am Ende des Schleifenrumpfs erhöht. * Zur Initialisierung wird die Laufvariable i auf den Startwert gesetzt. * Die Invariante kann von dem Laufparameter i abhängen.

Lemma: $A(i)$ ist eine korrekte Schleifeninvariante.

Rekursion

- Der Rekursionsabbruch entspricht dem Anfang der Vollständigen Induktion.
- Der Rekursionsaufruf entspricht dem Induktionsschritt.

Bäume

Aussagen über Bäume werden durch vollständige Induktion über die Höhe eines Baumes bewiesen. Dabei beginnt man mit einem leeren Baum, dessen Höhe als 0 oder -1 bezeichnet wird.

⁹siehe Pseudocode/for-Schleife

Dabei kann man immer annehmen, dass ein Baum der Höhe $i + 1$ aus einer Wurzel v und zwei Teilbäumen A, B besteht, so dass A und B eine Höhe von maximal i haben und wenigstens A oder B die Höhe i hat.

P vs. NP

Das Problem P vs. NP ist eines der wichtigsten Probleme der theoretischen Informatik und gehört zu den 7 Millennium-Problemen.

Es gibt die Frage, ob die Menge der Probleme, die *schnell* lösbar sind (P), und die Menge der Probleme, bei denen man eine vorgeschlagene Lösung *schnell* auf Korrektheit überprüfen kann (NP), identisch sind.

- P ist die Menge der Probleme, die in *polynomieller Laufzeit* zu berechnen sind.
- NP ist die Menge der Probleme, die in *nichtdeterministisch polynomieller Laufzeit* zu lösen sind.
- Es gilt $P \subset NP$.

10. Optimierungsprobleme

Bei einem Optimierungsproblem wird nach einer *optimalen Lösung* gesucht. Dies kann z.B. die kürzeste (oder schnellste) Strecke von einem A nach B sein, z.B. zur Arbeit.

Ein klassisches Optimierungsproblem ist das Rucksackproblem.

Rucksackproblem

Es gibt einen Rucksack mit begrenzter Kapazität, in den Objekte mit verschiedenen Größen und verschiedenen Werten gepackt werden sollen. Ziel ist es, den Rucksack mit dem größtmöglichen Wert zu befüllen.

Dazu hat man eine Menge $M = \{1, \dots, n\}$ an Objekten, die jeweils eine Größe und einen Wert haben. Dies kann man auch durch getrennte Felder für die Werte w_i , die Gewichte g_i und die Rucksackgröße G darstellen. Der Einfachheit halber gelte $w_i, g_i, G \in \mathbb{N}$.

Dann suchen wir eine Teilmenge $S \subseteq M$, für die $w(S) = \sum_{x \in S} w(x)$ maximiert wird und $g(S) = \sum_{x \in S} g(x) \leq G$ gilt. Sei weiterhin $M' = \{1, \dots, i\} \subset M$ eine Teilmenge von M mit $i < n$.

Zulässige Lösungen

Eine Lösung $S \in M'$ heißt *zulässig* für einen Rucksack der Größe j , wenn $g(S) \leq j$.

- Ist $S \subseteq \{1, \dots, i-1\}$ eine zulässige Lösung für einen Rucksack der Größe $j - g[i]$ mit dem Wert $w(S)$, dann ist $S \cup \{i\}$ eine zulässige Lösung für einen Rucksack der Größe j mit dem Wert $w(S \cup \{i\})$.
- Ist $S \subseteq \{1, \dots, i-1\}$ eine zulässige Lösung für einen Rucksack der Größe j , dann ist S auch eine zulässige Lösung für die ersten i Objekte und einen Rucksack der Größe j .

- $S = \{\}$ ist eine zulässige Lösung für *jeden* Rucksack der Größe $j \geq 0$.

Optimale Lösungen

Eine zulässige Lösung $S \in M'$ heißt *optimal* für einen Rucksack der Größe j , wenn sie $w(S)$ unter allen Lösungen maximiert.

Sei $O \subseteq M'$ eine optimale Lösung für Objekte aus M' und einen Rucksack der Größe j . Es bezeichne $\text{Opt}(i, j)$ den Wert dieser optimalen Lösung. Dann gilt:

1. Ist das Objekt $i \in O$, so ist $O \setminus \{i\}$ eine optimale Lösung mit Objekten aus $\{1, \dots, i-1\}$ für einen Rucksack der Größe $j - g[i]$. Insbesondere gilt $\text{Opt}(i, j) = w[i] + \text{Opt}(i-1, j - g[i])$.
2. Ist Objekt $i \notin O$ enthalten, so ist O eine optimale Lösung mit Objekten aus $\{1, \dots, i-1\}$ für einen Rucksack der Größe j . Insbesondere gilt $\text{Opt}(i, j) = \text{Opt}(i-1, j)$.

Weiterhin gilt:

1. $\forall j \geq g[1] : \text{Opt}(1, j) = w[1]$
2. $\forall j < g[1] : \text{Opt}(1, j) = 0$
3. $\forall i > 1, g[i] > j : \text{Opt}(i, j) = \text{Opt}(i-1, j)$
4. $\forall i > 1, g[i] \leq j : \text{Opt}(i, j) = \max\{\text{Opt}(i-1, j), w[i] + \text{Opt}(i-1, j - g[i])\}$

Methode: Dynamische Programmierung

Dynamische Programmierung kann genutzt werden, um Optimierungsprobleme zu lösen

1. Führe dadurch das Problem auf optimale Teillösungen zurück.
2. Entwerfe eine rekursive Methode zur Bestimmung des *Wertes* einer optimalen Lösung.
3. Transformiere diese Methode in eine iterative Methode zur Bestimmung des Wertes einer optimalen Lösung.
4. Bestimmen aus dem Wert einer optimalen Lösung und in der iterativen Methode berechneten Zusatzinformationen (oft einer Tabelle) eine optimale Lösung.

Finde optimale Teillösungen

Sei $O \in M'$ eine optimale Lösung für einen Rucksack der Größe j . Sei $\text{Opt}(i, j)$ der Wert einer solchen Lösung. Dann muss $\text{Opt}(n, G)$ ermittelt werden, um das Rucksackproblem zu lösen

Seien $i = 1$, die Eingabemenge $\{1, \dots, i\} = \{1\}$ und die Größe des Rucksacks j gegeben. * Gilt $j \geq g[1]$, dann ist $O = \{1\}$ eine optimale Lösung mit Wert $\text{Opt}(1, j) = w[1]$. * Ist $j < g[1]$, dann ist $O = \{\}$ eine optimale Lösung mit Wert $\text{Opt}(1, j) = 0$.

Finde den Wert der optimalen Lösung iterativ

Rucksack(n,g,w,G) \ \ finde die Werte der optimalen Lösungen
 $\text{Opt} = \text{new array}[1, \dots, n][0, \dots, G]$

```

for j = 0 to G do
  if j < g[1] \\ Lösungen für 1-elementige Lösungen
  then Opt[1,j] = 0
  else Opt[1,j] = w[1]

for i = 2 to n do
  for j = 0 to G do
    if g[i] > j
    then
      \\ Objekt i passt nicht in den Rucksack
      Opt[i,j] = Opt[i-1,j]
    else
      \\ finde optimale Lösung
      Opt[i,j] = max{Opt[i-1,j], w[i] + Opt[i-1,j-g[i]]}
return Opt[n,G]

```

Die Laufzeit ist $T(n) \in \mathcal{O}(nG)$. Sei R der Wert einer optimalen Lösung für Objekte aus $\{1, \dots, i\}$. Falls nun $g[i] \leq j$ und $\text{Opt}(i-1, j-g[i]) + w[i] = R$, so ist das Objekt i in mindestens einer optimalen Lösung enthalten.

finde den Weg der optimalen Lösung

Wir gehen davon aus, dass das Feld Opt auch nach dem Aufruf von Rucksack verfügbar ist.

- Falls das i -te Objekt in einer optimalen Lösung für Objekte 1 bis i und Rucksackgröße j ist, so gib es aus und fahre rekursiv mit Objekt $i-1$ und Rucksackgröße $j-g[i]$ fort.
- Ansonsten fahre mit Objekt $i-1$ und Rucksackgröße j fort.
- In der hiesigen Notation ist $\{\dots\} + \{\dots\}$ das Bilden einer Vereinigungsmenge $\{\dots\} \cup \{\dots\}$.

```

RucksackLösung(Opt,g,w,i,j)
  if i=0 return {}
  if g[i]>j then return RucksackLösung(Opt,g,w,i-1,j)

  if Opt[i,j]=w[i] + Opt[i-1,j-g[i]]
  then return {i} + RucksackLösung(Opt,g,w,i-1,j-g[i])
  else return RucksackLösung(Opt,g,w,i-1,j)

```

Nach der Berechnung der Tabelle Opt in der Funktion Rucksack wird RucksackLösung(Opt, g , w , $i = n$, $j = G$).

Hat die optimale Lösung für Objekte aus M' und Rucksackgröße j den Wert $\text{Opt}(i, j)$, so berechnet Algorithmus RucksackLösung eine Teilmenge $S \subseteq M'$, so dass $g(S) \leq j$ und $w(S) = \text{Opt}(i, j)$ ist.

Mit Hilfe der Algorithmen Rucksack und RucksackLösung kann man in der Laufzeit $\mathcal{O}(nG)$ eine optimale Lösung für das Rucksackproblem berechnen, wobei n die Anzahl der Objekte ist und G die Größe des Rucksacks.

Rechentricks / -regeln

- Satz von Gauß: $\sum_{i=1}^n i = \frac{n(n+1)}{2}$
- Gauß-Klammer: $\lfloor n/2 \rfloor$: Gauss-Klammer: Abgerundet auf ganze Zahl

Vollständige Induktion

Es soll bewiesen werden, dass eine Aussage $A(n)$ für alle $n \in \mathbb{N}$ gilt. 1. Induktionsvoraussetzung: Beweise für $n = 1$ 2. Induktionsschritt: Beweise: Wenn n gilt, dann gilt auch $n + 1$ (“ $n \Rightarrow n + 1$ ”) * n gilt ist die Induktionsannahme * auch $n - 1 \Rightarrow n$ ist eine gültige Induktionsannahme * für manche Beweise braucht man auch $n - 1 \Rightarrow n + 1$

Landau-Notation

Für Beweise mittels Vollständiger Induktion sollte man die Landau-Notationen nicht verwenden. Bei dieser muss es konkrete Konstanten c geben, die für alle $n \geq n_0$ gelten. Nutzt man während eines Beweises eine Landau-Notation, kann man verschleiern, dass c immer wieder geändert wird.

Literatur

1. (Cormen et al. 2022)
Cormen, Thomas, Charles Leiserson, Ronald Rivest, and Clifford Stein. 2022. *Introduction to Algorithms*. 4th ed. The MIT Press. <https://mitpress.mit.edu/9780262046305/introduction-to-algorithms>.