# Algorithmen & Datenstrukturen

## Prof. Dr. Christian Sohler Oliver Filla

## Sommersemester 2023

## Contents

D	sclaimer
1.	Definitionen
	Informatik
	Algorithmus
	Datenstruktur
	Lernziele
2.	Entwicklung von Algorithmen
	Methode: Teile und Herrsche
	Beispiele
	Unterscheidungen
	Laufzeit
	Methode: Dynamische Programmierung
	Beispiele
	Methode: Gierige Algorithmen
	Beweise
	Beispiele
	Rekursion
	Laufzeit
	Optimierung
	Kostenfunktion
3.	wichtige Algorithmen
	Rekursionsalgorithmen
	Insertion Sort
	deskriptiver Pseudocode
	Merge Sort
	deskriptiver Pseudocode
	BinarySearch
	deskriptiver Pseudocode
	n-Ziffer-Integer Multiplikation
	Algorithmus von Strassen (Matrixmultiplikation)
	Dynamische Programmierung
	Fibbonacci-Zahlen
	primitiver rekursiver Algorithmus
	primitiver rekursiver Algorithmus

	1 1 1 1 11	0
	dynamischer Algorithmus	9
		10
		10
	$\operatorname{dynamisch}$	10
	Partition	10
	SubsetSum	10
	Entwicklung des Algorithmus	10
	ŭ ŭ	11
		11
	9	11
		11
0		12
O <sub>1</sub>	1 01	
	1	12
	0 0	12
		12
	Interval-Scheduling	12
	Notation	12
	Kompatible Intervalle	12
		12
		13
	9	13
		13
		14
		14 14
a		
G		14
		14
		14
	BinaryTreeSearch	14
	MinSearch / MaxSearch	14
	FollowerSearch	14
		15
		15
4. wi	ichtige Datenstrukturen 1	6
		16
		16
		17
121		17
C		L7
	1	
ы		17
		18
		18
Re		18
	Rot-Schwarz-Eigenschaften	18
_ ~		_
_	<b>V</b> 1	8
_		19
$\mathbf{E}$ l	, r	19
	8	19
	reale Zahlen	19

Zeichen	19
Zeiger / Referenz	19
Nicht-Elementare Datentypen	19
Felder	19
Verbunddaten	19
Speicherbedarf	20
3. Pseudocode	20
Kommentare	20
Verbunddatentypen	20
Felder	20
Zuweisung	21
Typ 1	21
Typ 2	21
Bedingte Verzweigungen	21
Schleifen	21
for	21
while	22
repeat	22
Prozeduren	22
Rechentricks / -regeln	29
Vollständige Induktion	29
Landau-Notation	29
Literatur	29

### 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 Korrekturgelesen hätte. Fehler, Ungenauigkeiten etc. sind demnach zu erwarten und mir zuzuschreiben.

### 1. Definitionen

### Informatik

Informatik ist die Disziplin der automatischen Verarbeitung von Information.<sup>1</sup>

### 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.<sup>2</sup>

 $<sup>^{1} \</sup>rm https://gi.de/fileadmin/GI/Hauptseite/Themen/was-ist-informatik-kurz.pdf$ 

<sup>&</sup>lt;sup>2</sup>(Cormen et al. 2022)

#### 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 werde, 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)

### 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:

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

### 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

- Fibbonacci-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 Interval 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,<sup>3</sup> daher sollte ein solcher Algorithmus oft verbessert / angepasst werden.

#### Laufzeit

Die Laufzeit kann durch eine Laufzeitanalyse vorhergesagt werden.

- $T(1) \in \mathcal{O}(1)$
- $T(n) = aT(\frac{n}{h}) + f(n)$ 
  - 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

#### Kostenfunktion

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

Alternativ zu dieser Methode kann man auch eine Wertefunktion maximieren.

## 3. wichtige Algorithmen

### Rekursionsalgorithmen

Insertion Sort

InsertionSort(A, n) \\ Feld A der Länge n wird übergeben

 $<sup>^3</sup>$ Beispielsweise die Berechnung von Fibbonacci-Zahlen ist rekursiv extrem ineffizient, so lange keine Ergebnisse zwischengespeichert werden.

```
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 auf die letzte Stelle
   Füge x an die korrekte Stelle in A ein
```

### Merge Sort

MergeSort sortiert erst beide Hälften eines Feldes seperat, 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</pre>
```

### **BinarySearch**

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

Satz: Die Laufzeit von 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 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)</pre>
```

### 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.

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

```
AF + BH = P<sub>1</sub> + P<sub>2</sub>
AF + BH = P<sub>1</sub> + P<sub>5</sub> P<sub>3</sub> P<sub>7</sub>
```

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

### Fibbonacci-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.

Für jedes m > 0 gilt, dass FibDynamicCalc(m) maximal zweimal aufgerufen wird. Daher ist die Laufzeit von FibDynamic(n) linear  $T(n) \in \mathcal{O}(n)$ .

```
FibDynamic(n)
    F = new array [1..n]
    for i=1 to n do
       F[i]=0
    F[1] = 1
    F[2] = 1
    return FibDynamicCalc(F, n)
FibDynamicCalc(F, n)
    if F[n] > 0 then return F[n]
        F[n] = FibDynamicCalc(F,n-1) + FibDynamicCalc(F,n-2)
    return F[n]
Vereinfacht:
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 Dynamisch Programmierung keine Laufzeitverkürzung.

rekursive 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 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<sub>n</sub>
Gesucht wird eine Menge L' ⊆ L\{x<sub>n</sub>} : U' = ∑<sub>x∈L</sub> x
Sei x<sub>n</sub> ∉ L
Gesucht wird eine Menge L' ⊆ L\{x<sub>n</sub>} : U = ∑<sub>x∈L</sub> x
```

### Indikatorfunktion

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

### Rekursive Beschreibung

```
Ind(A, U, m)
  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)
  \\ initalisiere 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]
```

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

Korrektheitsbeweis Der Korrektheitsbeweis nutzt die Schleifeninvariante  $\operatorname{Ind}[u,i]=\operatorname{true}$  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  $M = \{1, \ldots, n\}$  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.<sup>4</sup>

### 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  $(2 \times 7)$ .

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

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  $\forall i \in S : \exists i \neq j \in S : E[i] \leq A[j] \vee E[j] \leq A[i]$ .

### Gieriger Algorithmus

- 1. Wähle ein Interval  $i_i$  geschickt und füge es in die Ergebnismenge S ein.
- 2. Entferne alle Intervalle, die nicht mit  $i_j$  kompatibel sind.

 $<sup>^4</sup>$ siehe Kapitel Optimierungsprobleme

#### 3. Gehe zu 1.

Die Schwierigkeit liegt in Schritt 1. Sowohl die Wahl des erstmöglichen Intervals als auch die Wahl des kürzesten Intervals liefert nicht immer das gewünschte Ergebnis. Da die Ressource immer möglichst früh freigegeben werden soll, kann man immer das Interval 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.

```
 \begin{tabular}{ll} Interval Scheduling (A,E,n) & Voraus setzung: Die Intervalle sind nach Endzeitpunkt sortiert $S = \{1\}$ $j = 1$ for $i = 2$ to $n$ do $$ if $A[i] >= E[j]$ then $$S = S + \{i\} & Vereinigung smenge $$j = i$ return $$ $$ $$ $$
```

### 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.

### Graphalgorithmen

### auf Binären Suchbäumen

**Inorder-Tree-Walk** Sei x ein binärer Suchbaum. Dann gibt Inorder — Tree — Walk(x) 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)</pre>
```

**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.

if right[x] != NIL \\ es gibt einen rechten Unterbaum

```
FollowerSearch(x)
```

```
then return MinSearch(right[x]) \\ der Knoten mit dem kleinsten Wert ist der Nachfolge
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 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
    v = 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 key[z] auf den des Nachfolgers 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
```

## 4. wichtige Datenstrukturen

### 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 Elemente gespeichert, muss dies wie bei Insertion Sort 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  $\mathcal{O}(N)$ .

#### Listen

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 key[x] sowie Zeiger auf das vorherige Element prev[x] und / oder das folgende Element next[x]. Zudem wird der Zeiger auf das erste Element der Liste in head[L] gespeichert. Wenn es keinen Vorgänger bzw. Nachfolger gibt, wird NIL in dem entsprechenden Zeiger gespeichert.

#### Doppelt Verkettete Listen

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.

### Graphen

Bestehen aus Knoten und Kanten. Kanten können gerichtet sein.

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.

### 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 key[v] sowie Zeigern auf den Elternknoten parent[v], den linken Unterbaum left[v] und den rechten Unterbaum right[v]. Zudem gibt es einen Zeiger root[T], der auf den Wurzelknoten des Baumes T zeigt.

#### Baumhöhe

Die Höhe eines Binärbaums 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.

### 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 key[y] > key[x], dann ist y der rechte Unterbaum, ansonsten ist er der linke Unterbaum.

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

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 Wost-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 in einer Laufzeit von  $\mathcal{O}(\log_2 n)$  erfolgen, sodass alle Operationen diese Laufzeit teilen.

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

#### Rot-Schwarz-Eigenschaften

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 Blätter dieselbe Anzahl an schwarzen Knoten.

## 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

 $\it lazy\ evaluation$ : Bei  $\it UND$ -Verknüpfungen wird nach dem ersten  $\it False$ -Ergebnis abgebrochen.

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

### 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 \*</pre>
```

```
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 \*</pre>
```

### 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 \*</pre>
```

### 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 « <br/>j * 1 * output « x * 1 *
```

### Ausgabe:

100 97

#### # 7. Laufzeitanalyse

In der Realität spielen Hardware sowie Software (z.B. OS, Compiler(-optionen)) eine Rolle.

Unser Rechenmodell besagt, dass eine Pseudocodeoperartion einen Zeitschritt benötigt. Wir

Hierbei will man für eine gegebene \_Eingabegröße\_ \$n\$ eine obere Schranke für die Laufzeit Üblicherweise benutzt man eine Worst Case Analyse, auch wenn es auch die Average Case Anal

```
## Worst Case Analyse
```

Die Worst-Case Laufzeit  $T(n) = \max[\text{Laufzeit}]$  ist die längste Laufzeit für alle m Dies ist der Standard, normalerweise ist diese Analyse gemeint, wenn man von "Laufzeitanal"

## Average Case Analyse

```
## Master-Theorem
Seien $a\ge 1$ und $b\ge 1$ ganzzahlige Konstanten und $f: \mathbb N\rightarrow \mathbb N$
$$
    T(n) \setminus le
        \begin{cases}
            n=1: f(n) \\
            n>1: a \cdot T(\frac{n}{b}) + f(n)
        \end{cases}
$$
Es gebe ein $\gamma$, sodass gilt:
\begin{aligned}
    1. &&
        \gamma=1:&&
        f(n) = \gamma amma af\left(\frac{n}{b}\right)
        &&\Rightarrow&&
        T(n) \& \in O(\lceil f(n) \cdot \lceil f(n) \rceil ) 
        \gamma>1:&&
        f(n) \ge \gamma anma af\left(\frac{n}{b}\right)
        &&\Rightarrow&&
        T(n) % in\mathcal O(\large()f(n)(\large)) \
    3. &&
        0<\gamma<1:&&
        f(n) \le \gamma af\left(\frac{n}{b}\right)
        &&\Rightarrow&&
        T(n) \& \ln d(arge(a^{\log_b(n)}{\langle arge(}) \wedge d(arge)) 
\end{aligned}
### Merkhilfen
Die folgenen Erklärungen sind nicht zwangsweise mathematisch korrekt, daher sind sie eher
1. Der Aufwand $f(n)$ ist in jeder Rekursionsebene _gleichartig_ (z.B. linear, konstant).
2. Der Aufwand $f(n)$ _wächst_ in jeder Rekursionsebene (abhängig von $n$). Daher dominier
3. Der Aufwand $f(n)$ _sinkt_ in jeder Rekursionsebene (abhängig von $n$). Hier fließt in
### Alternative Formulierung
Es gibt noch andere Formulierungen. Die folgende Formulierung ist gängiger.[^5]
Seien $a\ge 1$ und $b\ge 1$ ganzzahlige Konstanten und $f: \mathbb N\rightarrow \mathbb N$
    T(n) \setminus le
        \begin{cases}
            n=1: f(n) \\
            n>1: a \cdot T(\frac{n}{b}) + f(n)
```

Die Worst-Case Laufzeit \$T(n) = \mathrm{avg}[\text{Laufzeit}]\$ ist die längste Laufzeit fü

```
Seien \alpha >0, k<1, n_0\in\mathbb{N}, dann gilt:
$$
\begin{aligned}
   1. &&
       f(n) = O(n^{\log_b(a) - \text{varepsilon}})
       &&\Rightarrow&&
       T(n) \& \inf (n^{(\log_b(a))}) \
       f(n) = \frac{n^{\langle \log_b(a) \rangle \log_{10}^k(n)}}
       &&\Rightarrow&&
       3.
       f(n) = \Omega(n^{\log_b a + \operatorname{n}})
       \label{lambda} $$  \ln  n\ge n_0: a f\left(\frac{n}{b}\right) \le kf(n) 
       &&\Rightarrow&&
       T(n) &\in \Theta(f(n))
\end{aligned}
[^5]: _Theorem 4.1_ [@AlgorithmsCormen2022, p. 103]
# 8. Landau-Notation
Die detaillierte Laufzeitanalyse hat einige Schwachstellen: Konstante Faktoren werden durc
Die Landau-Notation nutzt eine _asymptotischen Analyse_ für große Eingabemengen $n\rightar
Im Folgenden werden einige Annahmen getroffen:
* Die Funktionen $f$ und $g$ haben den Definitionsbereich $\mathbb N_0$ und sollten für gr
* Die Worst-Case-Laufzeit wird asymptotisch angenährt.
Bei rekursiven Funktionen muss man mit dem Abschätzen der $\Omega$- und $\mathcal O$-Notat
## Beweise
Für Beweise, z.B. mittels Vollständiger Induktion, sollte man die Landau-Notationen nur vo
## Schranken
* Die Schranken \mathcal{O}(g(n)) und \mathcal{O}(g(n)) geben an, wie stark die analysierte
* Die Schranke $\Theta(g(n))$ gibt dagegen an, dass die Funktion bei großen $n$ in exakt
* Die Schranken o(g(n)) und o(g(n)) geben dagegen an, dass die Funktion immer sch
## $\mathcal O$-Notation
Mit der $\mathcal O$-Notation wird die _obere Schranke_ angenähert.
f(n)\in \mathbb{S}(n)
$$
```

\end{cases}

\$\$

```
\mathcal{G}(g(n)) = \{
      \text{Funktion } f(n) |
      \exists c\in R_+:\exists n_0\in N:
      forall \in N \in n_0: 0 \le f(n) \le c \leqslant g(n)
   \}
$$
### Hierarchien
Seien $b, \varepsilon\in\mathbb R$, sodass $b\ge 2$ und $\varepsilon > 0$.
1. \ 0(\log n) \simeq 0(\log^2 n) \simeq 0(\log^2 n) 
2. \ \mathcal O(\log^bn) \subseteq\mathcal O(n^\varepsilon)$
3. \sigma^1 \simeq 0(n^\nu ) \
### Erweiterte $\mathcal O$-Notation
Man kan die $\mathcal O$-Notation auf Funktionen erweitern, die von mehreren Parametern $n
$$
   \mathcal{O}(g(n,m)) = \{
      \text{Funktion } f(n) |
      \exists c\in \mathbb{R}_+:\ n_0, m_0\in\mathbb N:
      \forall\mathbb N \ni n\ge n_0, N \ni m\ge m_0:
      f(n,m) \leq c \leq g(n,m)
   \}
$$
* Diese Definition kann in konstruierten Fällen zu ungewünschten Aussagen führen!
   * z.B. g(1,m) = m^2 \ und \ forall n>1: g(n,m)=m
## $\Omega$-Notation
Die $\Omega$-Notation liefert eine _untere Schranke_ für die Laufzeit.
f(n)\in \mathbb{S}(n)
$$
   \Omega (g(n)) = \{
      \text{Funktion } f(n) |
      \exists c\in R_+:\exists n_0\in \mathbb{N}:
      forall n g n_0: 0 \le c g(n) \le f(n)
   \}
$$
## Zusammenhänge
\begin{aligned}
   f(n) \ \&\ \ o(g(n)) \ \&\&\ \ Leftrightarrow\&\& \ g(n) \ \ in \ \ omega(g(n)) \ \ \\
   \end{aligned}
```

\$\$

```
$f(n)\in\Theta(n)$ bedeutet, dass $f$ für große $n$ ($n\rightarrow\infty$) genauso stark w
$$
           f(n) \in Theta(g(n)) \setminus f(n) \in 
$$
## $o$-Notation
f(n)\in (g(n)) bedeutet, f wächst weniger stark als g.
$$
           o (g(n)) = \setminus \{
                       \text{Funktion } f(n) |
                       \forall c\in R_+:\exists n_0\in N:
                       forall \in N \in n_0: 0 \le f(n) \le c \leqslant g(n)
           \}
$$
## $\omega$-Notation
f(n)\in \operatorname{omega}(g(n)) bedeutet, f wächst stärker als g.
$$
            \operatorname{lomega}(g(n)) = \{
                       \text{Funktion } f(n) |
                       \forall c\in R_+:\exists n_0\in N:
                       forall \in N \in n_0: 0 \le c \le g(n) \le f(n)
           \}
$$
# 9. Korrektheitsbeweise
* Elemente eines Korrektheitsbeweise können zur Überprüfung der Funktionsweise während der
* Aus Korrektheitsbeweisen lassen sich häufig gute Kommentare herleiten.
* Ein Korrektheitsbeweis hält letztlich die Überlegungen fest, die ein Entwickler sowieso
* Korrektheitsbeweise helfen dabei, sich dieser Überlegungen bewusst zu werden, und somit
## Definitionen
### Korrektheitsbeweis
Ein Korrektheitsbeweis ist eine formale Argumentation, dass ein Algorithmus korrekt arbeit
### Problembeschreibung
Definiert für eine Menge von zulässigen Eingaben die zugehörigen gewünschten Ausgaben.
### Korrektheit
Wir bezeichnen einen Algorithmus für eine vorgegebene Problembeschreibung als _korrekt_, w
```

## \$\Theta\$-Notation

## 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 S

Der Beweis für die Korrektheit erfolgt über Vollständige Induktion. Hierbei ist wesentlich

Für \_for\_-Schleifen werden hierbei folgende Annahmen getroffen:[^6]

- \* 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.

[^6]: siehe Pseudocode/for-Schleife

### ### Rekursion

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

#### ### Binärbäume

Aussagen über Bäume werden durch vollständige Induktion über die Höhe eines Baumes bewiese

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

### ## \$P\$ vs. \$NP\$

Das Problem \$P\$ \_vs.\_ \$NP\$ ist eines der wichtigsten Probleme der theoretischen Informatik

Es gibt die Frage, ob die Menge der Probleme, die \_schnell\_ lösbar sind (\$P\$), und die Men

- \* \$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
- \* Es gilt \$P\subset NP\$.

### # 10. Optimierungsprobleme

Bei einem Optimierungsproblem wird nach einer \_optimalen Lösung\_ gesucht. Dies kann z.B. d

Ein klassisches Optimierungsproblem ist das Rucksackproblem.

### ## Rucksackproblem

Es gibt einen Rucksack mit begrenzter Kapazität, in den Objekte mit verschiedenen Größen u

Dazu hat man eine Menge \$M=\{1,\dots,n\}\$ an Objekten, die jeweils eine Größe und einen We

Dann suchen wir eine Teilmenge  $S\subset M$ , für die  $w(S) = \sum_{x\in M} x\in S$  w(x) maximie

### ## Zulässige Lösungen

- \* Ist \$S\subseteq \{1,\dots, i-1\}\$ eine zulässige Lösung für einen Rucksack der Größe \$j-
- \* Ist \$\$\subseteq \{1,\dots, i-1\}\$ eine zulässige Lösung für einen Rucksack der Größe \$j\$

\* \$S=\{\}\$ ist eine zulässige Lösung für \_jeden\_ Rucksack der Größe \$j\ge 0\$.

#### ## Optimale Lösungen

Eine zulässige Lösung \$S\in M^\prime\$ heißt \_optimal\_ für einen Rucksack der Größe \$j\$, we

Sei \$0\subseteq M^\prime\$ eine optimale Lösung für Objekte aus \$M^\prime\$ und einen Rucksa

- 1. Ist das Objekt \$i\in O\$, so ist \$O\backslash \{i\}\$ eine optimale Lösung mit Objekten a
- 2. Ist Objekt  $i\$  of enthalten, so ist 0 eine optimale Lösung mit Objekten aus  $\{1$

### Weiterhin gilt:

- 1.  $\sigma g[1]: \mathrm{0pt}(1,j)= w[1]$
- 2.  $forall j < g[1]: \operatorname{mathrm}\{0pt\}(1,j)=0$
- 3.  $forall i>1,g[i]>j: \mathbf{0pt}(i,j) = \mathbf{0pt}(i-1,j)$
- 4.  $f(i,j) = \max_{0,j} (i-1,j), w[i] + \max_{0,j} (i-1,j), w[i] + \max_{0,j} (i-1,j), w[i] + \max_{0,j} (i-1,j), w[i] + \sum_{0,j} (i-1,j),$

### ## 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 o
- 4. Bestimmen aus dem Wert einer optimalen Lösung und in der iterativen Methode berechneten

### ### Finde optimale Teillösungen

Sei \$0\in M^\prime\$ eine optimale Lösung für einen Rucksack der Größe \$j\$. Sei \$\mathrm{Op

Seien i=1, die Eingabemenge  $\{1,\dots,i\}=\{1\}$  und die Größe des Rucksacks j gegebe  $Gilt j\ge g[1]$ , dann ist  $0=\{1\}$  eine optimale Lösung mit Wert  $\mdots Gilt j\le g[1]$ , dann ist  $0=\{1\}$  eine optimale Lösung mit Wert  $\mdots Gilt j\le g[1]$ , dann ist  $0=\{i\}$  eine optimale Lösung mit Wert  $\mdots Gilt j\le g[1]$ .

### ### Finde den Wert der optimalen Lösung iterativ

Rucksack(n,g,w,G) \ finde die Werte der optimalen Lösungen Opt = new array[1,..,n][0,..,G] for j = 0 to G do if  $j < g[1] \setminus$  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 Opt[i,j] = Opt[i-1,j] \\ Objekt i passt nicht in den Rucksack
        else Opt[i,j] = max{Opt[i-1,j], w[i] + Opt[i-1,j-g[i]]} \\ finde optimale Lösung
return Opt[n,G]
```

Die Laufzeit ist \$T(n)\in \mathcal O(nG)\$. Sei \$R\$ der Wert einer optimalen Lösung für Obj

### ### finde den Weg der optimalen Lösung

Wir gehen davon aus, dass das Feld \$\mathrm{Opt}\$ auch nach dem Aufruf von \$\mathrm{Rucksa}

\* Falls das \$i\$-te Objekt in einer optimalen Lösung für Objekte \$1\$ bis \$i\$ und Rucksackgr

```
* Ansonsten fahre mit Objekt $i-1$ und Rucksackgröße $j$ fort.
```

```
RucksackL\ddot{o}sung(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]) \\ +: Bilde Vereinigungsmenge
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  $\mathrm{Opt}(i,j)$ , so berechnet Algorithmus RucksackLösung eine Teilmenge  $S\subseteq M'$ , so dass  $g(S) \leq j$  und  $w(S) = \operatorname{Opt}(i, j)$  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.