### Najkrótsza droga w grafie

Algorytm **Dijkstry** i **Bellmana-Forda** służy do wyznaczenia najkrótszej drogi pomiędzy wierzchołkiem startowym (zwanym często źródłowym) do wszystkich wierzchołków

#### Elementy obu algorytmów

 $\mathbf{d[v]}$  - aktualna odległość wierzchołka  $\mathbf{v}$  od wierzchołka startowego

**p[v]** - wierzchołek z którego osiągnięto wierzchołek **v** Ciąg poprzedników począwszy od v wyznacza drogę do wierzchołka początkowego

 $v \rightarrow p[v] \rightarrow p[v] \rightarrow p[p[v]] \rightarrow \dots$  aż do w. startowego

w(u,v) - waga krawędzi pomiędzy wierzchołkami u i v

### Najkrótsza droga w grafie

```
RELAKSACJA KRAWEDZI
Jeżeli dochodząc do danego wierzchołka v z wierzchołka u
poprawiamy dotychczasową drogę (p[v])

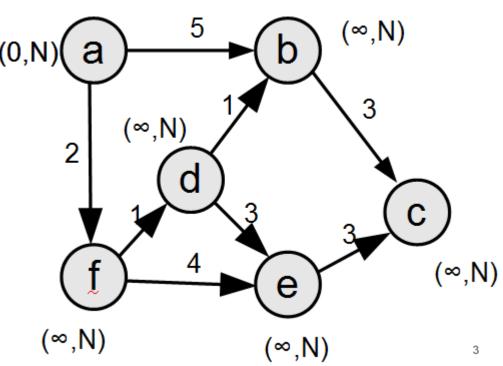
if d[v] > d[u] + w(u, v) then //relaksacja krawędzi
    d[v] = d[u] + w(u, v)
    p[v] = u;
```

```
Dla każdego wierzchołka pamiętamy dwie dane (d,p) -odległość od wierzchołka startowego (d[v]), -wierzchołek poprzedzający (p[v])
```

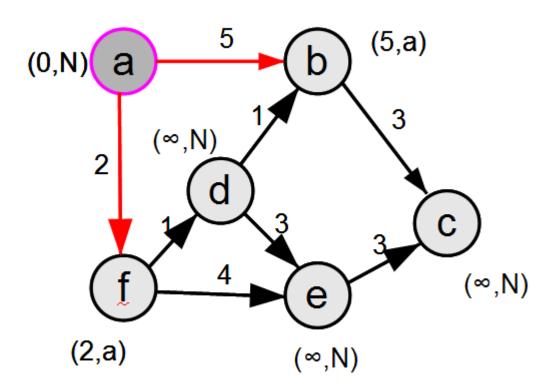
Dwa zbiory wierzchołków: przebadane i nieprzebadane (na początku wszystkie są nieprzebadane)

**a** - wierzchołek startowy, **N** - oznacza poprzednika

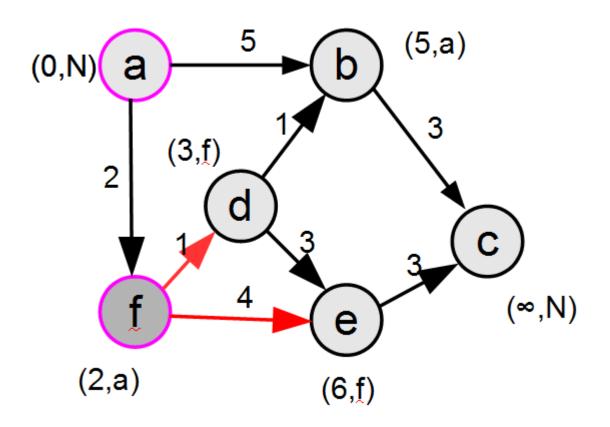
nieokreślonego



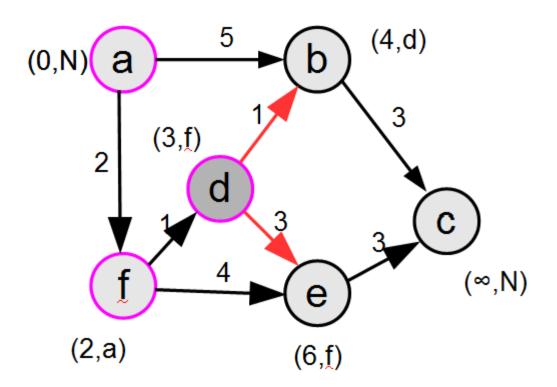
- Ze zbioru nieprzebadanych wierzchołków(a,b,c,d,e,f) wybieramy wierzchołek o najmniejszej wartości odległości (wierzchołek a)
- Dokonujemy relaksacji jego sąsiadów (b,f)
- Wierzchołek **a** usuwamy ze zbioru nieprzebadanych



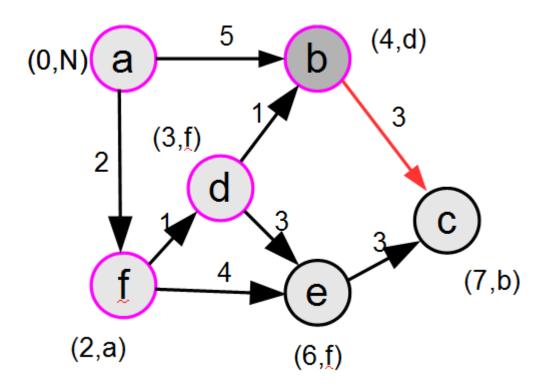
- Ze zbioru nieprzebadanych wierzchołków(b,c,d,e,f) wybieramy wierzchołek o najmniejszej wartości odległości (wierzchołek **f**)
- Dokonujemy relaksacji jego sąsiadów (d,e)
- Wierzchołek **f** usuwamy ze zbioru nieprzebadanych



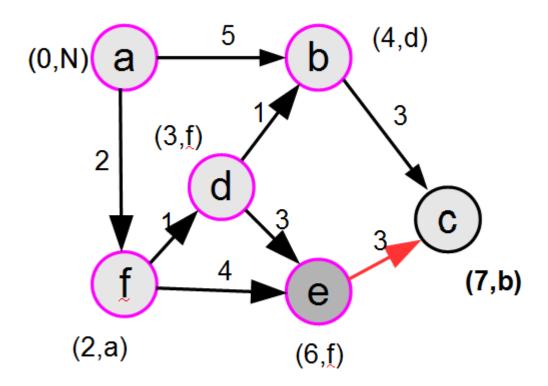
- Ze zbioru nieprzebadanych wierzchołków(b,c,d,e) wybieramy wierzchołek o najmniejszej wartości odległości (wierzchołek **d**)
- Dokonujemy relaksacji jego sąsiadów (b,e)
- Wierzchołek **d** usuwamy ze zbioru nieprzebadanych



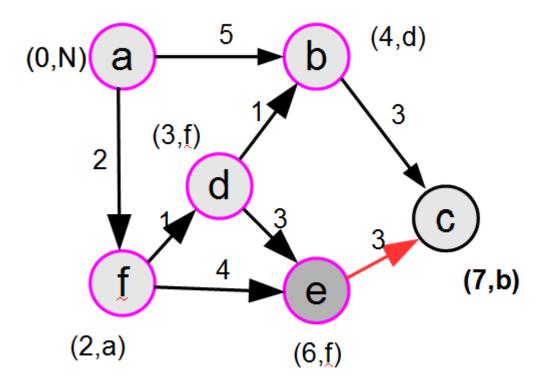
- Ze zbioru nieprzebadanych wierzchołków(b,c,e) wybieramy wierzchołek o najmniejszej wartości odległości (wierzchołek **b**)
- Dokonujemy relaksacji jego sąsiadów (c)
- Wierzchołek **b** usuwamy ze zbioru nieprzebadanych



- Ze zbioru nieprzebadanych wierzchołków(c,e) wybieramy wierzchołek o najmniejszej wartości odległości (wierzchołek e)
- Dokonujemy relaksacji jego sąsiadów (b,e)
- Wierzchołek **e** usuwamy ze zbioru nieprzebadanych

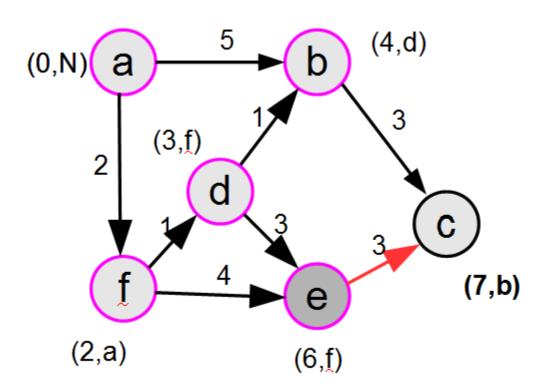


- Ze zbioru nieprzebadanych wierzchołków(c) wybieramy wierzchołek o najmniejszej wartości odległości (wierzchołek c)
- Dokonujemy relaksacji jego sąsiadów brak sąsiadów
- Wierzchołek **c** usuwamy ze zbioru nieprzebadanych



- Zbiór nieprzebadanych jest pusty więc STOP
- Przykładowa droga dla wierzchołka c od wierzchołka startowego (odczytywana od tyłu czyli od **c** do **a** na podstawie poprzedników

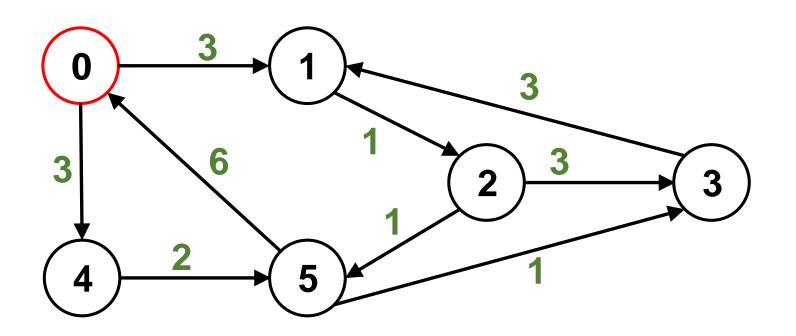
$$c - b - d - f - a$$



```
G - graf, V- zbiór wierzchołków
d[v] - aktualna odległość od wierzchołka startowego
p[v] - wierzchołek z którego osiągnięto wierzchołek v
Adj[v] - zbiór sąsiadów wierzchołka v
w(u,v) - waga, Q - kolejka (zbiór wierzchołków)
Dijkstra(G, w, s)
      for each v \in V do
            d[v] = \infty
            p[v] = NULL
      d[s]=0;
      Q = V[G]
      while Q \neq \emptyset do
            //usuń wierzchołek o najmniejszej d[i]
            u := Extract-Min(Q)
            for each v \in Adj[u] do
                   if d[v] > d[u] + w(u, v) then
                         //relaksacja krawędzi
                         d[v] = d[u] + w(u, v)
                                                        11
                         p[v] = u;
```

- O rzędzie złożoności decyduje implementacja kolejki priorytetowej:
- wykorzystując "naiwną" implementację poprzez zwykłą tablicę, otrzymujemy algorytm o złożoności O(V²)
- w implementacji kolejki poprzez kopiec, złożoność wynosi
   O(ElogV)
- po zastąpieniu zwykłego kopca kopcem Fibonacciego złożoność zmniejsza się do O(E+VlogV)

Pierwszy wariant jest optymalny dla grafów gęstych, drugi jest szybszy dla grafów rzadkich, trzeci jest bardzo rzadko używany ze względu na duży stopień skomplikowania i niewielki w porównaniu z nim zysk czasowy.



#### PRZERYSOWAĆ DO NOTATEK

#### Najkrótsza droga w grafie – algorytm Bellmana-Forda

Idea algorytmu opiera się na metodzie relaksacji (dokładniej następuje relaksacja V-1 razy każdej z krawędzi). W odróżnieniu od algorytmu Dijkstry, poprawność algorytmu Bellmana-Forda nie opiera się na założeniu, że wagi w grafie są nieujemne (nie może jednak występować cykl o łącznej ujemnej wadze osiągalny ze źródła). Za tę ogólność płaci się jednak wyższą złożonością czasową.

Działa on w czasie O(V\*E).

#### Najkrótsza droga w grafie – algorytm Bellmana-Forda

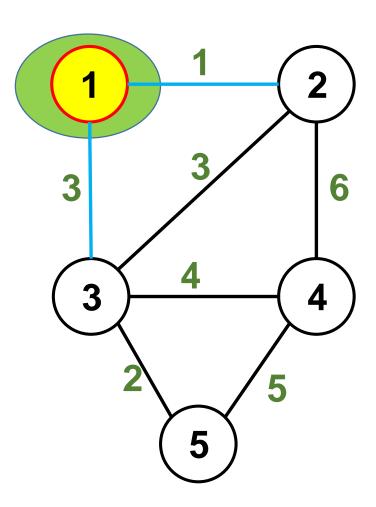
```
BelmannFord(G, w, s)
      for each v \in V[G] do
            d[v] := \infty
            p[v]:=NULL
      d[s] := 0;
      for i:=1 to |V[G]| -1 do
            for each (u,v) \in E do
                   if d[v] > d[u] + w(u, v) then
                         //relaksacja krawędzi
                         d[v] := d[u] + w(u, v)
                         p[v] := u;
      //sprawdzanie czy nie ma cyklu ujemnego
      for each (u,v) \in E do
                   if d[v] > d[u] + w(u, v) then
                         STOP - cykl ujemny
```

#### MST – algorytm Prima

#### Algorytm Prima

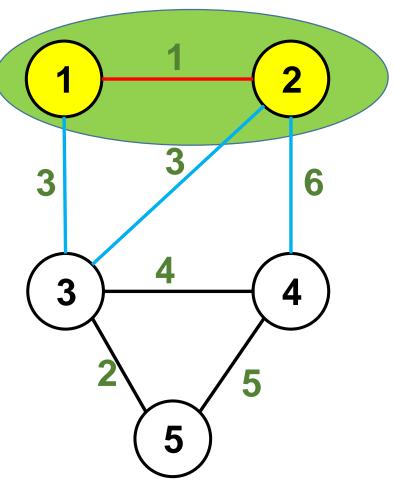
- 1. Wybierz wierzchołek startowy i dodaj do zbioru rozwiązań.
- 2. Utwórz listę wszystkich wierzchołków połączonych z wierzchołkami ze zbioru rozwiązań.
- 3. Z listy wybierz połączenie (krawędź) o najmniejszej wadze i dodaj wierzchołek do zbioru rozwiązań, a krawędź dołącz do zbioru krawędzi MST
- 4. Jeżeli zbiór rozwiązań zawiera wszystkie wierzchołki to koniec, w przeciwnym wypadku przejdź do pkt. 2.

Wybieramy wierzchołek startowy np. 1 i przenosimy go do zbioru rozwiązań (zbiór rozwiązań zawiera teraz tylko wierzchołek 1)

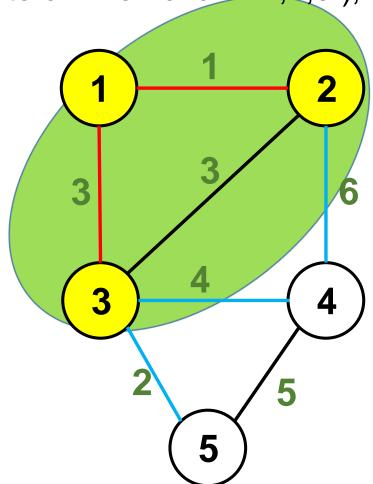


Wybieramy wierzchołek połączony z wierzchołkiem 1 o najmniejszej wadze tj. 2 i dodajemy go do zbioru rozwiązań (zbiór rozwiązań zawiera teraz wierzchołki 1,2 a krawędź 1-2 do drzewa

MST)

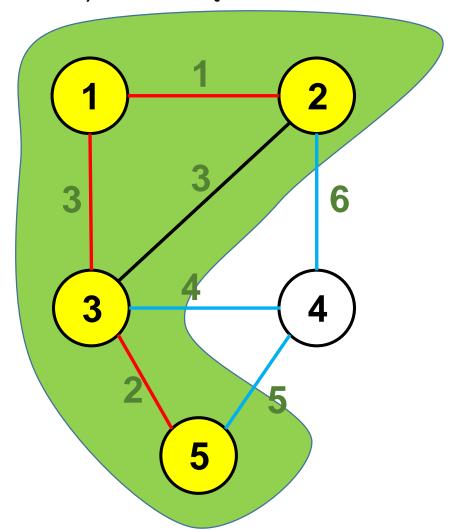


Wybieramy najbliższy wierzchołek dla 1,2 o najmniejszej wadze tj. 3 i dodajemy go do zbioru rozwiązań (zbiór rozwiązań zawiera teraz wierzchołki 1,2,3), a krawędź 1-3 do zbioru krawędzi MST



Wybieramy najbliższy wierzchołek dla 1,2,3 o najmniejszej wadze tj. 5 i dodajemy go do zbioru rozwiązań(zbiór rozwiązań zawiera teraz wierzchołki 1,2,3,5), a krawędź 3-5 do zbioru krawędzi

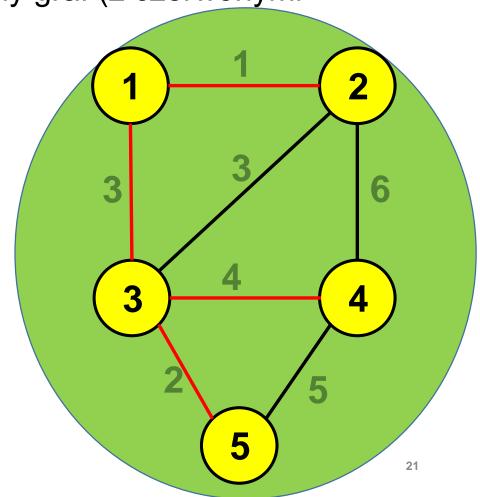
MST



Wybieramy najbliższy wierzchołek dla 1,2,3,5 o najmniejszej wadze tj. 4 i dodajemy go do zbioru rozwiązań, a krawędź 3-4 do zbioru krawędzi MST. Ponieważ wszystkie wierzchołki należą do zbioru rozwiązań zatem uzyskany graf (z czerwonymi

krawędziami, reprezentującymi zbiór krawędzi MST

jest rozwiązaniem).



#### MST – algorytm Prima

```
Algorytm Prima wg Cormena
Adj[u] - lista sąsiadów wierzchołka u
key[u] - waga najmniejszej krawędzi dla u
p[u] - wierzchołek z którym jest połączony u
Q - kolejka priorytetowa posortowana wg key
r - wierzchołek startowy
Prim(G,w,r)
For each v \in V[G] do key(v) = \infty
key[r] = 0; p[r] = NIL
Q \leftarrow V[G]
while Q \neq \emptyset do
  u = Extract-Min(Q)
  for each v \in Adj[u] do
     if v \in Q AND w(u,v) < key[v] then
          key[v] = w(u,v); p[v] = u;
```

#### MST – algorytm Prima

Złożoność obliczeniowa (E to liczba krawędzi a V to liczba wierzchołków) przy użyciu kopca binarnego:  $O(E \log(V))$ 

#### MST – algorytm Kruskala (1)

A – zbiór krawędzi tworzących rozwiązanie

Algorytm Kruskala

```
sE – posortowany zbiór krawędzi grafu
Kruskal (G, w)
A \leftarrow \emptyset
For each v \in V[G] do
  MakeSet(v) //tworzy poddrzewo wierzchołka
posortuj krawędzie niemalejąco względem wag sE
for i:=1 to i=|sE| do
  (u,v) = sE[i]; //pobierz kolejna krawedź
  //sprawdź czy u i v należy do różnych poddrzew
  if FindSet(u) ≠ FindSet(v) do
     A \leftarrow A \cup (\{u, w\}) //dodaj krawędź do rozw.
     Union(u,v) //połącz poddrzewa w jedno
return A
```

#### MST – algorytm Kruskala (2)

MakeSet(v) – tworzy zbiór składający się tylko z jednego elementu v

**FindSet(v)** - zwraca identyfikator zbioru do którego należy v (jeżeli FindSet(u)=FindSet(v) to oznacza, że wierchołki u i v należą do tego samego zbioru

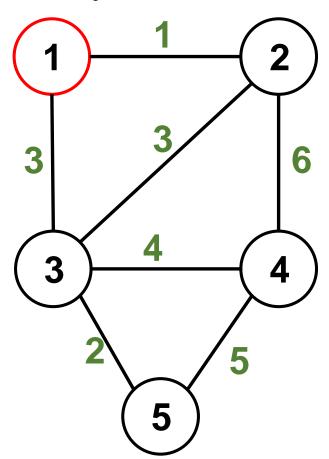
**Union(u,v)** – łączy dwa zbiory, z których jeden zawiera wierzchołek u, a drugi wierzchołek v

Sortowanie działa w czasie O(ElogE), efektywna implementacja zbiorów rozłącznych ma złożoność O(E  $\alpha$ (E,V)), gdzie  $\alpha$  jest odwrotnością funkcji Ackermana. Zatem złożoność całkowita wynosi O(ElogE)

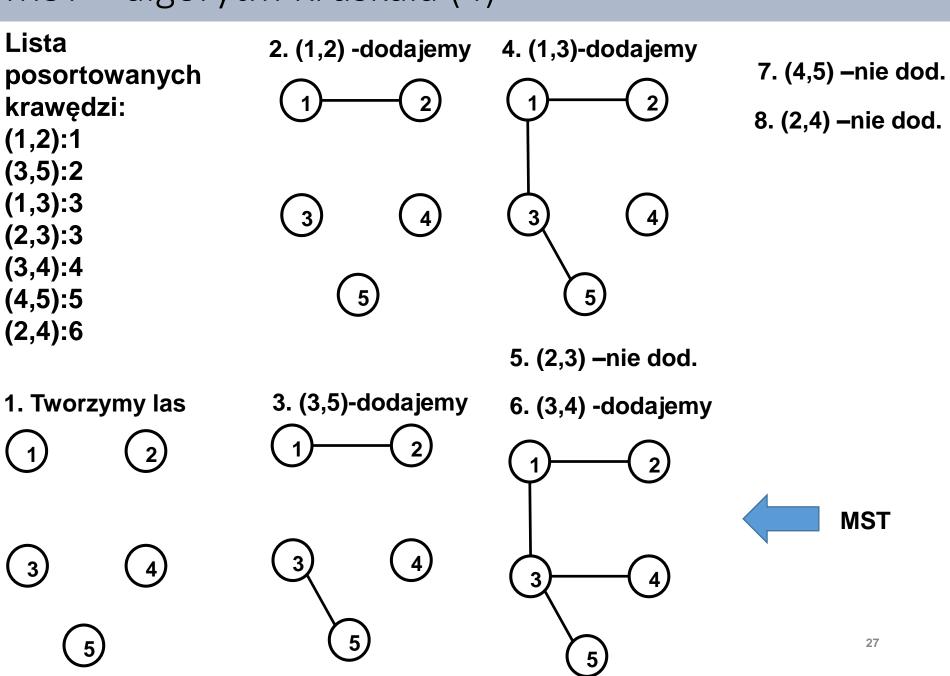
#### MST – algorytm Kruskala (3)

#### Lista posortowanych krawędzi:

- (1,2):1
- (3,5):2
- (1,3):3
- (2,3):3
- (3,4):4
- (4,5):5
- (2,4):6



# MST – algorytm Kruskala (4)



#### Wersja naiwna

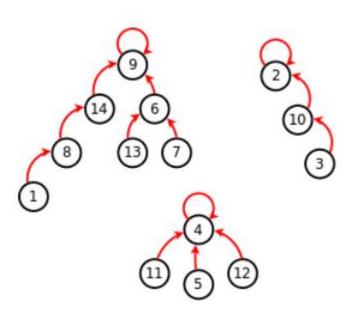
```
MakeSet()
  for i:= 1 to n do
    grupa[x] = x

FindSet(x)
  return grupa[x]

Union(x,y)
  for i:= 1 to n do
    if grupa[i] = grupa[y] then
       grupa[y] = grupa[x]
```

Złożoność Union – O(n)

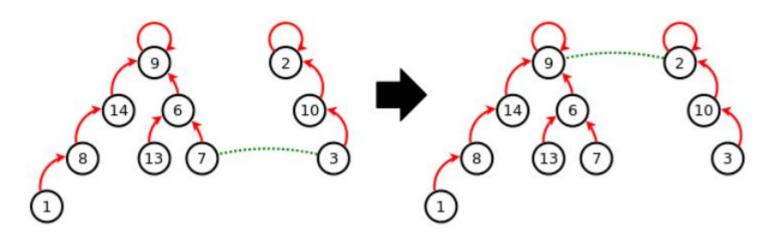
```
parent[x] - rodzic x
(np. parent[8]=14, parent[14]=9,
parent[9]=9 <-reprezentant zbioru tzn. parent[x]=x</pre>
```



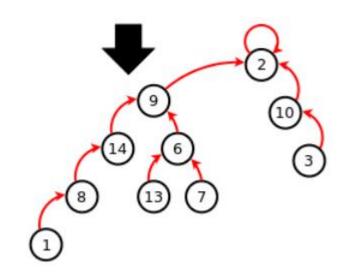
```
FindSet(x)
  a = x
  while a<>parent[a]
    a = parent[a]
  return a
```

#### Rekursja:

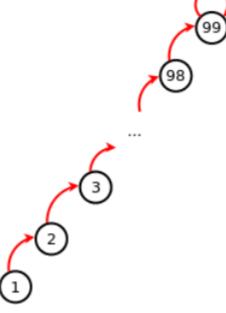
```
FindSet(x)
  if parent[x] = x
    return x
  else
    return FindSet(parent[x])
```



Union(x,y)
 a = FindSet(x)
 b = FindSet(y)
 parent[a] = b



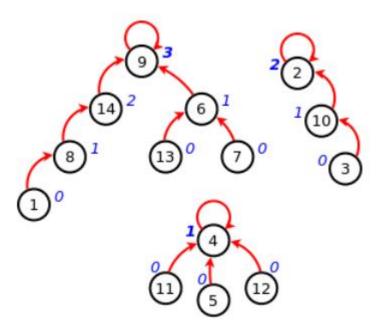
Wersja nieoptymistyczna – *Find* będzie miało złożoność O(n)



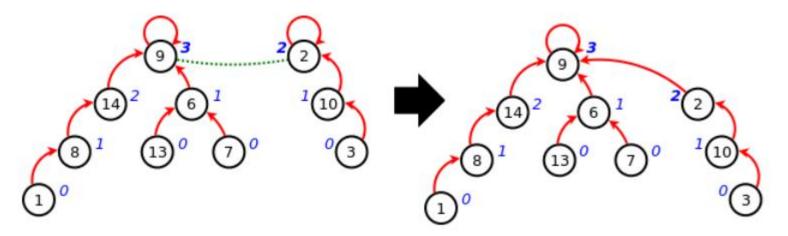
Rozwiązanie – łączenie wg rangi i kompresja ścieżek

Ranga elementu x – oznacza wysokość drzewa podpiętego do x (oznaczmy ja jako rank[x]). Ranga w przypadku reprezentanta mówi ile operacji przechodzenia należy wykonać w najgorszym przypadku dla operacji FindSet()

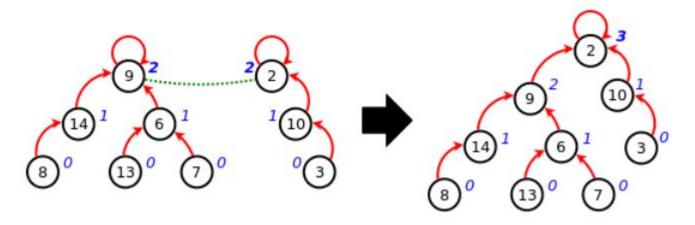
W praktyce istotna jest tylko ranga reprezentantów



#### Łączenie – zawsze o mniejszej randze do drzewa o większej randze



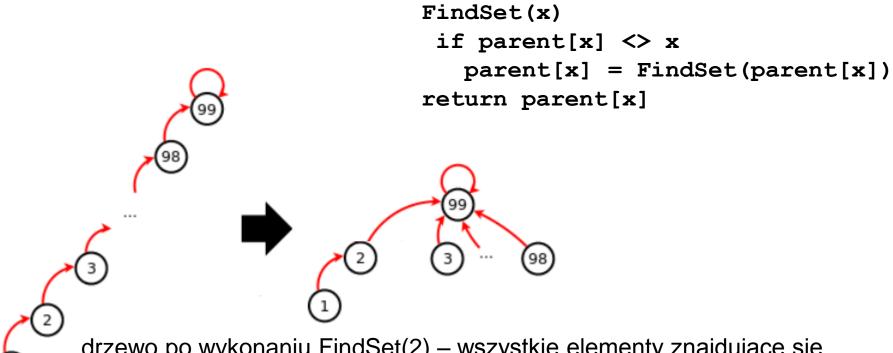
Drzewa o różnych rangach – ranga drzewa wynikowego nie zmienia się



Drzewa o równych rangach – ranga drzewa wynikowego większa o 1

```
Union(x,y)
   a = FindSet(x)
   b = FindSet(y)
   if rank[a] < rank[b]</pre>
      parent[a] = b
   else
      parent[b] = a;
   if rank[a]=rank[b]
      rank[a] = rank[a]+1
Złożoność FindSet – O(logn)
Złożoność Union – taka sama jak FindSet
```

Kompresja ścieżek – jeżeli podczas operacji FindSet odkryliśmy, że reprezentantem x jest y to możemy od razy wpisać parent[x]=y, aby skrócić następne poszukiwania.



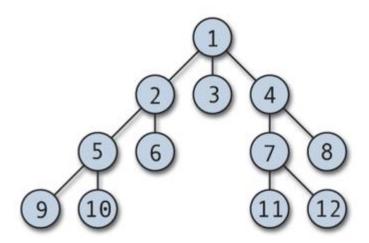
drzewo po wykonaniu FindSet(2) – wszystkie elementy znajdujące się na ścieżce do reprezentanta będą bezpośrednio po operacji wskazywać na reprezentanta.

Kompresja ścieżek odrobinę "psuje" pojęcie rangi — nie oznacza ona już wysokości drzewa. Ranga pozostaje jednak większa lub równa wysokości, co wystarczy do naszych celów.

### MST – przeszukiwanie grafu wszerz (BFS)

```
BFS(V,s)
   for each u \in do V - \{s\} do
     color[u]:= WHITE
3
     d[u] := \infty //-czas odwiedzenia
     p[u]:= NIL //-poprzednik (jak w alg. Disjkstry)
4
5 color[s]:= GREY
6 d[s] := 0;
7 p[s]=NIL
8 Q:= s //Q-zwykła kolejka FIFO - wstaw s do kolejki
9 while 0 !=\emptyset do
10 u:=head[Q]
11 Q:= Q - u // usuń z kolejki u
12 for each v \in Adjv[u]
13
        if color[v] = WHITE then
14
           color[v]:= GREY
15
           d[v] := d[u] + 1
16
           p[v]:=u
17
           Q:= Q+v //wstaw do kolejki wierzchołek v
18
    color[u]=BLACK
19
     wykonaj operację w u
```

#### MST – przeszukiwanie grafu wszerz (BFS)



Kolejność odwiedzanych wierzchołków w drzewie (preferujemy odwiedzanie od lewego do prawego potomka) metodą BFS

### MST – przeszukiwanie grafu w głąb (DFS)

```
DFS(G)
1 for each u \in V do
2 color[u]:=WHITE
3 d[u] := \infty //-czas odwiedzenia
  p[u]:= NIL //-poprzednik (jak w alg. Dijkstry)
5 \text{ time} := 0
6 for each z \in V do
7 if color[z]=WHITE then
8
        DFS-VISIT(z)
DFS-VISIT (u)
1 color[u]:=GRAY
2 d[u]:=time:=time+1
3 for each v \in Adj[u] do
4
      if color[v] = WHITE do then
5
          p[v] := u
6
          DFS-VISIT(v)
7 color[u]:=BLACK
  wykonaj jakąś operację w u (np. wyświetl u)
9 f[u]=time:=time+1 //czas przetworzenia9
```

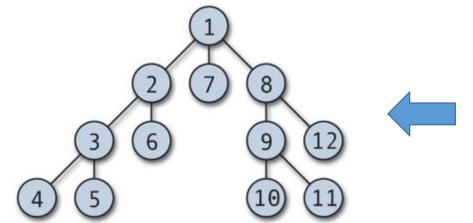
#### MST – przeszukiwanie grafu w głąb (DFS)

Wersja z dwoma kolorami - w tym przypadku przetwarzanie wierzchołka jest w momencie odwiedzenia - stąd kolejność przetwarzania będzie odwrotna

```
DFS(G)
1 for each u \in V do
2 color[u]:=WHITE
3 for each z \in V do
    if color[z]=WHITE then
5
        DFS-VISIT(z)
DFS-VISIT (u)
1 color[u]: = BLACK
2 wykonaj operację w u (np. wyświetl symbol u)
3 for each v \in Adj[u] do
        if color[v] = WHITE then
4
5
               DFS-VISIT(u)
```

## MST – przeszukiwanie grafu w głąb (DFS)

```
Wersja z dwoma kolorami, wierzchołkiem początkowym i stosem
DFS-iterative(G,u)
  for each u \in V do
    color[u]:=WHITE
  Q.push(u) //Q - stos (pusty na początku)
  while Q != \emptyset do
    u = Q.pop()
5
     if color[u] = WHITE then
6
             color[u]:= BLACK
8
             wykonaj operację dla u
             for each v \in Adj [u] do
10
                      Q.push(v)
```



Kolejność odwiedzanych wierzchołków w drzewie metodą DFS (przedstawionej na tej stronie) - preferujemy odwiedzanie od lewego

 preferujemy odwiedzanie od lewego do prawego potomka – czyli do stosu wstawiamy potomków od prawego do lewego