UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI UDINE
Francesco Davini

ALGORITMI E STRUTTURE DATI

Esame:

Parte scritta orale e laboratorio (lab va fatto prima dell'orale) (probabilmente l'orale è obbligatorio)

5 appelli:

- 2 compitini + orale (fine febb e inizio metà giugno, orale giugno o luglio)
- II app con scritto in luglio
- III met/fine luglio
- IV scritto settembre
- V scritto gennaio/febbraio

Per l'orale serve aver preso almeno 16 nello scritto.
Nei compitini nella media viene arrotondata per eccesso
Fare male il primo compitino non preclude il secondo

Tutte le altre informazioni sono nella pagina e-learning (ancora da fare) Si trovano:

- Le regole d'esame
- Alcuni esami scritti passati
- Qualche esercizio risolto
- Quiz di autovalutazione (vengono pubblicati dopo ogni argomenti, molto più semplici degli esami)
- Qualche link utile a siti per fare simulazioni con alcune strutture dati
- Riferimenti bibliografici
- Tutte le registrazioni e trascrizioni durante le lezioni dell'anno durante la pandemia

Teams viene usato solo per le emergenze
L'altro professore usa di più teams

Il ricevimento è su appuntamento tramite mail (è sospeso i 7 giorni lavorativi precedenti ad uno scritto).

Il libro di testo che si segue è "cormen leiserson Rivest (…) Introduction to Algorithms"

3 requisiti per l'esame

- Programmazione del primo anno (soprattutto per la ricorsione)
- Matematica discreta e analisi (non c'è un blocco, ma è molto consigliato)

Il laboratorio erano esercizi obbligatori da consegnare e un progetto (forse il progetto verrà cambiato) è obbligatorio lavorare in gruppo

Cos'è un algoritmo?

Una sequenza ordinata di operazioni $\longrightarrow$ modelli di calcolo (che tipo di macchina si utilizza) Si deve ragionare su correttezza e complessità e si deve trovare un problema da risolvere. Per risolvere un problema si deve:
avere una funzione che dice cosa ho in input e cosa ho in output.
P: input $\longrightarrow$ output
A: input $\longrightarrow$ output
Le due funzioni devono coincidere e quindi devo dimostrare che quello che ho scritto è quello che deve fare.

Nel corso creeremo dei problemi, creeremo degli algoritmi per risolverli e verrà valutato il tempo per risolverli.

Il modello di calcolo che useremo sarà pseudocodice (molto facile da tradurre in un linguaggio qualsiasi)

Problema dell'ordinamento:

problema: dato un vettore A contenente n numeri interi, determinare una permutazione π degli indici di A tale che
$\forall i, Ji < j \implies A[\pi[i]] < A[\pi[j]]$

A vettore Struttura dati statica (dimensione fissa) composta da elementi omogenei, è indicizzato (accesso diretto)

Cos'è una permutazione? (uno scambio tra gli indici – una funzione iniettiva) Un vettore A di lunghezza n ha un incide che va da 1 a n In input avremo il vettore di interi.

Gli input in questo problema sono tutti i possibili vettori e la dimensione dell'input è la lunghezza del vettore.
Per calcolare la complessità-intempo (A, M): ∀ input $\longrightarrow$ R+ Questo processo sarebbe particolarmente complicato, quindi si farà riferimento al caso peggiore, al caso medio e al caso migliore.

Tp(A,M): N (di dimensione n) $\longrightarrow$ R+
Tempo nel caso peggiore: Tp(A,M)(5) quanto tempo richiede nel caso peggiore l'algoritmo A su un generico vettore di dimensione 5 sulla macchina M.

Calcoleremo anche la complessità nel caso migliore.

Ogni operazione di base ha un costo costante c (Che cambia di macchina in machcina), si ragiona in termini asintotici, in modo che non si specifici questo tempo ci, e si prende la funzone che tende $+\infty$

Algoritmi che vedremo:

Su cambi e confronti: **InsertionSort**, **MergeSort**, **HeapSort**, **QuickSort** di cui valuteremo:

- complessità, scambi e confronti
- algoritmi con ipotesi aggiuntive nell'input

Vedremo anche:

- algoritmi sul calcolo della mediana e altre statistiche
- liste, pile, code, code con priorità,
- tabelle di Hesh
- Alberi binari di ricerca
- Alberi bilanciati
- B-alberi
- Insiemi disgunti
- Grafi (non pesati e pesati)

InsertionSort:

```
InsertionSort(a) {
    // j parte da 2 perché il primo elemento (a[1]) è già "ordinato" per
definizione
    for j <- 2 to a.length {

        key <- a[j]       // Salviamo il VALORE da inserire
        i <- j - 1        // Iniziamo a confrontare con l'elemento a sinistra

        // Sposta gli elementi di a[1..j-1] che sono più grandi di key
        // di una posizione verso destra
        while (i > 0 and a[i] > key) {
            a[i + 1] <- a[i]
            i <- i - 1
        }

        // Inserisce key nella posizione corretta
        a[i + 1] <- key
    }
}
```

Dopo aver verificato che il codice funziona con un caso "semplice", dobbiamo controllare la correttezza e la complessità.

Per controllare la correttezza, dobbiamo definire la funzione con dei passi di computazione, che vanno dell'imput all'autput.

correttezza:

P: input $\rightarrow$ output
A: input $\rightarrow$ output (sequenzqa di istruzioni che termina, $\forall$ input)

Come primissima cosa va dimostrato che termina sempre, gli algoritmi ci permettono di affrontare argomenti decidibili (che si può capire la risposta).

Correttezza InsertionSort:

$\forall$ vettore A InsertionSort (A) termina e al termine A è ordinato in ordine crescente.
$\forall A, b \in [1, A - length] a < b \implies A[a] \leq A[b]$
(e A continente gli stessi elementi che contiene inizialmente)
Fare attenzione che la correttezza va controllata all'interno del codice, non dell'idea iniziale

La correttezza è il teorema, mentre l'invariante (in questo caso il ciclo for) è come se fosse un lemma ed è il primo elemento che va controllato per la dimostrazione. Nella invariante va codificato matematicamente tutte le proprietà che credo siano vere tutte le volte che passo per la riga di codice.
All'inizio della J-esima iterazione del ciclo for A[1,….,j-1] è ordinato

Dimostrazione (per induzione):

Base:
j=2 A[1,…,j-1]=A[1,…,1] un vettore che contiene un solo elemento è un vettore ordinato.

Passo induttivo:
ipotesi induttiva: invariante vera all'inizio dell'interazione j A[1,…,j-1] è ordinato

Tesi:
invariante vera all'inizio dell'invariante j+1
All'inzio dell'interazione j+1 A[1,…,j] è ordinato

Devo quindi analizzare il codice e vedere cosa succede durante la j-esima iterazione del "for"

Un nuovo varole (chiamato x) viene salvato in key=x
Quindi i=x-1

Di conseguenza i si ferma su un valore $y < x$, tutti gli altri elementi vengono copiati a “destra” di una posizione All’uscita del while:

(ordinato)	(ordinato)	(ordinato)	x	y	h	(ordinato)	(ordinato)

Dimostrazione correttezza:

InsertionSort (A) termina.
Il while termina sempre perché all’interno del while l’indice i viene decrementato e una delle guardie del while richiede che i > 0 Il ciclo for termina perché j non è stata modificata all’interno del for. J viene aumentata di 1 ad ogni interazione del for e la condizione richiede che j ≤A.length

InsertionSort (A) termina quando la testa (o condizione) del ciclo for viene eseguita con j = A.length + 1 e il test del for fallisce all’inizio dell’iterazione A.length+1

Sfruttando l’invariante:
A[1,…,(A.length + 1)] è ordinato e corrisponde ad A

Valutazione complessità dell’alogirmto:

Calcolo caso peggiore:
$Tp : N \implies R+$ //Tp(n): tempo impiegato nel caso peggiore su un vettore di lunghezza n.

Viene utilizzato il criterio di **costo uniforme** (assumo che ogni istruzione di base del nostro linguaggio di programmazione abbia un costo costante = c)

Le **istruzioni di base** sono: operazioni aritmetiche, assegnamenti, incrementi, test booleani, ecc.. questa variabile è indipendente dalla complessità delle singole operazioni svolte (un esempio 1 + 1 viene considerato come un c, come sarebbe 5432*232332), per questo motivo questo principio non sempre da un risultato corretto, ma per questo corso è sufficiente per i casi che vedremo (per casi complessi si dovrebbe usare un sistema di calcolo logaritmico – tiene conto il numero di bit utilizzati)

Anche in caso di lunghezza n fissa, il costo può variare per quanto è disordinato un vettore. Esempio:
[2 1 3 3] = [15 10 20 12] = c *// sono disornati nello stesso modo, quindi hanno la stessa complessità*
[1 2 3 4]≠[3 4 2 1]≠c *// Il caso peggiore è n ordinato in ordine opposto il caso migliore è un vettore già ordinato*

Per il caso migliore: [2,…,n-1]=((n+1)-2)+1=n (numero di volte che il codice viene eseguito)
$C \cdot n$
C(n-1) (∀ linea di codice)

Il while ha 2 controlli buleani:

- c $\implies$ $c \cdot T_j$ (j = numero di volte che il while viene eseguito)
- La riga sotto il while: $\sum_{j=2}^{n}(c \cdot (T_j - 1))$

sommando tutto:

$$Tp(n) = c \cdot n + 3c(n-1)\sum_{j=2}^{n}(c \cdot T_j) + 2\sum_{j=2}^{n}(c \cdot (T_j - 1))$$

Sostituendo con numeri:
Nel caso più **fortunato**: T_j = [1]
Nel caso **peggiore**: i=[0,…,j-1] $\implies$ quindi viene eseguito j volte
Ergo:

$$Tp(n) = c \cdot n + 3c(n-1) + \sum_{j=2}^{n}(c \cdot T_j) + 2\sum_{j=2}^{n}(c \cdot (T_j - 1))$$

ricordando la somma di gauss: $\sum_{k=1}^{m} k = \frac{m(m+1)}{2} = \theta(m^2)$

Nel caso migliore: $T_j = 1$
$TO(n) = \theta(n)$

// dovranno essere distinti gli argoritmi nel caso siano inplace o non inplace (se usano spazio ausiliario o no)

La stabilità:

Un algoritmo di ordinamento è stabile se preserva l'ordine iniziale.

(...)	(...)	(...)	**5a**	(...)	(...)	(...)
(...)	(...)	(...)	(...)	5a	5	(...)

Un esempio è quando abbiamo un insieme di nomi e cognomi (ordinati per cognome), e vogliamo ordinarli anche per nome, è importante che l'ordinamento del cognome rimanga persistente e successivamente venga applicato l'ordinamento per il nome nel caso in cui due cognomi inizino con la stessa lettera.

Nel nostro algoritmo il whie è stato scritto con:

```
(...)
while (i > 0 && a[i] > key){
    (...)
```

E va quindi analizzato per determinare se sia o meno stabile

MergeSort:

usa una procedura Divide et Impera

- Divido in sottoproblemi
- Risolvo i sottoproblemi (con ricorsione)
- Combino le soluzioni di sottoproblemi per una soluzione del problema generale

Caso base:

Se il vettore ha lunghezza 1 è già ordinato

Passo induttivo:

due sottoproblemi risolti (esempio: tutti i numeri pari ordinati e tutti i numeri dispari ordinati)

Idea:
Abbiamo un vettore da ordinare, lo dividiamo in due metà (ricorsivamente) fino ad arrivare a vettori di lunghezza 1 (caso base), e poi uniamo i vettori ordinati (merge).

(...) P (...) r (...) q (...)

$r = \frac{q+p}{2}$

Determiniamo quindi 2 sottoproblemi e 2 sottovettori da riordinare:

Una volta ottenuti i due vettori ordinati, dobbiamo unirli in un unico vettore ordinato (merge - un nuovo DLC di LLCS).

```
MergeSort(A, p, q) {
    if (p < q) {
        // Calcola il punto medio (divisione intera)
        r <- floor((p + q) / 2)

        // Ordina ricorsivamente la prima metà
```

```
        MergeSort(A, p, r)

        // Ordina ricorsivamente la seconda metà
        MergeSort(A, r + 1, q)

        // Fonde le due metà ordinate
        Merge(A, p, r, q)
        // qui andrebbe definita la funzione Merge
    }
}
```

Il caso base sussiste qualora il caso base sia q≤ p, dove il programma termina perché il vettore è stato ordinato

Esempio:

10(1) 20 5 2(4)

```
MergeSort (A, 1, 4){
    r<-2
    Mergesort(A,1,2) // viene diviso e ne abbiamo due sotto vettori
    r<-1
    Mergesort(A,1,1) // caso base quindi termina (1=1)
    Mergesort(A,2,2) // caso base come sopra
    Viene fatta quindi la chiamata
    Merge (A, 1, 1, 2) (copia prima il più piccolo, e poi il più grande, crea
quindi un vettore ordinato)
}
```

ALBERI BINARI

L’altezza dell’albero è la lunghezza del più lungo cammino + foglia

Con n nodi l’altezza massima dell’albero è n – 1 (h appartiene O(n)) Quindi h appartiene Ω(logn)

TBST Se InOrder(T) Stampa in ordine crescente Ricerca (max min chiave prod) Insertion

Per ricerca massimo e minimo: Minimo: quando continuo a scendere a sinistra fino a quando non trovo più nodi

```
BTS-Min(T){
    x<-T.root
    while (x != NIL && x.left != NIL){
        x<-x.left
}
return x
}   // nel caso peggiore ha complessità (teta)(h), h = altezza albero
    // nel caso l’albero sia completamente bilanciato: (teta)(n), n= numero di
nodi
    // in termini di spazio: è In place
```

Ricerca di una chiave k:

```
BST-Search(x,k){    //  % cerca K nel sottoalbero radicato in x
    If(x= NIL || x.key = k)     // mettere x=NIL prima così in caso vero non
implode
        Return x
    }else{
        If(x.key > k){
            Return BST.Search(x.left,k)
        }else{
            Return BST-Search(x.right,k)
        }}} // nel caso peggiore: come prima (teta) (h || n), NON è in Place
perché ric.
```

Ricerca del Sucessore Dato T BST e dato x (app) T Il successore y di x è il nodo di T che contiene la più piccola chiave più grande della chiave di x (se esiste)

Se il sottoalbero dx di x è vuoto il più giovane antenato di uni x è parte del sottoalbero di x

```
BST-Successor(X){
    If(x.right != NIL){
        Return BST.minimum(x.right)
    }else{
        Y<-x parent
        While(y != NIL &&  x != y.left){
            X<-y
            Y<- x.parent
        }
    }return y
}
```

INSERIMENTO

T BST è un nuovo modo con chiave k che non sta in T

```
BST-Insert(T, z) {      // % z.key non appartiene a T
    y <- NIL
    x <- T.root

    // Scende nell'albero per trovare la posizione corretta
    // x è il puntatore di scansione, y è il puntatore al padre (trailing
pointer)
    while (x != NIL) {
        y <- x
        if (z.key < x.key) {
            x <- x.left
        } else {
            x <- x.right
        }
    }

    // Inserimento del nodo z
    z.parent <- y

    if (y == NIL) {
        T.root <- z     // L'albero era vuoto
    } else {
        if (z.key < y.key) {
            y.left <- z
        } else {
            y.right <- z
        }
    }
}
```

Rotazioni di alberi bilanciati (cercare di abbassare Altezza di albero):

Prep: se T è un BTS al termine dell'operazione di RightRotate(T,x) ho ancora un BST

T viene passatro per gestire il caso in cui x sia la radice Costo (teta)(1) modifico una quantità costante di posti vicino ad x

```
RigthRotate(T,x){
    P<- x.parent
    Y<- x.left
    If(p=NULL){
        y.parentc<-NULL
        T.root<-y
    }else{
        y.parent<-p
        if(x=p.left){
            p.left<-y
        }else{
            p.right<-y
        }
    Z<-y.right
    x.left<-z
    if(z != NIL){
        z.parent<-x
    }
    y.right<-x
    x.parent<-y
    }
}
```

Serve una strategia per realizzare le rotazioni per mantenere: BTS bilanciati Per gli alberi rossoneri:

- le figlie sono NIL e black
- ogni nodo Red ha 2 figli black
- per ogni nodo x lungo ogni cammino x-foglie trovo la stessa quantità di nodi black

Vari casi:

Caso fortunato:

- X Red figlio di Red ha zio Black
- X e suo zio sono **opposti**

Caso quasi fortunato:

- X Red figlio di Red ha zio black
- X e suo zio NON sono **opposti**

Caso sfortunato:

- X Red figlio di Red ha zio Red

Esempio:

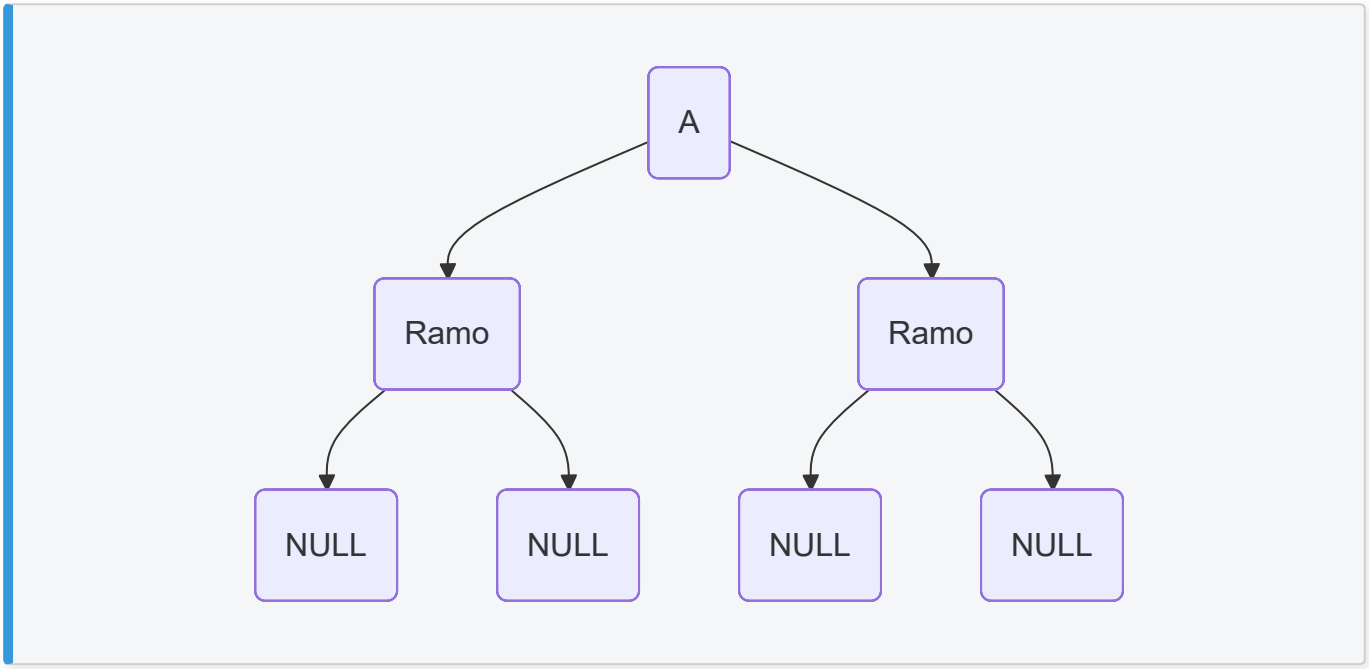
copia le cose dal telefono

Complessità Dato T RBT contenente n chiavi inserire una nuova chiede che costo?

- secondo $\theta(\log_n)$
- risalgo con 1, 2, 3 per risalire $(\theta(1) \cdot O\log_n)$

Totale: $\theta(\log_n)$

In ogni caso applico al di più 2 rotazioni



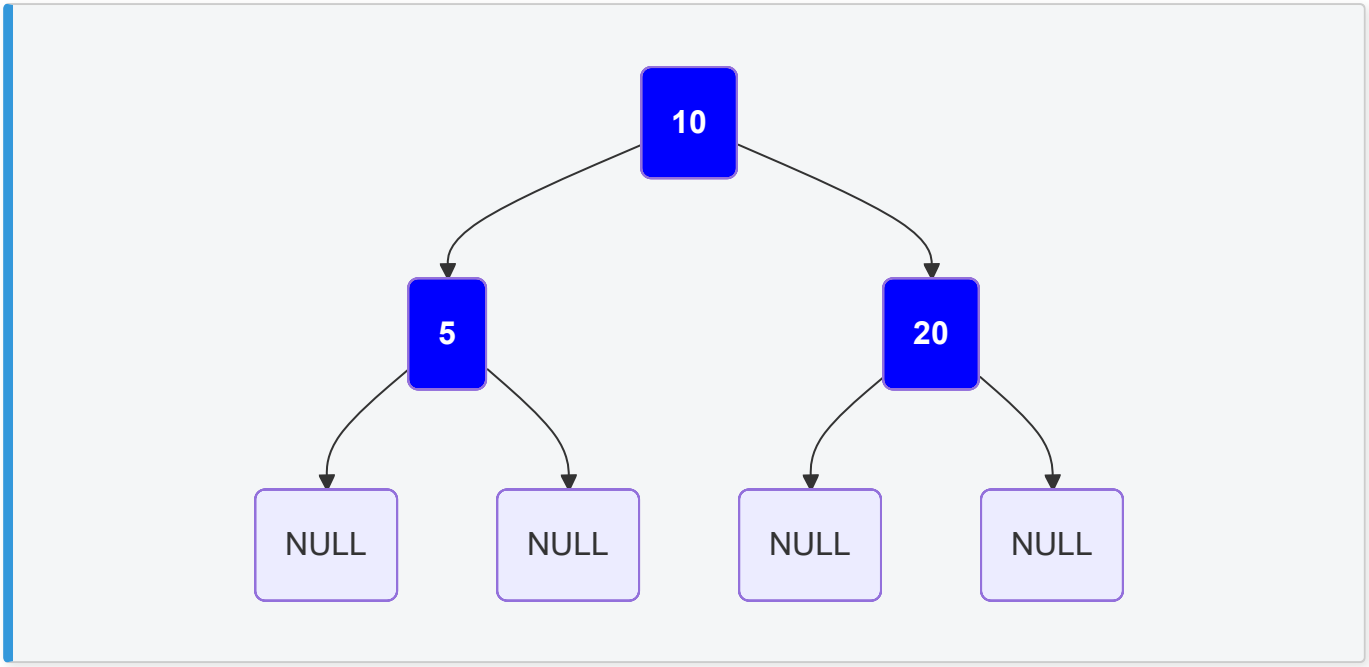
Cancellazione:

Standard utilizzati:
Red (rosso)
Black (Blue)
Non Importa
DB (dubble black(Nero))

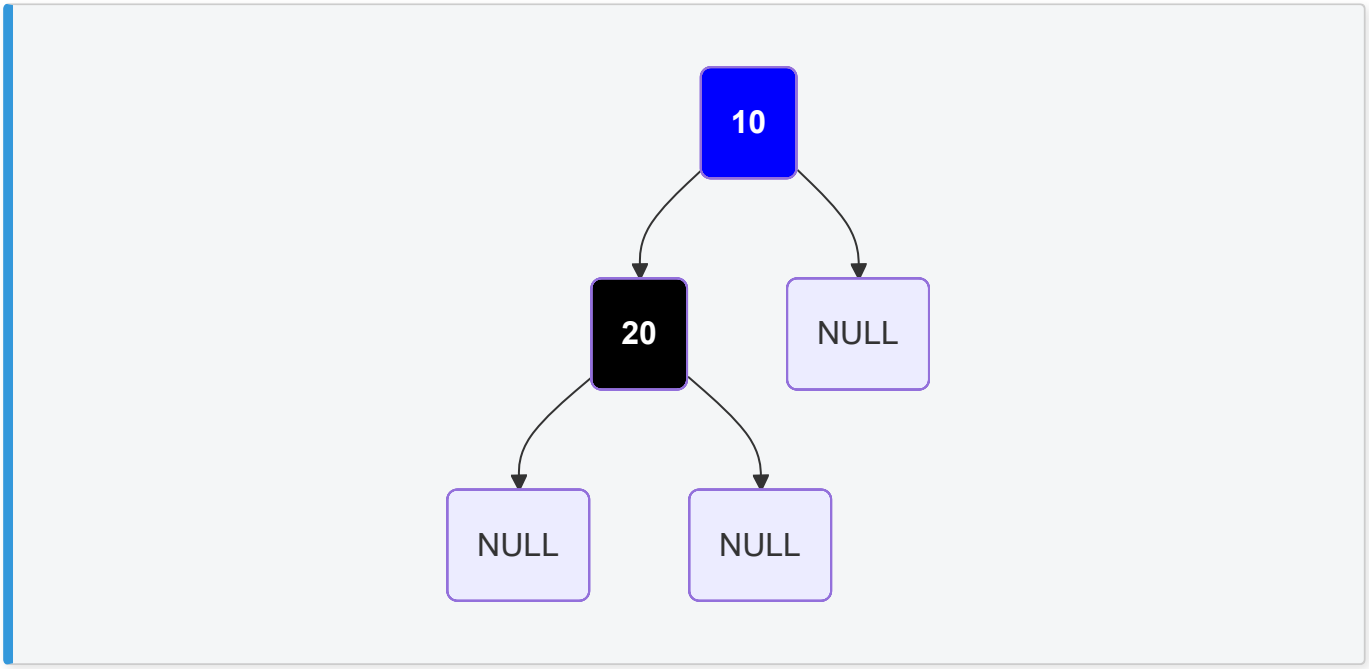
Mi concentro nel nodo che sparisce dall'albero:

Se al suo posto metto o NIL o if il suo unico figlio non NIL

Es:



per cancellare 5:



Dobbiamo tenere conto che 20 ora vale come 2 balck

Se ad un certo punto della procedura il DB è RED lo ricoloro BLACK e ho finito

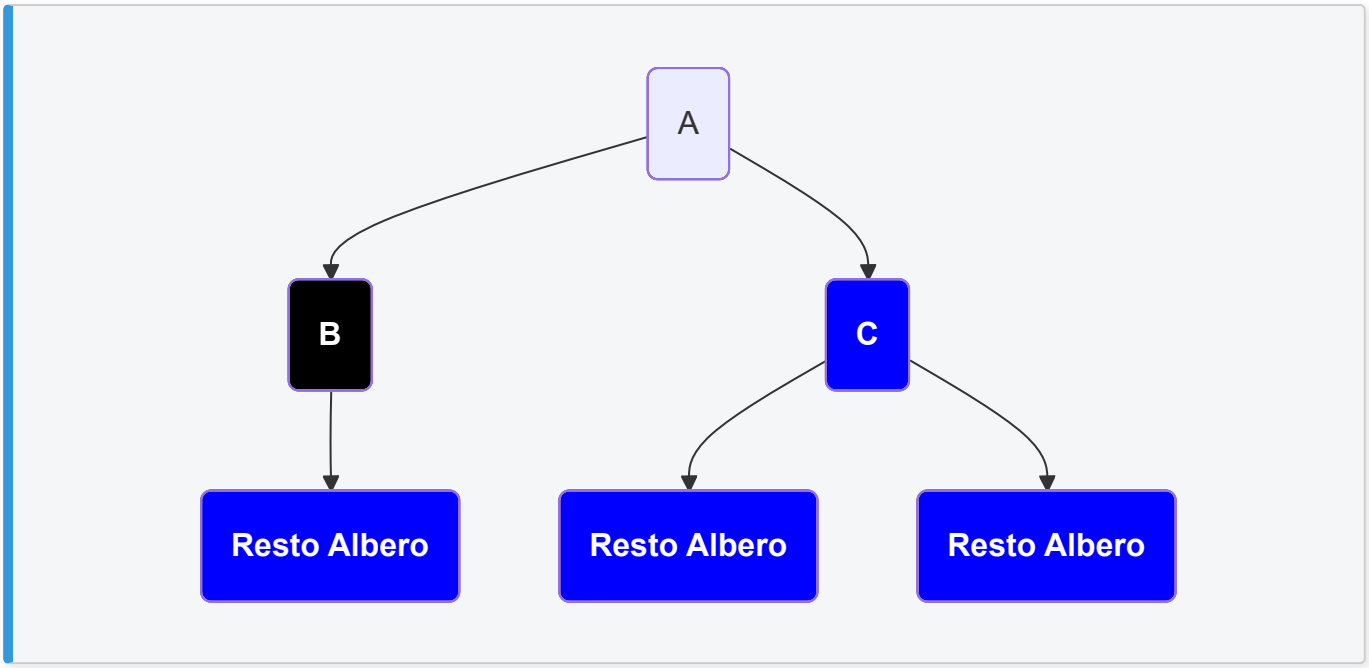
1: Caso fortunato: Le DB (dubble black) ha un nipote Red opposto

LeftRotate(T,p) $\longrightarrow$ RIcalcolo n forse p e y

2: Caso quasi fortunato: Le DB ha un nipote Red **non** opposto

RigthRotate(T,y) $\longrightarrow$ Caso fortunato (copia appunti)

3: Caso sfortunato:



⇓