

Merkblatt zu Algorithmen und Datenstrukturen

Tobias Kratz

Marius Glock

Merkblatt für Algorithmen und Datenstrukturen im Sommersemester 2019 der TU Darmstadt

Inhaltsverzeichnis

Allgemein Algorithmen	2	Randomized QS	7
Probleme der Informatik	2	Grundlegende Datenstrukturen	7
Aufgaben und Eigenschaften eines Algorithmus	2	Abstrakte Datentypen und Datenstrukturen	7
Effizienz von Algorithmen	3	Stack	7
		Laufzeiten	7
Sortieralgorithmen	3	Realisierungen	7
Das Sortierproblem	3	Verkettete Listen	8
Vergleichbarkeiten von Algorithmen	3	Laufzeiten	8
Korrektheit	3	Realisierungen	8
Laufzeiten	3	Abstrakter Datentyp Queue	8
Komplexität	3	Laufzeiten	8
Asymptotische Notationen	3	Realisierungen	8
Θ -Notation	3	Binäre Bäume	9
O -Notation	4	Realisierung	9
Ω -Notation	4	Inorder-Traversieren	9
Komplexitätsklassen	4	Pre- und Postorder-Traversieren	9
o -Notation und ω -Notation	4	Suche	10
Divide-and-Conquer	4	Einfügen	10
Lösung von Rekursionsgleichungen	4	Löschen	10
Substitutionsmethode	4	Binäre Suchbäume	10
Rekursionsbaum-Methode	4		
Mastermethode	4	Erweiterte Datenstrukturen	11
Mastertheorem	4	Rot-Schwarz-Bäume	11
Insertion Sort	5	Eigenschaften	11
Kurzbeschreibung	5	Schwarzhöhe	11
Pseudo Code	5	Einfügen	11
Korrektheit von Insertion Sort	5	Laufzeiten	12
Laufzeit	5	AVL-Bäume	13
Bubble Sort	5	Laufzeiten	13
Kurzbeschreibung	5	Einfügen	13
Pseudo Code	5	Löschen	13
Laufzeit	5	Rebalance	13
Merge Sort	5	Splay-Bäume	13
Kurzbeschreibung	5	Splay-Methode	13
Pseudo Code	5	Suchen	14
Laufzeit	6	Einfügen	14
Korrektheit	6	Löschen	14
Analyse	6	Heaps	14
Quicksort	6	(Binäre Max-) Heaps	14
Kurzbeschreibung	6	Heaps als Array	14
Pseudo Code	6	Einfügen	14
Laufzeit	6	Wurzel Löschen	14
Korrektheit	6	Heap-Konstruktion	15

Heap-Sort	15	Lockerung bzw. Relax	23
B-Bäume	15	Bellman Ford Algorithmus	23
Darstellung	15	TOPO-Sort	23
Suche	15	Dijkstra-Algorithmus	23
Einfügen	15	Maximaler Fluss in Graphen	24
Löschen	17	Netzwerkflüsse	24
Zusammenfassung	17	Transformationen	24
Zufällige Datenstrukturen	17	Ford-Fulkerson-Methode	24
Skip List	17	Reste	24
Hash Tables	17	NP	24
Erweiterte Strukturen	18	Logarithmus-Gesetze	24
Dynamische Programmierung	18	Allgemein Algorithmen	
Stabzerlegungsproblem	18	Probleme der Informatik	
Lösung	18	Ein Problem in der Informatik enthält eine Beschreibung der Ein- Ausgabe aber keinen Übergang. <i>Ein Beispiel wäre, sortiere die Menge an Wörtern</i>	
Greedy-Algorithmus	18	Eine Probleminstanz ist ein spezifiziertes Problem mit konkreter Belegung der Eingabe, in der eine Entsprechende Ausgabe erwünscht ist. <i>Bsp.: Berechne $x=23$</i>	
Damenproblem	18	»Ein Algorithmus ist eine endliche Sequenz von Handlungsvorschriften, die eine Eingabe in eine Ausgabe transformiert.« ¹	
Heuristiken	19	Aufgaben und Eigenschaften eines Algorithmus	
Bergsteigeralgorithmus	19	Ein Algorithmus soll	
Iterative Lokale Suche	19	• Endlich: Die Notation hat eine endliche Länge	
Simulated Annealing	19	• Eindeutig: Jeder Einzelschritt ist klar definiert und ausführbar. Die Reihenfolge der Einzelschritte ist festgelegt.	
Tabu Search	19	• Spezifizierung der Ein- Ausgabe: Anzahl und Typen aller Elemente ist definiert.	
Populations-basierte Methode	19	Weiterhin kann ein Algorithmus folgende Eigenschaften haben	
Evolutionärer Algorithmus	19	• Determiniertheit: Für die gleiche Eingabe immer die gleiche Ausgabe berechnet	
Evolutionäres	20	• Determinismus: Für die gleiche Eingabe ist die Ausführung und die die Ausgabe stets identisch	
Evolutionsstrategien	20	• Terminierung: Der Algorithmus läuft für jede Eingabe nur endlich lange	
Amortisierte Analyse	20	• Korrektheit: Der Algorithmus berechnet stets die spezifizierte Ausgabe (falls diese terminiert)	
Graphen	20	• Effizienz: Sparsamkeit im Ressourcenverbrauch (Zeit, Speicher...)	
(Endliche) Gerichtete Graphen	20		
Ungerichteter Graph	20		
Darstellung	20		
als Adjazenzmatrix	20		
als Adjazenzliste	20		
Gewichtete Graphen	20		
Search-Methoden	20		
BFS Breadth-First-Search	20		
DFS Depth-First-Search	21		
Anwendung von DFS	21		
Topologisches Sortieren	21		
Starke Zusammenhangskomponenten	22		
Minimale Spannbäume MST	22		
Generische Methode	22		
Korrektheit	22		
Terminologie	22		
Algorithmus von Kruskal	22		
Methode	22		
Korrektheit	23		
Algorithmus von Prim	23		
Methode	23		
Korrektheit	23		
Kürzester Weg, gerichteter Graph	23		
SSSP	23		

¹Corm et al.,2009

Effizienz von Algorithmen

- Effizienzfaktoren
 - Rechenzeit (Anzahl der Einzelschritte)
 - Kommunikationsaufwand (z.B. Netzwerk)
 - Speicherbedarf
 - Zugriff auf Speicher (z.B. Festplatte)
- Laufzeit hängt von verschiedenen Faktoren ab
 - Länge der Eingabe
 - Implementierung der Basisoperationen
 - Takt der CPU

Sortieralgorithmen

Das Sortierproblem

Zu Sortierende Elemente auch Schlüsselwerte.

Bedingung zum Sortieren: Schlüsselwerte müssen vergleichbar sein.

Eingabe eine Sequenz von Schlüsselwerten $\langle a_1, a_2, \dots, a_n \rangle$

Ausgabe : Permutation $\langle a_1', a_2', \dots, a_n' \rangle$ mit z.B. der Eigenschaft $a_1' \leq a_2' \leq a_3' \leq \dots \leq a_n'$

Eingabe ist eine **Instanz** des Sortierproblems.

Algorithmus ist **korrekt**, wenn dieser das Problem für alle Instanzen löst.

Vergleichbarkeiten von Algorithmen

- Berechnungsaufwand: $O(n)$
- Effizienz: Best Chase vs. Worst Chase vs. Average Case
- Speicherbedarf:
 - in-place: zusätzlicher Speicher, von der Eingabegröße Unabhängig,
 - out-of-place: Speicherbedarf von der Eingabegröße abhängig
- Stabilität: stabile Verfahren verändern die Reihenfolge von äquivalenten Elementen nicht, (wichtig bei mehrfachen Sortierung nach verschiedenen Schlüsselwerten)

Korrektheit

- Schleifeninvarianten: Zu Beginn jeder Iteration der for-Schleife besteht die Teilfolge $A[0..j-1]$ aus den Elementen der ursprünglichen Teilfolge $A[0..j-1]$ enthaltenen Elementen, allerdings in sortierter Reihenfolge.
- Schleifeninvariante muss 3 Dinge erfüllen

- Initialisierung Invariante ist vor jeder Iteration wahr.
- Fortsetzung Wenn die Invariante vor jeder Schleife wahr ist, dann bleibt sie auch bis zum Beginn der nächsten Iteration wahr.
- Terminierung Wenn die Schleife abbricht, liefert uns die Invariante eine Eigenschaft, die uns hilft zu zeigen, dass der Algorithmus korrekt ist.

Laufzeiten

Komplexität. Abstrakte Rechenzeit $T(n)$ ist abhängig von den Eingabedaten

Problem	$T(n)$
Sortieren einer n-elementigen Menge	Vertauschungen und Vergleiche
Suchen in einer n-elementigen Menge	Vergleiche zu durchlaufende Knoten
Auswertung einer rekursiven Funktion	Funktionsaufrufe

Asymptotische Notationen. Verhalten von $T(n)$ für große $n \in \mathbb{N}$. Komplexität ist unabhängig von konstanten Faktoren und Summanden.
Berücksichtigen nicht in Betrachtung

- Rechnergeschwindigkeit
- Aufwände der Initialisierung

Komplexitätsmessungen via Funktionsklassen

Θ -Notation. Funktionen $f, g : \mathbb{N} \rightarrow \mathbb{R}_{>0}$

\mathbb{N} = Eingabelänge

\mathbb{R} = Zeit

$\Theta(g) = \{f : \exists c_1, c_2 \in \mathbb{R}_{>0}, n_0 \in \mathbb{N}, \forall n \geq n_0, 0 \leq f(n) \leq c_2 g(n)\}$ wobei:

- f = Funktion f
- $\exists c_1, c_2 \in \mathbb{R}_{>0}, n_0 \in \mathbb{N}$ = Positive Konstanten und $\forall n \geq n_0$
- $0 \leq f(n) \leq c_2 g(n)$ $f(n)$ wird von $c_1 g(n)$ und $c_2 g(n)$ für hinreichend große n eingeschlossen

Schreibweise: $f \in \Theta(g)$, manchmal auch $f = \Theta(g)$.

Θ -Notation beschränkt eine Funktion asymptotisch von **oben** und **unten**

O-Notation. Obere asymptotische Schranke

$O(g) = \{f : \exists c \in \mathbb{R}_{>0}, n_0 \in \mathbb{N}, \forall n \geq n_0, 0 \leq f(n) \leq cg(n)\}$
wobei:

- f = Funktion f
- $\exists c \in \mathbb{R}_{>0}, n_0 \in \mathbb{N}$ = Positive Konstanten und $\forall n \geq n_0$
- $0 \leq f(n) \leq cg(n)$: $f(n)$ wird von $cg(n)$ für hinreichend große n beschränkt

Sprechweise: f wächst höchstens so schnell wie $O(g)$
Schreibweise: $f = O(g)$

Ω -Notation. Untere asymptotische Schranke.

$\Omega(g) = f : \exists c \in \mathbb{R}_{>0}, n_0 \in \mathbb{N}, \forall n \geq n_0, 0 \leq cg(n) \leq f(n)$ wobei:

- f = Funktion f
- $\exists c \in \mathbb{R}_{>0}, n_0 \in \mathbb{N}$ = Positive Konstanten
- $\forall n \geq n_0$ Für alle n größer gleich n_0
- $0 \leq cg(n) \leq f(n) = f(n)$ wird von $cg(n)$ für hinreichend große n beschränkt

Schreibweise: $f = \Omega(g)$

Mit allen 3 Notationen folgt: Für zwei beliebige $f(n)$ und $g(n)$ gilt $f(n) = \Theta(g(n))$ genau dann, wenn die Gleichungen $f(n) = O(g(n))$ und $f(n) = \Omega(g(n))$ erfüllt sind.

Komplexitätsklassen. n ist die Länge der Eingabe

Klasse	Kosten	Beispiel
$\Theta(1)$	Konstant	Einzeloperation
$\Theta(\log n)$	Logarithmisch	Binäre Suche
$\Theta(n)$	Linear	Sequentielle Suche
$\Theta(n \log n)$	Quasilinear	Sortieren eines Arrays
$\Theta(n^2)$	Quadratisch	Matrixaddition
$\Theta(n^3)$	Kubisch	Matrixmultiplikation
$\Theta(n^k)$	Polynomiell	
$\Theta(2^n)$	Exponentiell	
$\Theta(n!)$	Faktoriell	Permutationen

o -Notation und ω -Notation. nicht asymptotische scharfe Schranken

$o(g) = \{f : \forall c \in \mathbb{R}_{>0}, \exists n_0, 0 \leq f(n) < cg(n)\}$

Gilt für **alle** Konstanten $c > 0$. In O -Notation gilt es für eine Konstante $c > 0$

$\omega(g) = \{f : \forall c \in \mathbb{R}_{>0}, \exists n_0 \in \mathbb{N}, \forall n \geq n_0, 0 \leq cg(n) < f(n)\}$

Divide-and-Conquer

Idee Zerlege das Problem und löse es direkt oder durch weitere Zerlegung.

Divide Teile das Problem in mehrere Teilprobleme auf, die kleinere Instanzen des gleichen Problems darstellen.

Conquer Beherrsche die Teilprobleme rekursiv. Wenn die Teilprobleme klein genug sind, dann löse die Teilprobleme auf direktem Weg.

Combine Vereinige die Lösungen der Teilprobleme zur Lösung des ursprünglichen Problems.

Für ein kleines Problem $n \leq c$ (c = Konstante), dann braucht direkte Lösung $\Theta(1)$. Sonst gilt: Aufteilen in je a Teilprobleme der Größe $\frac{1}{b}$ des Ursprünglichen Problems. Für das lösen für a Teilprobleme der Größe $\frac{n}{b}$ ist $aT(\frac{n}{b})$. $D(n)$ ist die Zeit, die die Aufteilung braucht und $C(n)$ die Zeit zum zusammenführen. Ist nicht $n \leq c$, so ist die Laufzeit $aT(\frac{n}{b}) + D(n) + C(n)$.

Lösung von Rekursionsgleichungen

Substitutionsmethode. Eine Schranke erraten und mit math. Induktion erraten.

Rekursionsbaum-Methode. Jeder Knoten stellt ein Teilproblem da. Die Wurzel stellen die analysierenden Kosten dar, die Blätter die Basiskosten. Berechnen die Kosten innerhalb jeder Ebene des Baums. Die Gesamtkosten ist die Summe über die Kosten aller Ebenen. Die Methode nutzt eine Lösung zu raten die man dann mit der Substitutionsmethode überprüfen kann.

Mastermethode. liefert Schranken für Rekursionsgleichungen der Form $T(n) = aT(\frac{n}{b}) + f(n)$ mit $a \geq 1, b > 1$ und $f(n)$ eine asymptotisch positive Funktion. In je a Teilprobleme der Größe $\frac{1}{b}$ des Ursprünglichen Problems. Das lösen dauert für a Teilprobleme der Größe $\frac{n}{b}$ und $f(n)$ stellt dann die gesamten Kosten zum lösen dar.

Mastertheorem. $a \geq 1$ und $b > 1$ sind Konstanten. Sei $f(n)$ eine positive Funktion und $T(n)$ für alle $n \geq 0$ $T(n) = aT(\frac{n}{b}) + f(n)$, obwohl wir $\frac{n}{b}$ so interpretieren, dass damit entweder $\lfloor \frac{n}{b} \rfloor$ oder $\lceil \frac{n}{b} \rceil$ gemeint ist, Dann hat $T(n)$ die folgenden Schranken:

- Gilt $f(n) = O(n^{\log_b a - \epsilon})$ für eine Konstante $\epsilon > 0$, dann $T(n) = \Theta(n^{\log_b a})$.
- Gilt $f(n) = \Theta(n^{\log_b a})$, dann gilt $T(n) = \Theta(n^{\log_b a} \lg n)$.
- Gilt $f(n) = \Omega(n^{\log_b a + \epsilon})$ für eine Konstante $\epsilon > 0$ und $af(\frac{n}{b}) \leq cf(n)$ für eine Konstante $c < 1$ und hinreichend großen n , dann ist $T(n) = \Theta(f(n))$.

Das Mastertheorem deckt 3 Fälle nicht ab, bei deren Eintreten das Mastertheorem nicht angewendet werden kann.

- Wenn $f(n)$ kleiner ist als $n^{\log_b a}$ aber nicht polynomial kleiner
- Wenn $f(n)$ größer ist als $n^{\log_b a}$ aber nicht polynomial größer
- Regularitätsbedingung $af(\frac{n}{b}) \leq cf(n)$ wird nicht erfüllt.

Insertion Sort

Kurzbeschreibung. Es wird ein key initialisiert, der dann mit den Array Einträgen von dem key verglichen wird. Solange der Wert im Array vor dem key ($A[1]$) größer ist, als, der key, wird der Eintrag um eins nach rechts geschoben, und der Index um eins verkleinert. Ist der key dann an der richtigen Stelle, wird er an der $i+1$ sten Stelle im Array eingefügt. Dies wird solange wiederholt, bis das Array einmal durchlaufen ist (bis $A.length-1$).

inkrementelle Herangehensweise.

Pseudo Code. Pseudo Code des Insertion Sort Algorithmus

```

Array Insertion-Sort(A){
1  for j=1 TO A.length-1
2    key = A[j]
3    i=j-1
4    while i>=0 && A[i]>key
5      A[i+1]=A[i]
6      i=i-1
7    A[i+1]=key

```

Korrektheit von Insertion Sort.

- Initialisierung Beginn mit $j=1$, Teilfeld $A[0 \dots j-1]$ besteht nur aus $A[0]$, dieses Element ist sortiert.
- Fortsetzung Die For-Schleife sorgt dafür, dass die Elemente $A[j-1], A[j-2], \dots$ um je eine Stelle nach rechts verschoben werden, bis $A[j]$ an der korrekten Stelle steht. Das Teilfeld $A[0..j]$ besteht aus ursprünglichen Elementen und ist sortiert. Die Inkrementation von j erhält die Invariante.
- Terminierung Abbruchbedingung for-Schleife, wenn $j > A.length-1$. Jede Iteration erhöht j . Dann bei Abbruch ist $j=n$ und einsetzen in Invariante liefert das Teilfeld $A[0..n-1]$ welches aus den ursprünglichen Elementen besteht und sortiert ist. Teilfeld ist gesamtes Feld.

Der Algorithmus arbeitet korrekt

Zeile	Kosten	Anzahl
1	c_1	n
2	c_2	$n-1$
3	0	$n-1$
4	c_4	$n-1$
5	c_5	$\sum_{j=1}^{n-1} t_j$
6	c_6	$\sum_{j=1}^{n-1} (t_j - 1)$
7	c_7	$\sum_{j=1}^{n-1} (t_j - 1)$
8	c_8	$n-1$

Laufzeit. $T(n)$ ist die Summe aus allen Zeilen Kosten, also

$$T(n) = c_1 n + c_2(n-1) + c_4(n-1) + c_5 \sum_{j=1}^{n-1} t_j +$$

$$c_6 \sum_{j=1}^{n-1} (t_j - 1) + c_7 \sum_{j=1}^{n-1} (t_j - 1) + c_8(n-1)$$

- Best Case Das Feld ist bereits sortiert. Dann gilt $t_j = 1$ für $j = 1, \dots, n-1$

$$T(n) = c_1 n + c_2(n-1) + c_4(n-1) + c_5(n-1) + c_8(n-1) =$$

$$(c_1 + c_2 + c_4 + c_5 + c_8)n - (c_2 + c_4 + c_5 + c_8)$$

Die Laufzeit ist eine lineare Funktion in n .

- Worst Case Das Feld ist in umgekehrter Reihenfolge sortiert. Die While-Schleife geht über alle Elemente $A[0 \dots j-1]$. Somit gilt $t_j = j+1$ für $j = 1, \dots, n-1$. Die Laufzeit ist eine quadratische Funktion in n

Bubble Sort

Kurzbeschreibung. Vergleiche Paare von benachbarten Schlüsselwerten und tausche das Paar, falls rechter Schlüsselwert kleiner ist als linker.

Pseudo Code. Pseudo Code des Bubble Sort Algorithmus

```

BUBBLE-SORT(A)
1  for i=0 TO A.length-2
2    for j=A.length-1 DOWNT0 i+1
3      if A[j]<A[j-1]
4        SWAP(A[j], A[j-1])

```

Laufzeit. Worst Case und Best Case Laufzeiten sind identisch, da stets alle Elemente der Teilfolge miteinander verglichen werden, Anzahl der Vertauschungen sind im Best case 0 und im Worst case $\frac{n^2-n}{2}$

Merge Sort

Kurzbeschreibung. Teile die Folge in n Elementen in zwei Teilfolgen von je $\frac{n}{2}$ Elementen auf (Divide). Sortiere dann die zwei Teilfolgen rekursiv (Conquer) und mische die zwei sortierten Teilfolgen, um die sortierte Lösung zu erzeugen (Combine).

Pseudo Code. Pseudo Code des Merge Sort Algorithmus

```

MERGE(A, p, q, r)
1  n1 = q - p + 1
2  n2 = r - q
3  new array L[0...n1] && R[0...n2]
4  for i=0 to n1-1 {

```

```

5      L[i] = A[p + 1 .. i] }
6  for j=0 to n2 - 1 {
7      R[j] = A[q + j + 1] }
8  L[n1] = ∞
9  R[n2] = ∞
10 i = 0
11 j = 0
12 for k = p to r
13     if L[i] <= R[j]
14         A[k] = L[i]
15         i = i + 1
16     else A[k] = R[j]
17         j = j + 1

```

Laufzeit. Da wir höchstens n Grundschrte für das Vermischen ausführen, liegt die benötigte Zeit bei $\Theta(n)$

Korrektheit.

- **Schleifeninvariante** Zu Beginn jeder Iteration der for-Schleife (Zeile 12-17) enthält das Teilfeld $A[p..k-1]$ die $k - p$ kleinsten Elemente aus $L[0..n1]$ B und $R[0..n2]$ in sortierter Reihenfolge. Weiter sind $L[i]$ und $R[j]$ die kleinsten Elemente ihrer Arrays, die noch nicht zurück kopiert wurden.
- **Initialisierung** Vor der ersten Iteration gilt $k = p$. Daher ist $A[p..k1]$ leer und enthält 0 kleinste Elemente von L und R. Wegen $i = j = 0$ sind $L[i]$ und $R[j]$ die kleinsten Elemente ihrer Arrays, die noch nicht zurück kopiert wurde.
- **Fortsetzung** Müssen zeigen, dass Schleifeninvariante erhalten bleibt. Dafür nehmen wir an, dass $L[i] \leq R[j]$. Dann ist $L[i]$ kleinstes Element, welches noch nicht zurück kopiert wurde. Da Array $A[p..k1]$ die kp kleinsten Elemente enthält, wird der Array $A[p..k]$ die $kp+1$ kleinsten Elemente enthalten nachdem der Wert nach der Durchführung von Zeile 14 kopiert wurde. Nach Erhöhung der Variablen k und i stellt die Schleifeninvariante für die nächste Iteration wieder her. Wenn $L[i] > R[j]$ dann analoges Argument mit Zeilen 16-17.
- **Terminierung** Beim Abbruch gilt $k=r+1$. Durch die Schleifeninvariante enthält $A[p..r]$ die kleinsten Elemente von $L[0..n1]$ und $R[0..n2]$ in sortierter Reihenfolge. Alle Elemente außer der Sentinals wurden korrekt zurück kopiert.

Analyse. Vereinfachende Annahme: Größe des Problems ist eine Potenz von 2. Ziel: Bestimmte Rekursionsgleichung für Laufzeit $T(n)$ von n Zahlen im schlechtesten Fall. Mitte des Feldes wird berechnet, dies benötigt konstant $\Theta(1)$ (Devide). Dann werden rekursiv zwei Teilprobleme der Größe $\frac{n}{2}$ gelöst (Laufzeit $2T(\frac{n}{2})$)(Conquer). Die Merge Prozedur auf ein Teilfeld der Länge n mit linearer Zeit, also $\Theta(n)$. Die

Laufzeit $T(n)$ ist $\Theta(1)$, falls $n = 1$ oder $2T(\frac{n}{2}) + \Theta(n)$, falls $n > 1$. Löst man die Rekursionsgleichung, beträgt die Laufzeit

$$\Theta(n \lg n)$$

Quicksort

Kurzbeschreibung. Ein Pivotelement x wählen und das Array in zwei Teilarrays aufteilen. Das erste Element enthält alle $y \leq x$, das zweite alle $y > x$. Die Teillisten rekursiv mit Quicksort sortieren. Die Einelementigen Listen sind schon sortiert.

Das Array $A[p..r]$ in $A[p..q-1]$ und $A[q+1..r]$ zerlegen. Den Index von p als Teil von Partition berechnen (Divide). Die beiden Teilarrays rekursiv mit Quicksort sortieren (Conquer). Da die Teilarrays bereits sortiert sind, ist $A[p..r]$ schon beim zusammenführen sortiert (Combine).

Pseudo Code. Der Pseudo Code des Algorithmus

QUICKSORT(A, p, r)

```

1  if p < r
2      q = PARTITION(A, p, r)
3      QUICKSORT(A, p, q - 1)
4      QUICKSORT(A, q + 1, r)

```

und der Partition Code

PARTITION(A, p, r)

```

1  x = A[r]
2  i = p - 1
3  for j = p to r - 1
4      if A[j] <= x
5          i = i + 1
6          swap(A[i] & A[j])
7  swap(A[i + 1], A[r])
8  return i + 1

```

Laufzeit. Laufzeit von PARTITION auf dem Teilarray beträgt $\Theta(n)$ mit $n=rp+1$. Die Laufzeit hängt von der balance der Teilarrays ab. Sind sie balanciert, so läuft der Quicksort so schnell wie Merge Sort, sind sie es nicht, ist er so langsam wie Insertion-Sort. Insgesamt gilt im Worst Case $T(n) = \Theta(n^2)$. Im Best Case kostet die Zerlegung $= (n \lg n)$

Korrektheit. Zu Beginn jeder Iteration der for-Schleife gilt für Arrayindex k 1. Ist $p \leq k \leq i$, so gilt $A[k] \leq x$. 2. Ist $i+1 \leq k \leq j-1$, so gilt $A[k] > x$. 3. Ist $k = r$, so gilt $A[k] = x$.

- **Initialisierung:** Vor der ersten Iteration gilt $i=p-1$ und $j=p$. Da keine Werte zwischen p und j liegen, liegen auch keine zwischen $i+1$ und $j-1$, somit sind die ersten beiden Eigenschaften erfüllt. Die Zuweisung in Zeile 1 erklärt die 3.
- **Fortsetzung:** Durch Zeile 4 ergibt sich entweder $A[j]>x$, dann inkrementiert die Schleife nur den Index j . Dann gilt 2. und alle anderen Einträge bleiben unverändert. Wenn $A[j] \leq x$, dann wird Index inkrementiert

und die Einträge $A[i]$ und $A[j]$ getauscht und der Index j erhöht. Wegen des Vertauschens gilt $A[i] \leq x$ und 1. ist erfüllt. Analog gilt $A[j-1] > x$, da das Element welches mit $A[j-1]$ vertauscht wurde wegen der Invariante größer als x ist.

- **Terminierung:** Es gilt $j=r$. Daher gilt, dass jeder Eintrag des Arrays zu einer der drei durch die Invariante beschriebenen Menge gehört.

Randomized QS. Will man Quicksort zufällig laufen lassen, gilt

```
RANDOMIZED-PARTION(A, p, r)
1  i = RANDOM(p, r)
2  SWAP(A[r], A[i])
3  RETURN PARTION(A, p, r)
```

```
RANDOMIZED-QUICKSORT(A, p, r)
1  if p < r
2      q = RANDOMIZED-PARTION(A, p, r)
3      RANDOMIZED-QUICKSORT(A, p, q-1)
4      RANDOMIZED-QUICKSORT(A, q+1, r)
```

Grundlegende Datenstrukturen

Abstrakte Datentypen und Datenstrukturen

Die Übergang der Begriffe ist fließend, Abstrakte Datenstrukturen (ADTs) werden oft als Datenstruktur bezeichnet. Abstrakter Datentyp ist näher an der Anwendung und beschreibt **was** realisiert werden soll.

Bsp.: Stack mit Operationen isEmpty, pop, push

Datenstrukturen ist näher an der Maschine und besagt **wie** es realisiert wird.

Bsp.: Stack-Operationen als Array oder verkettete Liste

Stack

Stacks werden nach dem LIFO Prinzip realisiert

Laufzeiten. Push $\Theta(1)$ | Pop $\Theta(1)$

Realisierungen.

- **Als Array:** Annahme: maximale Größe das der Stack haben darf ist bekannt
Prinzip: Der Stack besitzt einen Pointer als Attribut der immer auf das oberste Element zeigt. Wird dem Stack etwas gepusht oder gepopt zeigt es auf das neue Element bzw. das Element das noch auf dem Stack liegt.
Optimierungsideen: Wird die Annahme verletzt, also das Array wird überfüllt, muss in ein größeres Array überführt werden oder auf viele andere Arrays verteilt werden (verkettete Listen) Wenn in ein größeres Array überführt wird, kostet dies Zeit, da man keinen unendlichen Speicher hat. Es muss also entschieden werden

wie groß das Array werden soll mit einer **RESIZE** Methode, der Standard ist das Doppelte der jetzigen Größe.

Methoden:

```
new(S)
1  S.A[] = ALLOCATE(MAX);
2  S.top = -1;
```

```
pop(S)
1  if isEmpty(S) THEN
2      error underflow
3  else
4      S.top = S.top - 1;
5  return S.A[S.top + 1];
```

```
isEmpty(S)
1  if S.top < 0 THEN
2      return true
3  else
4      return false;
```

```
push(S, x)
1  if S.top == MAX-1
2      error overflow
3  else
4      S.top = S.top + 1;
5      S.A[S.top] = x;
```

Mit RESIZE(A, m)

```
new(S)
1  S.A[] = ALLOCATE(1);
2  S.top = -1;
3  S.memsize = 1;
```

```
pop(S)
1  if isEmpty(S)
2      error underflow
3  else
4      S.top = S.top - 1;
5      if 4*(S.top + 1) == S.memsize
6          S.memsize = S.memsize / 2;
7          RESIZE(S.A[], S.memsize);
8      return S.A[S.top + 1];
```

```
push(S, x)
1  S.top = S.top + 1;
2  S.A[S.top] = x;
3  if S.top + 1 >= S.memsize THEN
4      S.memsize = 2 * S.memsize;
5      RESIZE(S.A[], S.memsize);
```

- **Als verkettete Liste:** Prinzip: Der Head ist hierbei

der Pointer. Doppelt verkettete Listen werden benutzt. Jeder Eintrag besteht aus dem Wert(key), dem Vorgänger(prev) und Nachfolger(next). Die verkettete Liste kann auch auf einem Array realisiert werden. Implementierung mittels Wächter zur Vereinfachung (NIL). Beim Löschen darauf achten das Vorgänger des zu löschenden Element auch wieder verknüpft wird, sowie der Head richtig gesetzt wird. Gleiches beim Einfügen mit dem neuem Element.

Verkettete Listen

Verkettete Listen sind Elemente die untereinander einen Nachfolger und Vorgänger haben. Sie haben immer einen Head, welcher den Startpunkt darstellen soll und manchmal einen Tail, welches das Ende der Kette darstellt. Vereinfachung durch Wächter(NIL) Achte beim Löschen und Einfügen immer auf die Nachfolger und Vorgänger.

Laufzeiten. Einfügen $\Theta(1)$ | Löschen $\Theta(1)$ | Suchen $\Theta(n)$
 Laufzeit der Löschung eines Wertes ist $\Omega(n)$

Realisierungen.

- **Als Elementobjekte:** Grundauf Implementierung wobei die Objekte auf ihren Wert(key), Vorgänger und Nachfolger als Attribut besitzen. Die eigentliche Liste besitzt in der Regel nur einen Verweis auf den Head also dem Startelement.

Methoden:

```
search(L, k)
// returns pointer to k in L (or nil)
1  current=L.head;
2  while current!=nil & current.key!=k
3      current=current.next;
4  return current;
```

```
insert(L, x)
// inserts element x in L
1  x.next=L.head;
2  x.prev=nil;
3  if L.head!= nil THEN
4      L.head.prev=x;
5  L.head=x;
```

```
delete(L, x)
// deletes element x from L
1  if x.prev!= nil THEN
2      x.prev.next=x.next
3  else
4      L.head=x.next;
5  if x.next!= nil THEN
6      x.next.prev=x.prev;
```

Vereinfachung mit Wächter

```
deleteSent(L, x)
// deletes x from L with sentinel
1  x.prev.next=x.next;
2  x.next.prev=x.prev;
```

• Als Array:

1. Zeile Arrayposition
 2. Zeile Wertzahlen
 3. Zeile Darstellung das es immer key, prev, next ist
- L.head ist auf 6 gesetzt**

0	1	2	3	4	5	6	7	8
12	6	nil	-	-	-	45	nil	0
key	prev	next	key	prev	next	key	prev	next

Abstrakter Datentyp Queue

Arbeitet nach dem FIFO Prinzip. Elemente die eingefügt(enqueue) werden kommen nach hinten und nur das Element ganz vorne kann entfernt werden(dequeue). Um dies zu realisieren muss man den Anfang und das Ende der Struktur kennen (Q.front und Q.end).

Laufzeiten. Enqueue $\Theta(1)$ | Dequeue $\Theta(1)$

Realisierungen.

• Als "virtuellesBykklisches Array:

Problematisierung: Die Grenzen des Arrays(Anfang und Ende) könnten erreicht werden, deswegen wird es als zyklisches Array dargestellt.

Prinzip: Wenn man am Ende des Arrays ist, springt man wieder zum Anfang und vice versa. Q.front wandert zyklisch nach rechts(Index erhöht sich außer beim Anfang/Ende) beim dequeue und Q.rear beim enqueue.

Optimierungs-idee: Dabei gibt es aber ein Problem, da es keine Unterscheidung gibt ob die Schlange leer ist oder voll, weswegen wir den Zustand abspeichern müssen oder ein Element als Abstandhalter verwenden.

Methoden:

```
new(Q)
1  Q.A[]=ALLOCATE(MAX);
2  Q.front=0;
3  Q.rear=0;
4  Q.empty=true;
```

```
isEmpty(Q)
1  return Q.empty;
```



```

dequeue(Q)
1  if isEmpty(Q) THEN
2      error underflow
3  else
4      Q.front=Q.front+1 modMAX;
5  if Q.front==Q.rear THEN
6      Q.empty=true;
7  return Q.A[Q.front-1 modMAX];

```

```

enqueue(Q,x)
1  if Q.rear==Q.front & !Q.empty
2      error overflow
3  else
4      Q.A[Q.rear]=x;
5      Q.rear=Q.rear+1 modMAX;
6      Q.empty=false;

```

- **Als einfach verkettete Liste:**

Prinzip: Q.front dient jetzt als head und wandert nach rechts beim dequeue und Q.rear beim enqueue.

Methoden:

```

new(Q)
1  Q.front=nil;
2  Q.rear=nil;

```

```

isEmpty(Q)
1  if Q.front== nil
2      return true;
3  else
4      return false;

```

```

dequeue(Q)
1  if isEmpty(Q)
2      error "underflow"
3  else
4      x=Q.front;
5      Q.front=Q.front.next;
6  return x;

```

```

enqueue(Q,x)
1  if isEmpty(Q)
2      Q.front=x;
3  else
4      Q.rear.next=x;
5  x.next=nil;
6  Q.rear=x;

```

Binär Bäume

Binär Bäume besitzen Knoten, diese Zeigten auf 0 bis 2 Nachfolger-Knoten, diese sind somit die Kinder-Knoten. Einen Knoten ohne Nachfolger, nennt man Blatt. Eine Knoten mit nur einem Nachfolger ist ein Halbblatt. Den Knoten,

der am höchsten im Baum steht nennt man Wurzel. Jeder Knoten im Baum kann als Wurzel seines eigenen Teilbaumes gesehen werden.

Realisierung.

- **Als verkettete Liste** Jeder Knoten erhält einen Wert(key), sowie eine Array von Zeigern auf die Kinder(child[]). Zusätzlich kann ein Zeiger auf den Elternknoten verwendet werden(parent). Für nicht-leeren Baum gibt es #Knoten-1 viele Einträge $\neq \text{nil}$ über alle Listen child[].

- **Als (ungerichteter) Graph**

Inorder-Traversieren. Inorder-Traversieren gibt einen Binär Baum in aufsteigender Reihenfolge aus.

```

• INORDER(x)
1  if x != nil then
2      INORDER(x.left)
3      print x.key
4      INORDER(x.right)

```

- **Laufzeit** Behauptung: $T(n) = O(n)$. Für $T(0) = c$ bei leerem Baum. Über Rekursion mit k Knoten im linken Teilbaum und $n - k - 1$ im rechten:

$$\begin{aligned}
 T(n) &= T(k) + T(n - k - 1) + d \\
 &\leq (c + d)k + c + (c + d)(n - k - 1) + c + d \\
 &\leq (c + d)n + c
 \end{aligned}$$

Pre- und Postorder-Traversieren.

- **Preorder** Preorder für Kopien. Preorder betrachtet zunächst alle Knoten und legt Kopien an und geht dann in die Teilbäume und kopiert diese

```

Preorder(x)
1  if x != nil then
2      print x.key
3      preorder(x.left)
4      preorder(x.right)

```

- **Postorder** Postorder für Löschung. Postorder geht erst in die Teilbäume und löscht diese. Dannach erst betrachtet Postorder die Knoten und löscht diesen. Zeiger auf rechten Teilbaum noch vorhanden, wenn linker bereits gelöscht wurde.

```

Preorder(x)
1  if x != nil then
2      preorder(x.left)
3      preorder(x.right)
4      print x.key

```

Durch Pre-, Post- oder Inorder lässt sich ein Binär Baum nicht eindeutig beschreiben. Dies lässt sich durch Pre- oder Postorder und Inorder gemeinsam realisieren. Dabei lässt sich durch Pre- oder Postorder jeweils die Wurzel identifizieren und durch Inorder jeweils die Werte der linken und rechten Teilbäume.

Suche.

- `search(x,k)`

```

1 if x==nil then return nil;
2 if x.key=k then return x;
3 L=search(x.left , k);
4 if L != nil then return L;
5 return search(x.right ,k);
```

Wobei x den aktuellen Knoten und k den gesuchten Wert beschreibt.

- **Laufzeit** Die Laufzeit liegt in $\Theta(n)$, da jeder Knoten maximal einmal besucht wird, dies gilt auf für den Worst Case

Einfügen.

- `insert(T,x)`

```

//x.parent==x.left==x.right==nil;
1 if T.root != nil THEN
2   T.root.parent=x;
3   x.left=T.root;
4   T.root=x;
```

Wobei T den Baum und x den neuen Wert beschreibt.

Achtung: Erzeugt linkslastigen Baum!!1

- **Laufzeit** Die Laufzeit ist konstant und somit in $\Theta(1)$

Löschen

- **Idee:** Ersetze X durch Halbblatt ganz rechts. **Sonderfälle:** Halbblatt ist selbst x oder die Wurzel.
- `connect(T,y,w)`

```

// connects w to y.parent
1 v=y.parent;
2 if y != T.root THEN
3   if y == v.right THEN
4     v.right=w;
5   else
6     v.left=w;
7 else
8   T.root=w;
9 if w != nil THEN
10  w.parent=v;
```

```

delete(T,x) // assumes x in T
1 y=T.root;
2 while y.right!=nil DO
3   y=y.right;
4 connect(T,y,y.left);
5 if x != y THEN
6   y.left=x.left;
7   if x.left != nil THEN
8     x.left.parent=y;
9   y.right=x.right;
10  if x.right != nil THEN
11    x.right.parent=y;
12  connect(T,x,y);
```

- **Laufzeit** Die Laufzeit wird dominiert von der Suche nach dem rechtesten Knoten, dieser wird nach maximal h (Höhe des Baumes, $h=n$ möglich) Schritten erreicht, das Verpflanzen des Knotens ist dabei konstant und die Laufzeit für das löschen liegt in $\Theta(h)$

Binäre Suchbäume

Sie sind ein Unterart der Binär Bäume, sie besitzen eine totale Ordnung auf den Werten. Jeder Knoten-Wert im linken Teilbaum ist \leq dem Knoten und jeder Knoten rechts ist \geq dem Knoten. In einem BST(Binary Search Tree) genügt die Pre- oder Postorder um einen Baum eindeutig zu beschreiben. Die Inorder beschreibt den Baum hingegen nicht eindeutig.

• Suche

```

search(x,k) //1. Aufruf x=root
1 if x==nil OR x.key==k THEN
2   return x;
3 if x.key > k THEN
4   return search(x.left ,k)
5 else
6   return search(x.right ,k);
```

Mit einer Laufzeit von $O(h)$, da mit jedem besuchten Knoten die Richtung zum gesuchten Knoten gezeigt wird, entsteht ein eindeutiger Pfad und es müssen nicht alle Knoten besucht werden.

• Einfügen

```

insert(T,z)
//may insert z again
//z.left==z.right==nil;
1 x=T.root; px=nil;
2 while x != nil DO
3   px=x;
4   if x.key > z.key THEN
5     x=x.left
6   else
```

```

7      x=x.right;
8  z.parent=px;
9  if px==nil THEN
10     T.root=z
11  else
12     if px.key > z.key THEN
13         px.left=z
14     else
15         px.right=z;

```

Das Einfügen eines neuen Knotens wird dominiert vom Suchen des geeigneten Platzes und wird somit wieder durch $O(h)$ beschrieben.

• Löschen

```

transplant(T,u,v)
1  if u.parent==nil THEN
2     T.root=v
3  else
4     if u==u.parent.left THEN
5         u.parent.left=v
6     else
7         u.parent.right=v;
8  if v != nil THEN
9     v.parent=u.parent;

delete(T,z)
1  if z.left==nil THEN
2     transplant(T,z,z.right)
3  else
4     if z.right==nil THEN
5         transplant(T,z,z.left)
6     else
7         y=z.right;
8         while y.left != nil
9             y=y.left;
9         if y.parent != z THEN
10             transplant(T,y,y.right);
11             y.right=z.right;
12             y.right.parent=y;
13             transplant(T,z,y);
14             y.left=z.left;
15             y.left.parent=y;

```

Die Laufzeit für das Transplantieren ist konstant und liegt in $\Theta(1)$ die Laufzeit der Löschen-Methode wird somit wieder von der Suche nach dem Knoten dominiert und ist somit beschränkt durch $O(h)$.

Erweiterte Datenstrukturen

Rot-Schwarz-Bäume

Eigenschaften.

- Jeder Knoten hat die Farbe rot oder schwarz
- Die Wurzel ist schwarz, so fern Baum nicht leer.
- Wenn ein Knoten rot ist, sind seine Kinder schwarz. ("Nicht-Rot-Rot-Regel).
- Für jeden Knoten hat jeder Pfad im Teilbaum zu einem Blatt oder Halbblatt die gleiche Anzahl von schwarzen Knoten („gleiche Anzahl schwarz“).

Schwarzhöhe. eines Knotens x ist die Anzahl von schwarzen Knoten auf dem Weg zu einem Blatt oder Halbblatt im Teilbaum des Knotens. Ein Rot-Schwarz-Baum mit n Knoten hat maximale Höhe $h \leq 2 \cdot \log_2(n+1)$

Einfügen. 1. Finde Elternknoten y wie im BST 2. Färbe neuen Knoten z rot 3. Stelle RS-Baum-Bedingungen wieder her.

```

rotateLeft(T,x)
1  y=x.right;
2  x.right=y.left;
3  if y.left != nil
4     y.left.parent=x;
5  y.parent=x.parent;
6  if x.parent==T.sent
7     T.root=y
8  else
9     if x==x.parent.left
10         x.parent.left=y
11     else
12         x.parent.right=y;
13  y.left=x;
14  x.parent=y;

```

Die Laufzeit beträgt $\Theta(1)$

```

insert(T,z)
// z.left==z.right==nil;
1  x=T.root; px=T.sent;
2  while x != nil DO
3     px=x;
4     if x.key > z.key
5         x=x.left
6     else
7         x=x.right;
8  z.parent=px;
9  if px==T.sent
10     T.root=z
11  else
12     if px.key > z.key
13         px.left=z
14     else
15         px.right=z;
16  z.color=red;
17  fixColorsAfterInsertion(T,z);

```

```
fixColorsAfterInsertion(T,z)
```

```
1  while z.p.color==red DO
2      if z.p==z.p.p.left
3          y=z.p.p.right;
4          if y.color==red
5              z.p.color=black;
6              y.color=black;
7              z.p.p.color=red;
8              z=z.p.p;
9          else
10             if z==z.p.right
11                 z=z.p;
12                 rotateLeft(T,z);
13                 z.p.color=black;
14                 z.p.p.color=red;
15                 rotateRight(T,z.p.p);
16             else
17                 //exchange left and right
18 T.root.color=black;
```

Laufzeiten. Die Laufzeit beträgt $O(h) = O(\log n)$. Das ist auch die Laufzeit für das löschen. Im Worst Case sind die Laufzeiten für Einfügen, Löschen und Suchen $\Theta(\log n)$

```
delete(TreeNode toDelete) {
```

```
1  TreeNode x = _nil;
2  TreeNode y = toDelete;
3  TreeNode.NodeColor y_original_color = y.color;
4  if( toDelete.left == _nil ) {
5      x = toDelete.right;
6      transplant(toDelete, toDelete.right);
7  } else if( toDelete.right == _nil ) {
8      x = toDelete.left;
9      transplant(toDelete, toDelete.left);
10 } else {
11     y = minimumSubtree(toDelete.right);
12     y_original_color = y.color;
13     x = y.right;
14     if( y.p == toDelete ) {
15         x.p = y;
16     } else {
17         transplant(y, y.right);
18         y.right = toDelete.right;
19         y.right.p = y;
20     }
21     transplant(toDelete, y);
22     y.left = toDelete.left;
23     y.left.p = y;
24     y.color = toDelete.color;
25 }
26 if(y_original_color == BLACK) {
27     delete_fixup(x);
28 }
29 }
```

```
delete_fixup(TreeNode x) {
```

```
1  while( x!=_root && x.color == BLACK ) {
2      if( x == x.p.left ) {
3          TreeNode w = x.p.right;
4          if( w.color == RED ) {
5              w.color = BLACK;
6              x.p.color = RED;
7              left_rotate(x.p);
8              w = x.p.right;
9          }
10         if( w.left.color == BLACK
&& w.right.color == BLACK){
11             w.color = RED;
12             x = x.p;
13         } else {
14             if( w.right.color == BLACK ) {
15                 w.left.color = BLACK;
16                 w.color = RED;
17                 right_rotate(w);
18                 w = x.p.right;
19             }
20         }
21         w.color = x.p.color;
22         x.p.color = BLACK;
23         w.right.color = BLACK;
24         left_rotate(x.p);
25         x = _root;
26     } else {
27         TreeNode w = x.p.left;
28         if( w.color == RED){
29             w.color = BLACK;
30             x.p.color = RED;
31             right_rotate(x.p);
32             w = x.p.left;
33         }
34         if( w.right.color == BLACK
&& w.left.color == BLACK ) {
35             w.color = RED;
36             x = x.p;
37         } else {
38             if( w.left.color == BLACK ) {
39                 w.right.color == BLACK;
40                 w.color = RED;
41                 left_rotate(w);
42                 w = x.p.left;
43             }
44         }
45         w.color = x.p.color;
46         x.p.color = BLACK;
47         w.left.color = BLACK;
48         right_rotate(x.p);
49         x = _root;
50     }
51 }
```

```

52 }
53 x.color = TreeNode.NodeColor.BLACK;
54 }

```

AVL-Bäume

Jeder Knoten im Baum erfüllt die "Balanceregel":
 $B(x) = \text{Höhe}(\text{rechter Teilbaum}) - \text{Höhe}(\text{linker Teilbaum})$,
 wobei x der Knoten ist $B(x)$ deren Balance Dabei dürfen die Teilbäume nur eine maximale Differenz von 1 haben also $B(x) \in \{-1, 0, +1\}$. Ein AVL Baum mit n Knoten hat maximale Höhe $h \leq 1,441 \cdot \log_2 n$. Im Vergleich zu RS-Bäumen verletzen AVL Bäume häufiger die Baum-Bedingungen, was zu mehr Aufwand führt. Da die Baumhöhe jedoch geringer ist, ist die Suche schneller.

Jeder AVL-Baum der Höhe h lässt sich als Rot-Schwarz Baum mit Schwarzhöhe $\lceil \frac{h}{2} \rceil$ darstellen. Allgemeiner: Für ungerades h gibt es sogar einen Baum mit roter Wurzel für Schwarzhöhe $\frac{h-1}{2}$, der alle anderen RS-Baumbedingungen erfüllt. Achtung: Für jede Höhe $h \geq 4$ gibt es einen RSB, der kein AVL-Baum ist.

Laufzeiten. Einfügen, Löschen, Suchen $\Theta(1)$

Einfügen. Fall 1 und 3) Sei " x " der Knoten bei dem eine $B(x)$ Differenz von $+2$ besteht und der eingefügte Knoten "k" den äußersten Enkel-Teilbaum. Wenn "k" am rechtesten Enkel-Teilbaum ist führe Methode `rotateLeft(T,x)` an Knoten T aus. Wenn am linkesten dann `rotateRight(T,x)`.

Fall 2 und 4) Dieser Fall deckt die Enkel-Teilbäume dazwischen ab. Sei nun x der Knoten bei dem eine $B(x)$ Differenz von $+2$ ist, "y" einer der Kindknoten von x und "z" einer der Enkelknoten in der inneren von x , bei dem am Teilbaum ein neuer Knoten "k" eingefügt wurde. Wenn z rechts ist wird zuerst an y `rotateRight(T,y)` ausgeführt und danach erst an x mit `rotateRight(T,x)`. Vice versa wenn z links ist.

```

insert(T, z)
// z.left == z.right == nil;

1  x=T.root; px=T.sent;
2  while x != nil DO
3      px=x;
4      if x.key > z.key THEN
5          x=x.left
6      else
7          x=x.right;
8  z.parent=px;
9  if px==T.sent THEN
10     T.root=z
11 else
12     if px.key > z.key THEN

```

```

13         px.left=z
14     else
15         px.right=z;
16     fixBalanceAfterInsertion(T, z);

```

Die Laufzeit ist $O(h) = O(\log n)$

Löschen

- 1) y is left child of z and x is left child of y (Left Left Case) do Right Rotate (z)
 - 2) y is left child of z and x is right child of y (Left Right Case) do Left Rotate (y), Right Rotate(z)
 - 3) y is right child of z and x is right child of y (Right Right Case) do Left Rotate(z)
 - 4) y is right child of z and x is left child of y (Right Left Case) Right Rotate (y), Left Rotate(z)
- Die Fälle muss man dann bis hin zur Root überprüfen.

2

Rebalance.

Splay-Bäume

Splay-Bäume sind selbst organisierende Datenstrukturen. Man geht davon aus das neu eingefügte oder gesuchte Knoten nach oben öfters angefragt werden, deswegen werden Sie an die Wurzel gespült. Sei k zum Beispiel ein neuer Knoten wird dieser durch Rotationen (Zick, Zack und ihre Kombinationen) zum Root. Bei der Amortisierte Laufzeitanalyse, die die Laufzeit pro Operation über mehrere Operationen hinweg betrachtet, ist :

Für $m \geq n$ Operationen auf einem Splay-Baum mit maximal n Knoten ist die Worst-Case-Laufzeit $O(m \cdot \log_2 n)$ also $O(m \cdot \log_2 n)$ Operation

Splay-Methode. Die unteren Methoden sind eine Zusammenfassung der Kombinationen von Zick und Zack z.B. zig-zig enthält auch zag-zag Rotationen

```

splay(T, z)
1  WHILE z != T.root DO
2      IF z.parent.parent == nil THEN
3          zig(T, z);
4      ELSE
5          IF z==z.parent.parent.left.left
6              OR
7              z==z.parent.parent.right.right THEN
8              zigZig(T, z);
9          ELSE
10             zagZag(T, z);

zigZig(T, z)
1  IF z==z.parent.left THEN
2      rotateRight(T, z.parent.parent);

```

²<https://www.geeksforgeeks.org/avl-tree-set-2-deletion/>

```

3      rotateRight(T, z.parent);
4  ELSE
5      rotateLeft(T, z.parent.parent);
6      rotateLeft(T, z.parent);

```

/ Falls x das linke Kind seines Vaters ist und keinen Grovater hat, und somit bereits direkt unter der Wurzel steht, wird eine zick-Rotation (Rechts-Rotation) durchgeführt. Nun ist x die neue Wurzel des Baumes und die Splay-Operation beendet. Liegt x im rechten Teilbaum seines Vaters, wird analog eine zack-Rotation (Links-Rotation) durchgeführt. */*

```

zig(T, z)
1  IF z==z.parent.left THEN
2      rotateRight(T, z.parent);
3  ELSE
4      rotateLeft(T, z.parent);

```

```

zig-zag(T, z)
1  IF z==z.parent.left THEN
2      rotateLeft(T, z.parent);
3      rotateRight(T, z.parent.parent);
4  ELSE
5      rotateRight(T, z.parent);
6      rotateLeft(T, z.parent.parent);

```

Suchen. Im Grunde wie beim binären Suchbaum, jedoch muss das gesuchte Element wieder hochgespült werden. Die Suche an sich kostet $O(h)$, der Splay kostet auch $O(h)$, insgesamt also $O(h+h)$ bzw. $O(h)$.

```

search(T, k)
1  x=T.root;
2  WHILE x != nil AND x.key != k DO
3      IF x.key < k THEN
4          x=x.right
5      ELSE
6          x=x.left;
7  IF x==nil THEN
8      return nil
9  ELSE
10     splay(T, x);
11     return T.root;

```

Einfügen. 1. Suche analog zum Einfügen bei BST Einfügepunkt. Kostet $O(h)$
 2. Spüle vermeintlichen Elternknoten y von x per Splay-Operation nach oben. Kostet $O(h)$
 3. Splitte Baum auf. Kostet $O(1)$

Wenn $y \leq x$ ist, splitte Kante von y und rechtem Teilbaum und vice-versa mit $y \geq x$

4. Baue Baum mit neuem Knoten als Wurzel zusammen
 Wenn $y \leq x$ füge den abgetrennten rechten Teilbaum an der rechten Seite von x an und y an der linken Seite. Vice-versa mit $y \geq x$. Kostet $O(1)$
 Insgesamt kostet es $O(h)$ Zeit.

Löschen. 1. Spüle gesuchten Knoten x per Splay-Operation nach oben. Kostet $O(h)$
 2. Lösche x, wenn einer der Teilbäume leer ist, sind wir fertig. Kostet $O(1)$
 3. Spüle den „größten“ Knoten y in L per Splay-Operation nach oben, y kann kein rechtes Kind haben, da es der größter Wert in L ist. Kostet $O(h+h)$ bzw. Kostet $O(h)$
 4. Hänge R an y an. Kostet $O(1)$
 Insgesamt kostet es $O(h)$ Zeit.

Heaps

Achtung: Heaps sind keine BSTs, linke Kinder können größere Werte haben als die rechten Kinder. Heaps können für den Abstrakten Datentyp **Priority Queue** Anwendung finden.

(Binäre Max-) Heaps. Ist ein binärer Baum, der bis auf das unterste Level vollständig und im untersten Level von links nach rechts gefüllt wird. Für alle Knoten $x \neq \mathbf{T.root}$ gilt: $x.parent.key \geq x.key$. Da der Baum (fast) vollständig ist, gilt $h \leq (\log n) + 1$.

Heaps als Array. H.size speichert die Anzahl der Knoten. Duale Sichtweise als Pointer oder als Array:

- $j.parent = \lceil \frac{j}{2} \rceil - 1$
- $j.left = 2(j + 1) - 1$
- $j.right = 2(j + 1) - 1$
- Blätterindizes sind zwischen: $\lceil \frac{(n-1)}{2} \rceil$ und $n-1$

Einfügen. Idee: An letzter Stelle einfügen und dann nach oben im Baum auf die richtiger Stelle tauschen. Algorithmus beispielhaft für Max-Heap:

```

insert(H, k) // as unlimited Array
1 H.size = H.size + 1;
2 H.A[H.size - 1] = k;
3 i = H.size - 1;
4 while i > 0 && H.A[i] > H.A[i.parent]
5     SWAP(H.A, i, i.parent);
6     i = i.parent;

```

Der neue Wert muss im Worts Case an die Wurzel und der Algorithmus muss auf jeder Ebene eine Tauschaktion durchführen. Die Laufzeit ist also $O(h) = O(\log n)$

Wurzel Löschen. Idee: Der Wurzel Knoten (Max/Min) wird ausgegeben und entfernt. Die Wurzel wird durch das letzte "Blätter" ersetzt und dieses wird solange mit seinem Kind getauscht bis die Heap-Eigenschaft wieder gegeben ist. Algorithmus beispielhaft für Max-Heap:

```

extract-max(H) //as unlimited Array
1 if isEmpty(H) THEN
2   return error      underflow
3 else
4   max=H.A[0];
5   H.A[0]=H.A[H.size-1];
6   H.size=H.size-1;
7   heapify(H,0);
8   return max;

```

Algorithmus beispielhaft für Max-Heap:

```

heapify(H,i) //as unlimited Array
1 maxind=i;
2 if i.left < H.size &&
   H.A[i] < H.A[i.left] THEN
3   maxind=i.left;
4 if i.right < H.size &&
   H.A[maxind] < H.A[i.right] THEN
5   maxind=i.right;
6 if maxind != i THEN
7   SWAP(H.A,i,maxind);
8   heapify(H,maxind);

```

Die Laufzeit dieses Algorithmuses wird von heapify(H,i) dominiert, da der Knoten im Worst Case zu einem Blatt werden muss. Die Laufzeit beträgt $O(h) = O(\log n)$

Heap-Konstruktion. Idee: Das Array ist bereits kopiert und nun wird heapify für alle Knoten deren Index $\leq \lceil \frac{(n-1)}{2} \rceil - 1$ (Keine Blätter) aufgerufen.

```

buildHeap(H.A)
//Array A schon nach H.A kopiert
1 H.size=A.length;
2 for i =  $\lceil \frac{(H.size-1)}{2} \rceil - 1$  DOWNTO 0 DO
3   heapify(H.A,i);

```

Der Algorithmus besitzt eine Laufzeit von $O(n \cdot h) = O(n \cdot \log n)$

Heap-Sort. Idee: Die Werte eines Arrays werden zu einem Heap. Die Werte des Heaps werden dann nach und nach entnommen und ausgegeben. Der Algorithmus beispielhaft für Max-Heaps:

```

heapSort(H.A) //Array A schon nach H.A kopiert
1 buildHeap(H.A);
2 WHILE !isEmpty(H) DO
3   extract-max(H);

```

Die Laufzeit liegt ebenfalls in $O(n \cdot h) = O(n \cdot \log n)$

B-Bäume

Ein **B-Baum** (vom Grad t) ist ein Baum, bei dem

- Jeder Knoten (außer der Wurzel) zwischen $t-1$ und $2t-1$ Werte (keys) hat. Die Wurzel besitzt zwischen 1 und $2t-1$ Key

- Die Werte innerhalb eines Knoten aufsteigend geordnet sind
- die Blätter alle die gleiche Höhe haben
- jeder innere Knoten mit n Werten $n+1$ Kinder hat, so dass für alle Werte k_j aus dem j -ten Kind gilt: $k_1 \leq key[1] \leq k_2 \leq key[2] \leq \dots \leq k_n \leq key[n] \leq k_{n+1}$
- Anzahl Werte n im B-Baum im Vergleich zur Höhe h
 $n \geq 1 + (t-1) \cdot \sum_{i=1}^{h-1} (2t^{i-1}) = 1 + 2(t-1) \cdot \frac{t^h - 1}{t-1} = 2t^h - 1$
also: $\log_t \frac{n+1}{2} + 1 \geq h$
- Je größer t desto "flacher" ist der B-Baum
-

B-Bäume finden in MySQL Datenbanken Anwendung, die meisten Indices werden dort in B-Bäumen gespeichert.

Darstellung.

- $x.n$ - Anzahl der Werten eines Knoten x
- $x.key[0], \dots, x.key[x.n-1]$ - (geordnete) Werte in Knoten x
- $x.child[0], \dots, x.child[x.n]$ - Zeiger auf Kinder in Knoten x

Suche. Idee: Suche funktioniert ähnlich, wie die iterative Suche auf einem BST, mit der Ausnahme, dass in den Knoten zusätzlich horizontal gesucht wird.

```

search(x,k)
1 while x != nil DO
2   i=0;
3   while i < x.n &&
     x.key[i] < k DO i=i+1;
4   if i < x.n && x.key[i]==k THEN
5     return (x,i);
6   else
7     x=x.child[i];
8   return nil;

```

Die Laufzeit ergibt sich aus der While-Schleife (Zeile 1) und die While-Schleife (Zeile 3). Zeile 3 hat im Worst Case $2t$ Iterationen und somit eine Laufzeit die durch $O(1)$ geschränkt ist. Somit wird die Laufzeit des Algorithmuses durch $O(t \cdot h) = O(\log_t n)$ beschränkt.

Einfügen. Idee: Ein neuer Wert wird immer in ein Blatt eingefügt. Wenn das Blatt weniger als $2t-1$ Werte besitzt, einfach einfügen, sonst mittleren Wert in Elternknoten einfügen, sollte Elternknoten mehr als $2t-1$ Werte besitzen, dann rekursiv nach oben. Split an der Wurzel erzeugt neue Wurzel.

```

BTree insert(K key, V value) {
1 if (mRoot == null) {
2   mRoot = createNode();

```

```

3 }
4 ++mSize;
5 if (mRoot.mCurrentKeyNum ==
    BTNode.UPPER_BOUND_KEYNUM) {
6     // The root is full, split it
7     BTNode<K, V> btNode = createNode();
8     btNode.mIsLeaf = false;
9     btNode.mChildren[0] = mRoot;
10    mRoot = btNode;
11    splitNode(mRoot, 0,
    btNode.mChildren[0]);
12 }
13 insertKeyAtNode(mRoot, key, value);
14 return this;
15 }

insertKeyAtNode(BTNode rootNode, K key, V value)
1 {
2     int i;
3     int currentKeyNum = rootNode.mCurrentKeyNum;
4     if (rootNode.mIsLeaf) {
5         if (rootNode.mCurrentKeyNum == 0) {
6             // Empty root
7             rootNode.mKeys[0] =
new BTKeyValue<K, V>(key, value);
8             ++(rootNode.mCurrentKeyNum);
9             return;
10        }
11        // Verify if the specified key
doesn't exist in the node
12        for (i = 0; i < rootNode.mCurrentKeyNum; ++i) {
13            if (key.compareTo(rootNode.mKeys[i].mKey)
== 0) {
14                // Find existing key, overwrite its
value only
15                rootNode.mKeys[i].mValue = value;
16                --mSize;
17                return;
18            }
19        }
20        i = currentKeyNum - 1;
21        BTKeyValue<K, V> existingKeyVal =
rootNode.mKeys[i];
22        while ((i > -1) &&
(key.compareTo(existingKeyVal.mKey)
< 0)) {
23            rootNode.mKeys[i + 1] =
existingKeyVal;
24            --i;
25            if (i > -1) {
26                existingKeyVal =
rootNode.mKeys[i];
27            }
28        }
29        i = i + 1;
30        rootNode.mKeys[i] =
new BTKeyValue<K, V>(key, value);
31        ++(rootNode.mCurrentKeyNum);
32        return;
33    }

    splitNode(BTNode parentNode,
    int nodeIdx, BTNode btNode) {
1     int i;

2     BTNode<K, V> newNode = createNode();
3     newNode.mIsLeaf = btNode.mIsLeaf;

4     // Since the node is full,
    newNode must share
    LOWER_BOUND_KEYNUM
    (aka t - 1) keys from the node
    with newNode.mCurrentKeyNum =
    BTNode.LOWER_BOUND_KEYNUM;

5     // Copy right half of the keys
    from the
    node to the new node
6     for (i = 0;
    i < BTNode.LOWER_BOUND_KEYNUM; ++i) {
7         newNode.mKeys[i] =
    btNode.mKeys[i + BTNode.MIN_DEGREE];
8         btNode.mKeys[i +
    BTNode.MIN_DEGREE] = null;
9     }

10    // If the node is an internal node
    (not a leaf),
11    // copy the its child pointers
    at the half right as well
12    if (!btNode.mIsLeaf) {
13        for (i = 0; i < BTNode.MIN_DEGREE;
    ++i) {
14            newNode.mChildren[i] =
    btNode.mChildren[i +
    BTNode.MIN_DEGREE];
15            btNode.mChildren[i +
    BTNode.MIN_DEGREE] =
    null;
16        }
17    }

18    // The node at this point should
    have LOWER_BOUND_KEYNUM
    (aka min degree - 1) keys at
    this point.
19 }

```



```

21 // We will move its right-most key
    to its parent node later.
22 btNode.mCurrentKeyNum =
    BTNode.LOWER_BOUND_KEYNUM;

23 // Do the right shift for r
    relevant child pointers of the
    parent node
24 // so that we can put the new
    node as its new child pointer
25 for (i = parentNode.mCurrentKeyNum;
    i > nodeId; --i) {
26     parentNode.mChildren[i + 1] =
        parentNode.mChildren[i];
27     parentNode.mChildren[i] = null;
28 }
29 parentNode.mChildren[nodeId + 1] =
    newNode;

30 // Do the right shift all the keys
    of the parent node the right side of
    the node index as well
31 // so that we will have a slot for
    move a median key from the
    splitted node
32 for (i =
    parentNode.mCurrentKeyNum - 1;
    i >= nodeId; --i) {
33     parentNode.mKeys[i + 1] =
        parentNode.mKeys[i];
34     parentNode.mKeys[i] = null;
35 }
36 parentNode.mKeys[nodeId] =
    btNode.mKeys[
    BTNode.LOWER_BOUND_KEYNUM];
37 btNode.mKeys[
    BTNode.LOWER_BOUND_KEYNUM] =
    null;
38 ++(parentNode.mCurrentKeyNum);
}

```

Das Einfügen eines Wertes kann eine maximale Laufzeit von $O(t \cdot h) = O(\log_t n)$ haben.

Löschen. Idee: Liegt der Wert in einem Blatt, so kann dieser Wert einfach entfernt werden, sollte das Blatt daraufhin zu leer sein, so wird rotiert oder verschmolzen. Wird ein innerer Knoten gelöscht, so wird verschoben oder verschmolzen.

Informeller Algorithmus:

```

delete(T, k)
1 Wenn Wurzel nur 1 Wert und beide Kinder
  t-1 Werte, verschmelze Wurzel
  und Kinder (reduziert H um 1)
2 Suche rekursiv Lschposition:

```

3 Wenn zu besuchendes Kind nur t-1 Werte, verschmelze es oder rotiere/verschiebe
 4 Entferne Wert k in inneren Knoten/Blatt

Zu Zeile 3: Aktueller Knoten hat zu diesem Zeitpunkt mindestens t Werte, sonst wäre er vorher verschmolzen worden oder es wäre rotiert worden. Beim Verschmelzen/Verschieben des Kindes kann die Anzahl der Werte im aktuellen Knoten nicht unter $t-1$ fallen.

Zu Zeile 4: Entfernen aus Blatt problemlos, da mindestens t Werte. Entfernen im inneren Knoten durch Verschieben oder Verschmelzen.

Der Algorithmus besitzt eine Laufzeitgrenze von $O(t \cdot h) = O(\log_t n)$

Zusammenfassung. B-Bäume besitzen für jede Operation eine Laufzeit von $\Theta(\log_t n)$

Achtung:

Die O -Notation versteckt (konstanten) Faktor t für die Suche innerhalb eines Knoten; $t \cdot \log_t n = t \cdot \frac{\log_2 n}{\log_2 t}$ ist in der Regel größer als $\log_2 n$, also in der Regel nur vorteilhaft, wenn Daten blockweise eingelesen werden.

Zufällige Datenstrukturen

Bisher war das Verhalten für die identische Eingabe immer gleich. Bei zufälligen Datenstrukturen hängt das Verhalten auch von zufälligen Entscheidungen ab.

Skip List

Die Laufzeit ist im Worst-Case für Suchen/Löschen und Einfügen $\Omega(n)$. Die durchschnittliche Laufzeit für Suchen, Löschen und Einfügen ist $\Theta(\log_{\frac{1}{p}} n)$. Der durchschnittliche Speicherbedarf ist $1 + pn + p^2n + \dots = n \cdot \sum_{i \geq 0} p^i = \frac{n}{1-p}$. Die Idee von Skip-Listen ist, eine oder mehr "Express-Listen" hinzuzufügen. Elemente werden zu erst in den Express-Listen gesucht, ist der gesuchte Wert kleiner als das nächste Element in der Express-Liste, geht man eine Liste "tiefer". Wurde das Element gefunden, wird es ausgegeben.

Rekursiv lässt sich die Liste verbessern, indem man jeder Express-Liste eine neue Express-Liste mit der Hälfte der Elementen hinzufügt. Insgesamt ergibt das $\frac{n}{2} + \frac{n}{4} + \dots + 2 + 1 \leq n$ zusätzliche Elemente. Diese wählt man mit der Wahrscheinlichkeit p (z.B. $p = \frac{1}{2}$ aus). Die durchschnittliche Höhe $h = O(\log_{\frac{1}{p}} n)$

Der Vorteil liegt darin, dass Einfügen/Löschen parallele Verarbeitung unterstützen, da die Änderungen nur sehr lokal vorgenommen werden.

Hash Tables

Mittels der Hashfunktion h aus einer Datenmenge die Daten in eine Tabelle/Array $T[]$ hashen. Ist ein Arrayeintrag schon vorhanden, wird eine verkettete Liste erzeugt und das

Element parallel eingefügt. Die Laufzeit von Hash-Tables ist im Durchschnitt $\Theta(1)$ (Einfügen auch im Worst-Case). Mit verketteten Listen ist die Such- und Löszeit im Durchschnitt $\Theta(\frac{n}{T.length})$ und die Einfügezeit im Worst-Case $\Theta(1)$. Der Speicherbedarf erhöht sich und ist bei ca $1,33n$. Es gibt Kryptographische Hash Funktionen wie MD5, SHA.1: $\{0,1\}^* \rightarrow \{0,1\}^{160}$. Aus Sicherheitsgründen wählt man eher SHA-2 oder SHA-3

Erweiterte Strukturen

Dynamische Programmierung

Wenn sich Teilprobleme überlappen, kann man das Konzept der dynamischen Programmierung anwenden.

- Struktur der optimalen Lösung charakterisieren
- rekursiv den Wert einer optimalen Lösung definieren
- Den Wert der optimalen Lösung berechnen (z.B. bottom-up Ansatz)
- zugehörige Lösung aus den berechneten Daten konstruieren

Stabzerlegungsproblem

Stangen der Länge n cm sollen so zerschnitten werden, dass der Erlös r_n maximal ist, indem die Stange in kleinere Stäbe geschnitten wird.

Länge i	Preis p_i
1	1
2	5
3	8
4	9
5	19
6	17
...	...

Eine Stange der Länge n kann in 2^{n-1} verschiedenen Weisen zerlegt werden.

Rekursiv über top-down würde das so aussehen:

```

CUT-ROD(p, n)
1  if n == 0
2      return 0
3  q = -infinity
4  for i = 0 to n-1
5      q = max(q, p[i] + CUT-ROD(p, n-i-1))
6  return q

```

Lösung. via dynamischer Programmierung

Mittels dynamischer Programmierung wollen wir CUT-ROD in einen effizienten Algorithmus verwandeln. Naiv über Rekursion wäre ineffizient, da immer die gleichen Teilprobleme gelöst werden.

Ansatz: jedes Teilproblem nur einmal lösen und öfter nachschlagen. Es wird mehr Speicherplatz genutzt um Laufzeit einzusparen (Laufzeit-Speicher-Tradeoff).

Top-Down Idee, trotzdem rekursiv aufzubauen, jedoch die Ergebnisse zu speichern und am Anfang prüfen, ob das Teilproblem bereits gelöst wurde.

Bottom-up Beginnend mit dem kleinsten Teilproblem sortieren und lösen. Werden größere Teilprobleme gelöst, wurden die kleineren Zwischenprobleme bereits gelöst. Ein Algorithmus mit Ausgabe würde dann z.B. so aussehen:

```

EXTENDED-BOTTOM-UP-CUT-ROD(p, n)
1  new arrays r[0..n] and s[0..n]
2  r[0] = 0
3  for j = 1 to n
4      q = -∞
5      for i = 1 to j
6          if q < p[i] + r[j-i]
7              q = p[i] + r[j-i]
8              s[j] = i
9  r[j] = q
10 return r and s

```

Greedy-Algorithmus

Entscheidet sich stets für die ihm in diesem Schritt beste Möglichkeit.

Damenproblem

Auf einem $n \times n$ Schachbrett sollen n Damen so platziert werden, dass sich gegenseitig nicht Schlagen können. Bei $n=8$ sind das $\binom{64}{8} = 4 \cdot 10^9$ Möglichkeiten. Da aber in jeder Spalte und Zeile nur eine Dame stehen kann, sind es nur 8! Möglichkeiten.

Ein Algorithmus für das Problem würde so aussehen:

```

PLACE-QUEENS(Q, r)
1  if r = n+1
2      return Q
3  else
4      for j = 0 to n-1
5          legal == true
6          for i = 0 to r-1
7              if (Q[i]=j) ||
                (Q[i]=j+r-i) || (Q[i]=j-r+i)
8                  legal == false
9          if legal == true
10             Q[r] <- j
11             PLACE-QUEENS(Q, r+1)

```

Heuristiken

- Heuristik Technik um eine Suche zur Lösung zu führen
- Metaheuristik
 - meta: über, hinter
 - Higher-level Strategie um, die Suche zu führen
 - Soll verhindern, dass man bei der Suche in einem lokalen Optimum hängen bleibt.

Bergsteigeralgorithmus

Nutzt eine Iterative Verbesserungstechnik und wendet die aktuelle Lösung im Suchraum an. In jeder Iteration wird eine neue Lösung aus der Nachbarschaft gewählt und liefert diese einen besseren Wert wird diese zur aktuellen Lösung. Sonst wird eine neue Lösung aus der Nachbarschaft gewählt und gegen die aktuelle Lösung getestet. Kann keine weitere Verbesserung erzielt werden, terminiert der Algorithmus.

- Nachteile:
 - Terminiert bei lokalem Optimum
 - Gibt keine Auskunft, wie sich die Lösung vom globalem Maximum unterscheidet
 - Optimum hängt von der initialen Konfiguration ab
- Vorteil:
 - Einfach anzuwenden

Iterative Lokale Suche

Wenn der Algorithmus ein lokales Optimum findet, dann schaut es danach, ob es ein "nahes Optimum" gibt und dieses ggf. an. Es werden so nur Lösungen nahe der "Homebase" gewählt und der Algorithmus entscheidet, ob er die aktuelle Lösung behält oder die neue annimmt. Am besten macht man den Bergsteiger und danach einen "großen Sprung", um ein anderes Optimum zu finden, das eventuell besser ist.

- **Vorturb Funktion** soll ausreichend weit weg springen, dass es außerhalb der Nachbarschaft liegt, aber nicht soweit, dass es zufällig wird.
- **NewHomeBase Funktion** wählt die neue Startlösung aus. Es kann immer das lokale Optimum gewählt werden $NewHomeBase(H, S) = S$. Der Algorithmus nimmt die neue Lösung nur dann an, wenn die Qualität besser ist, sonst behält er die aktuelle Lösung S , wenn $Quality(S) > Quality(H)$ sonst H .

Simulated Annealing

Im Gegensatz zum Bergsteiger kann entschieden werden, wie die neue Lösung die aktuelle ersetzt. Ist die neue besser, dann wird diese übernommen. Wenn die neue Lösung schlechter ist, wird diese nur mit einer Wahrscheinlichkeit von $Pr(R, S, t) = e^{\frac{Quality(R) - Quality(S)}{t}}$ mit $t \geq 0$ (Bruch ist negativ da R schlechter ist als S). Dadurch ist es möglich, dass der Algorithmus "Absteigt".

Tabu Search

Speichert alle bisherigen, in betracht gezogenen Lösungen in der "Tabu List" und wird diese nicht nochmal annehmen. Dadurch kann er sich jedoch von der Optimalen Lösung entfernen. Die Liste ist endlich. Wenn sie voll ist, wird der älteste Eintrag gelöscht.

Populations-basierte Methode

In den bisherigen Metaheuristiken wurde immer nur eine Lösung betrachtet, hier wird eine Stichprobe an Lösungen gleichzeitig betrachtet. Bei der Bewertung der Qualität spielt die gesamte Stichprobe jeweils eine Rolle.

Evolutionärer Algorithmus

Ein Beispiel aus der Klasse "Evolutionary Computation". Diese Klasse lässt sich in zwei Arten von Algorithmen teilen:

- generationale Algorithmen aktualisieren per Iteration die komplette Stichprobe
- steady-state Algorithmen aktualisieren nur vereinzelte Kandidaten innerhalb der Stichprobe.

Methoden basieren auf der resampling Technik, in der neue Stichproben basierend auf den Resultaten der alten generiert werden.

ABSTRACT-EVOLUTIONARY-ALGORITHM

```

1  P <- generiere initiale Population
2  best <- [] \ [] = Menge leer
3  REPEAT
4      AssesFitness(P)
5      for jedes individuelle P_i in P
6          if best = [] oder
             Fitness(P_i) > Fitness best
7              best <- P_i
8      P <- Join(P_1, Breed(P))
9  UNTIL best solution or timeout
10 return best

```

Breed Funktion benutzt die Fitnessinformation um die neue Stichprobe zu erstellen. Die Join Funktion fügt diese neue Population der Menge hinzu.

Evolutionäres. Initialisiert wird die Stichprobe durch zufälliges wählen der Elemente. Sieht man in der Rohmenge "gute"Regionen, kann man die zufällige Generierung der Stichprobe beeinflussen, um in dieser Region zu landen. Diversität der Population durch Sicherstellung, dass alle Elemente in der Population einzigartig sind.

Wenn ein neues Individuum zufällig gewählt wird: Vergleichen aller bisherigen Individuen in Population ist ein Algorithmus, der alle Möglichkeiten miteinander vergleicht ($\Theta(n^2)$). Besser ist eine Hashtable zu nutzen und zu checken, ob das Individuum schon in der Hashtable ist ($O(n)$).

Evolutionstrategien

Idee: Generiere eine Population zufällig. Beurteile die Qualität jedes Individuums. Lösche alle bis auf die μ besten Individuen. Dann generiert man λ/μ -viele Nachfahren pro bestem Individuum und ersetzt die Individuen durch die Nachfahren per Join-Funktion.

Amortisierte Analyse

Algorithmen führen eine Folge von Operationen auf Datenstrukturen aus. Für die Laufzeit-Analyse haben wir die Kosten abgeschätzt, die eine Folge von n Operationen im worst-case benötigt. Dies ist die Obere Schranke der Gesamtkosten. durch die Amortisierte Analyse lassen sich worst-case Kosten viel genauer abschätzen. Voraussetzung hierfür ist, dass nicht alle Operationen in der Operationenfolge gleich teuer sind, sondern dass die Kosten von dem Zustand der Datenstruktur abhängen. die Amortisierte Analyse garantiert die mittlere Performanz jeder operation im schlechtesten Fall.

Graphen

Graph $G=(V,E)$

V beschreibt die Knotenmenge

E beschreibt die Kantenmenge

$(u,v) \in E$ beschreibt die Kante von Knoten u zu v

Pfade: Knoten v ist von Knoten u im Graphen $G=(V,E)$ erreichbar, wenn es Pfad $(w_1, \dots, w_k) \in V^k$ gibt, so dass $(w_j, w_{j+1}) \in E$ für $j=1, 2, \dots, k-1$ und $w_1 = u$ und $w_k = v$.

Man kann Graphen auch als Bäume darstellen, wenn es einen Knoten gibt der als Wurzel agieren kann, sodass jeder Knoten per eindeutigen Pfad erreichbar ist.

Subgraphen müssen von der gleichen Art ihrer Graphen sein, sie sind also Teilgraphen die Kanten und Knoten auslassen können.

(Endliche) Gerichtete Graphen

Ein (endlicher) gerichteter Graph $G=(V,E)$ besteht aus

- (1) einer (endlichen) Knotenmenge V („vertices“)
- (2) einer (endlichen) Kantenmenge EVV („edges“)
- (3) Zyklen sind möglich z.B 1,5,6,2,1

(4) Schleifen sind möglich sowie isolierte Knoten (Knoten ohne Kanten)

(5) Es gibt keine Mehrfachkanten zwischen Knoten (6) ist stark zusammenhängend wenn jeder Knoten von jedem anderen Knoten (gemäß Kantenrichtung) aus erreichbar ist

Ungerichteter Graph

Ein (endlicher) ungerichteter Graph $G=(V,E)$

(1) einer (endlichen) Knotenmenge V („vertices“)

(2) einer (endlichen) Kantenmenge EVV („edges“) **so dass $(u,v) \in E$ dasselbe ist wie (v,u)** , alternativ u,v

(3) ist zusammenhängend wenn jeder Knoten von jedem anderen Knoten aus erreichbar ist.

Darstellung

als Adjazenzmatrix. Man kann die Verbindung von Graphen in einer Matrix ($V \times V$) darstellen. Wenn Knoten verbunden sind z.B. Knoten 1 und 5 also (1,5) kann als Zeile 1 Spalte 5 interpretiert werden. Bei ungerichteten Graphen ist die Matrix spiegelsymmetrisch zur Hauptdiagonalen.

als Adjazenzliste. Bei der Darstellung als Liste kann man ein Array von verketteten Listen verwenden. Dabei kann man das Array sortiert oder unsortiert erstellen. Da es eine verkettete Liste ist zeigt der Knoten 4 z.B auf Knoten 5 dann.

Gewichtete Graphen

Die Kanten des Graphen haben hier ein Gewicht bzw. Entfernung die z.B. bei der Berechnung des kürzesten Pfades miteinander berechnet werden müssen/können.

Search-Methoden

BFS Breadth-First-Search. Die Idee dahinter ist dass man zuerst die umliegenden Nachbarn eines Knoten absucht und dann die Nachbarn der Nachbarn usw. Laufzeit $=O(|V|+|E|)$

$BFS(G, s) \quad // G=(V, E), s=source \text{ node in } V$
 $// WHITE = Knoten noch nicht besucht$
 $// GRAY = in Queue fuer naechsten Schritt$
 $// BLACK = fertig$

```

1  FOREACH u in V-{s} DO
2      u.color=WHITE;
      u.dist=INT.MAX; u.pred=NIL;
3  s.color=GRAY; s.dist=0; s.pred=NIL;
4  newQueue(Q);
5  enqueue(Q, s);
6  WHILE !isEmpty(Q) DO
7      u=dequeue(Q);
8      FOREACH v in adj(G, u) DO
// adj(G, u) gibt alle Nachbarknoten von u
9          IF v.color==WHITE THEN
```

```

10          v.color=GRAY;
           v.dist=u.dist+1;
           v.pred=u;
11          enqueue(Q,v);
12          u.color=BLACK;

```

Korrektheit

Sei $G=(V,E)$ ein Graph mit Knoten $s \in V$. Dann gilt nach Terminierung von $BFS(G,s)$ für jeden Knoten v von s aus erreichbaren Knoten v , dass $shortest(s,v)=v.dist$. Für $v \neq s$ ist ein kürzester Pfad durch einen kürzesten Pfad von s nach $v.pred$ und der Kante $(v.pred,v)$ gegeben.

Im ersten Schritt werden genau die Knoten besucht, die von s aus über eine Kante erreicht werden können; diese Knoten erhalten $dist=1$.

Im zweiten Schritt werden nur die Knoten besucht die in zwei oder mehr Schritten von s aus erreichbar sind; diese erhalten $dist=2$ usw.

Für $u=v.pred$, da v von u aus per Kante $(u,v) \in E$ besucht wurde, der Pfad von s nach u und dann zu v ein Pfad der Länge:

$1 + shortest(s,u) = 1 + u.dist = v.dist = shortest(s,v)$

Kürzesten Pfad ausgeben

```

PRINT-PATH(G, s, v)
// assumes that BFS(G, s) has already
// been executed
1  IF v==s THEN
2      PRINT s
3  ELSE
4      IF v.pred==NIL THEN
5          PRINT "no path from s to v"
6      ELSE
7          PRINT-PATH(G, s, v.pred);
8          PRINT v;

```

DFS Depth-First-Search. Besuche zuerst alle noch nicht besuchten Nachfolgeknoten („Laufe so weit wie möglich weg von aktuellem Knoten“). Laufzeit $= O(|V|+|E|)$. DFS-Wald = Menge von DFS-Bäumen, wobei der Baum nicht unbedingt den kürzesten Pfad angibt.

```

DFS(G) // G=(V, E)
1  FOREACH u in V DO
2      u.color=WHITE;
3      u.pred=NIL;
4      time=0; // globale Variable
5  FOREACH u in V DO
6      IF u.color==WHITE THEN
7          DFS-VISIT(G, u)

```

```

DFS-VISIT(G, u)
1  time=time+1;
2  u.disc=time; // discovery time
3  u.color=GRAY;
4  FOREACH v in adj(G, u) DO

```

```

5      IF v.color==WHITE THEN
6          v.pred=u;
7          DFS-VISIT(G, v);
8  u.color=BLACK;
9  time=time+1;
10 u.finish=time; // finish time

```

Kantenarten der DFS Bäume

Sei G_{pred} der Subgraphbaum von unserem gerichtete, Graphen G :

Baumkanten: alle Kanten in G_{pred}

Vorwärtskanten: alle Kanten in G zu Nachkommen in G_{pred} die nicht Baumkante

Rückwärtskanten: alle Kanten in G zu Vorfahren in G_{pred} die nicht Baumkante (inkl. Schleifen)

Kreuzkanten: alle anderen Kanten in G

Sei (u,v) gerade betrachte Kante im DFS-Algorithmus. Dann ist (u,v) ...

eine Baumkante, wenn $v.color==WHITE$

eine Rückwärtskante, wenn $v.color==GRAY$

eine Vorwärtskante, wenn $v.color==BLACK$ und $u.disc < v.disc$

eine Kreuzkante, wenn $v.color==BLACK$ und $v.disc < u.disc$

In einem ungerichteten Graphen gibt es nur Baum und Rückwärtskanten:

Vorwärts- und Kreuzkanten haben $v.color==BLACK$

Sei u gerade aktiv (grau). Betrachtete neue Kante u,v kann nur Vorwärts- oder Kreuzkante werden, wenn v schon abgeschlossen (schwarz).

1. Fall: $u.disc < v.disc$:

Kann nur passieren, wenn v von u aus durch anderen Pfad bereits erreicht und v in dem Moment grau wurde. Dann wäre aber Kante v,u bereits bei v Rückwärtskante geworden.

2. Fall: $u.disc > v.disc$

Dann hätte u bereits besucht werden müssen, als v aktiv (grau) war:

Direkt (u und v sind Nachbarn): u noch weiß und v,u bereits Baumkante.

Indirekt (u und v haben Zwischenknoten) u wird grau und u,v bereits Rückwärtskante.

Anwendung von DFS

Topologisches Sortieren. Topologisches Sortieren ist nur für gerichtete Graphen ohne Zyklen (auch "dag" genannt). Topologische Sortierung eines dag $G=(V,E)$: Knoten in linearer Ordnung, so dass für alle Knoten $u,v \in V$ gilt, dass u vor v in der Ordnung kommt, wenn $(u,v) \in V$.

TOPOLOGICAL-SORT(G) // $G=(V, E)$ dag

```

1  newLinkedList(L);
2  runDFS(G) but, each time a node is finished, insert it into L
3  return L.head

```

Laufzeit= $O(|V|+|E|)$

Korrektheit

Es genügt zu zeigen, dass jede von DFS inspizierte Kante $(u,v) \in V$ erfüllt: $v.\text{finish} < u.\text{finish}$, so dass u in der Liste dann vor v eingefügt wird.

- 1.Fall: v bereits grau \rightarrow Würde Rückwärtskante erzeugen, d.h. der Graph hätte einen Zyklus (Widerspruch).
- 2.Fall: v noch weiß \rightarrow Erzeugt Baumkante, also wird v Nachfahre von u und $v.\text{finish} < u.\text{finish}$, da Aufrufs-Stack nicht zu u zurückkehrt, bevor v abgeschlossen.
- 3.Fall: v schwarz \rightarrow Dann $v.\text{finish}$ bereits gesetzt, während $u.\text{finish}$ erst später gesetzt wird, also $v.\text{finish} < u.\text{finish}$.

Starke Zusammenhangskomponenten. Eine starke Zusammenhangskomponente (SCC) eines gerichteten Graphen $G=(V,E)$ ist eine Knotenmenge $C \subseteq V$, so dass

- a) es zwischen je zwei Knoten $u,v \in C$ einen Pfad von u nach v gibt, und
- b) es keine Menge $D \subseteq V$ mit C echte Teilmenge von V gibt, für die (a) auch gilt

(C ist maximal.)

Eigenschaften Verschiedene SCCs C,D sind disjunkt, sonst gäbe es $v \in C \cap D$ und für beliebige $u \in C$ und $w \in D$ auch einen Pfad von u nach w über v (und umgekehrt), somit wären C und D identisch.

Zudem sind zwei SCCs nur in eine Richtung verbunden. Also nur C nach D zum Beispiel und nicht D nach C .

Algorithmus Der Ansatz hier ist das man DFS einmal auf den Graphen G und dann nochmal auf den transponierten Graphen von G , also G^T (Hierbei werden nur die Richtungen der Kanten vertauscht) laufen lässt.

```
SCC(G) // G=(V,E) directed graph
1  runDFS(G)
2  computeGT
3  runDFS(GT) but visit vertices in main
   loop in descending finish time from 1
4  output each DFS tree in 3 as one SCC
// Zusatz fuer Zeile 3
DFS(G) // G=(V,E)
1  FOREACH u in V DO
2      u.color=WHITE;
3      u.pred=NIL;
4  time=0;
5  FOREACH u in V DO
6      IF u.color==WHITE THEN
7          DFS-VISIT(G,u)
```

Minimale Spannbäume MST

Für einen zusammenhängenden, ungerichteten, gewichteten Graphen $G=(V,E)$ mit Gewichten w ist der Subgraph $T=(V,E_T)$ von G ein Spannbaum, wenn T azyklisch ist und alle Knoten verbindet. Der Spannbaum ist minimal, wenn $w(T) = \sum w(u,v)$ wobei $u,v \in E_T$.

Generische Methode. A ist die Teilmenge der Kanten eines MST

Kante (u,v) ist sicher („safe“) für A , wenn $A \cup (u,v)$ noch Teilmenge eines MST ist
 genericMST(G,w) // $G=(V,E)$ undirected, connected graph
 w weight function

- 1 $A = \emptyset$
- 2 WHILE A does not form a spanning tree for G DO
- 3 find safe edge u,v for A
- 4 $A = A \cup u,v$
- 5 return A

Korrektheit.

- **Terminierung:** Da wir zeigen werden, dass es in jeder Iteration eine sichere Kante für A gibt (sofern A noch kein Spannbaum), terminiert die Schleife nach maximal $|E|$ Iterationen.
- **Korrektheit:** Da in jeder Iteration nur sichere Kanten hinzugefügt werden (für die $A \cup (u,v)$ noch Teilmenge eines MST ist), ist am Ende der WHILE-Schleife A ein MST.

Terminologie. Sei A Teilmenge eines MST, $(S,V-S)$ Schnitt, der A respektiert, und u,v eine leichte Kante, die den Schnitt überbrückt. Dann ist u,v sicher fuer A .

- Schnitt $(S,V-S)$ partitioniert Knoten des Graphen in zwei Mengen.
- u,v überbrückt Schnitt $(S,V-S)$, wenn $u \in S$ und $v \in V-S$.
- Schnitt $(S,V-S)$ respektiert $A \subseteq E$, wenn keine Kante u,v aus A den Schnitt überbrückt
- u,v leichte Kante für $(S,V-S)$, wenn $w((u,v))$ minimal für alle den Schnitt überbrückenden Kanten

Algorithmus von Kruskal

Dieser Algorithmus lässt parallel mehrere Unterbaeume eines MST wachsen.

Laufzeit ist $O(|E| \cdot \log |E|)$ oder auch $O(|E| \cdot \log |V|)$, da $|V| - 1 \leq |E| \leq |V|^2$ und somit $\log |E| = \Theta(\log |V|)$

Methode. MST-Kruskal(G,w) // $G=(V,E)$ undirected, connected graph w weight function

- 1 $A = \emptyset$
- 2 FOREACH v in V DO set(v)= v ;
- 3 Sort edges according to weight in nondecreasing order

```

4 FOREACH u,v in E according to order DO
5 IF set(u)!=set(v) THEN //Wenn gleich, dann schon
  verbunden.
6 A = A ∪ u,v
7 UNION(G,u,v);
8 return A

```

Notizen:

UNION(G,u,v) setzt $\text{set}(w) = \text{set}(u) \cup \text{set}(v)$ für alle Knoten $w \in \text{set}(u) \cup \text{set}(v)$

Korrektheit. Jede ausgewählte Kante u,v mit $\text{set}(u) \neq \text{set}(v)$ ist leicht für Schnitt $(\text{set}(u), V - \text{set}(u))$. Schnitt respektiert A und somit ist die Kante auch sicher fuer A.

Algorithmus von Prim

Dieser Algorithmus konstruiert einen MST Knoten für Knoten. Algorithmus fügt, beginnend mit Wurzelknoten, immer leichte Kante zuzusammenhängender Menge hinzu. Auswahl der naechsten Kante gemaeß key-Wert, der stets aktualisiert wird.

A implizit definiert durch $A = v, v.\text{pred} | v \in V - (\text{rcup} Q)$

Laufzeit ist $O(|E| + |V| \cdot \log |V|)$ (mit vielen Optimierungen, speziell Fibonacci-Heaps)

Methode. MST-Prim(G,w,r) // r root in V, MST given through v.pred values

```

1 FOREACH v in V DO v.key = ∞; v.pred = NIL;
2 r.key = -∞; Q = V;
3 WHILE !isEmpty(Q) DO
4 u = EXTRACT-MIN(Q); //smallest key value
5 FOREACH v in adj(u) DO
6 IF v ∈ Q and w(u,v) < v.key THEN
7 v.key = w(u,v);
8 v.pred = u;

```

Korrektheit. Kanten in A laufen nur zwischen den bereits aufgesammelten Knoten in $V - Q$. Folglich respektiert der Schnitt $(Q, V - Q)$ die Menge A. Alle Knoten $v \in Q$ enthalten als Wert v.key immer das kleinste Kantengewicht zu einem bereits aufgesammelten Knoten v.pred in $V - Q$. Daher beschreibt der in Schritt 4 ausgewählte Knoten u eine überbrückende, leichte Kante $(u, u.\text{pred})$.

Kürzester Weg, gerichteter Graph

SSSP. Single-Source ShortestPath (SSSP) findet von Quelle s aus jeweils den gemaeß Kantengewicht kürzesten Pfad zu allen anderen Knoten. Die Unterschiede zu DFS und BFS sind dass Sie beide keine Kantengewichte unterstützen, da der BFS z.B. nur den kürzesten Kantengewicht findet, aber nicht den kürzesten im Hinblick auf Gewichte. Der Unterschied zu MST ist dass dieser das Gewicht im ganzen Baum versucht zu minimieren. Problem bei negativen Kantengewichten gibt es bei Zyklen im Graph einen immer kleineren Pfad, da man die Zyklen mehrmals durchlaufen kann.

Lockerung bzw. Relax. Idee: verringere aktuelle Distanz von Knoten u, wenn durch Kante (u,v) kürzere Distanz erreichbar:

```

relax(G,u,v,w) 1 IF v.dist > u.dist + w((u,v)) THEN
2 v.dist = u.dist + w((u,v));
3 v.pred = u;

```

Bellman Ford Algorithmus. Es funktioniert allgemein, anders als die unteren Algorithmen. Es betrachtet die Wirkung auf kürzesten Pfades von s nach z, bei der ersten Iteration der FOR-Schleife wird der erste Schritt zum nächsten Knoten aufgefasst. Bei der zweiten Iteration erfasst dann den zweiten Schritt von s zum zweiten Knoten usw. Laufzeit ist $\Theta(|V| \cdot |E|)$

Bellman-Ford-SSSP(G, s, w)

```

1 initSSSP(G, s, w);
2 FOR i=1 TO |V|-1 DO
3   FOREACH (u,v) in E DO
4     relax(G,u,v,w);
5   FOREACH (u,v) in E DO //prueft ob ein negativer
                           //Zyklus erreichbar ist
6     IF v.dist > u.dist + w((u,v)) THEN
7       return false;
8   return true;

```

initSSSP(G, s, w)

```

1 FOREACH v in V DO
2   v.dist = INFINTY;
3   v.pred = NIL;
4   s.dist = 0;

```

Korrektheit: Wir betrachten Prüfungsschritte (Zeilen) 5-7

- Fall 1: Wenn keine „negativen Zyklen“ erreichbar, dann auch keine Rückgabe false
- Fall 2: Wenn „negativen Zyklen“ erreichbar, dann Rückgabe false

TOPO-Sort. Topologisches Sortieren fuer DAG (Directed-Acyclic-Graph) mit Gewichten. Laufzeit ist $\Theta(|V| + |E|)$

TopoSort-SSSP(G, s, w) // G dag

```

1 initSSSP(G, s, w);
2 execute topological sorting
3 FOREACH u in V in topological order DO
4   FOREACH v in adj(u) DO
5     relax(G,u,v,w);

```

Korrektheit siehe Bellman-Ford-Algorithmus

Dijkstra-Algorithmus. Voraussetzung: $w((u,v)) \geq 0$ für alle Kanten. Laufzeit ist $\Theta(|V| \cdot \log |V| + |E|)$ mittels Fibonacci-Heaps.

Dijkstra-SSSP(G, s, w)

```

1  initSSSP (G, s, w);
2  Q=V; // let S=V-Q
3  WHILE !isEmpty (Q) DO
4      u=EXTRACT-MIN(Q); // wrt. dist
5      FOREACH v in adj (u) DO
6          relax (G, u, v, w);

```

Korrektheit

Maximaler Fluss in Graphen

Kanten in Graphen haben (aktuellen) Flusswert und (maximale) Kapazität. Jeder Knoten (außer s und t) hat den gleichen eingehenden und ausgehenden Fluss. Das Ziel ist es, den maximalen Fluss von s (source) zu t (sink) zu finden.

Netzwerkflüsse. Ein Flussnetzwerk ist ein gewichteter, gerichteter Graph $G=(V, E)$ mit Kapazität c , mit $c(u, v) \geq 0$ für $(u, v) \in E$ und $c(u, v) = 0$ für $(u, v) \notin E$, mit zwei Knoten $s, t \in V$, sodass jeder Knoten aus s erreichbar ist und jeder Knoten t erreichen kann.

Ein Fluss $f : V \times V \rightarrow \mathbb{R}$ für ein Flussnetzwerk $G = (V, E)$ mit Kapazität c , s, t erfüllt $0 \leq f(u, v) \leq c(u, v)$ für alle $u, v \in V$ sowie für alle $u \in V - \{s, t\}$:

$$\sum_{v \in V} f(u, v) = \sum_{v \in V} f(v, u)$$

Der Wert $|f|$ eines Flusses $f : V \times V \rightarrow \mathbb{R}$ für ein Flussnetzwerk $G=(V, E)$ mit Kapazität c , source s , sink t ist

$$|f| = \sum_{v \in V} f(s, v) = \sum_{v \in V} f(v, t)$$

Transformationen. Antiparallele Kanten eliminieren durch Erstellen eines neuen Knotens:

$A \leftarrow (2,5) \rightarrow (1,6) \rightarrow B$ wird zu $A \rightarrow (1,6) \rightarrow C \rightarrow (2,5) \rightarrow B$

Quellen werden vereinigt, indem man eine neue Quelle erstellt, die zu allen vorherigen Quellen führt und einen neuen sink erstellt, den alle vorherigen sinks erreichen.

Ford-Fulkerson-Methode. Idee ist es von s nach t einen noch erweiterbaren Pfad zu suchen. Diesen Pfad suchen wir im "Restkapazitätsgraph G_f , der die möglichen Zu- und Abflüsse beschreibt.

Reste. Die Restkapazität besteht

$c_f(u, v) = c(u, v) - f(u, v)$ falls $(u, v) \in E$

$f(v, u)$ falls $(v, u) \in E$

0 sonst

- 1. bedeutet, wieviel eingehenden Fluss über (u, v) könnte man noch zu v hinzufügen?
- 2. bedeutet, wieviel abgehenden Fluss über (v, u) könnte man wegnehmen und damit quasi zu v hinzufügen?

$G_f = (V, E_f)$ mit $E_f = \{(u, v) \in V \times V \mid c_f(u, v) > 0\}$. Im Restkapazitätsgraph sind antiparallele Kanten erlaubt. Um den Graphen zu nutzen: finde Pfad von s zu t in G_f und erhöhe (für Kanten in G) bzw. erniedrige (für Nicht-Kanten) um Minimum $c_f(u, v)$ aller Werte auf dem Pfad in G .

Ford-Fulkerson (G, s, t, c)

```

1  FOREACH e in E DO e.flow=0;
2  WHILE path p from s to t in G flow DO
3      c(flow) p = min {c(flow) (u, v)
                        | u, v in p }
4  FOREACH e in p DO
5      IF e in E THEN
6          e.flow=e.flow+ c flow p
7      ELSE
8          e.flow=e.flow- c flow p

```

NP

nur einfache Probleme sind in polynomialer Zeit lösbar! Es gibt Probleme, die nur in superpolynomieller Zeit gelöst werden können. Diese Probleme nennt man "harte" Probleme. So ein Problem ist effizient lösbar gdw. es in polynomieller Zeit lösbar ist.

Logarithmus-Gesetze

3

• **Produktregel** $\log_a(u) + \log_a(v) = \log_a(u \cdot v)$

• **Quotientenregel** $\log_a(u) - \log_a(v) = \log_a(\frac{u}{v})$

• **Potenzregel**

$$- \log_a(x^n) = n \cdot \log_a(x)$$

$$- \log_a(\sqrt[n]{x}) = \log_a(x^{\frac{1}{n}}) = \frac{1}{n} \cdot \log_a(x)$$

• **Umrechnung der Logarithmusbasis** $\log_n(x) = \frac{\log_m(x)}{\log_m(n)}$

• **Weitere Eigenschaften von Logarithmen**

$$- \log_n(n) = 1$$

$$- \log_n(1) = 0$$

$$- \log_n(n^x) = x$$

$$- n^{\log_n(x)} = x$$

• **Küren von Exponenten** $x_1^{x_2} = b^{x_2 \cdot \log_b(x_1)}$

Dieses Gesetz kann verwendet werden, um beliebige Exponenten auf eine bestimmte Basis umzuschreiben. Will man beispielsweise eine Funktion ableiten, die

³<https://www.geeksforgeeks.org/avl-tree-set-2-deletion/>

sowohl x in der Basis als auch im Exponenten hat, so kann diese Regel angewendet werden, um die Funktion zur Basis e umzuschreiben. Die entstandene Exponentialfunktion lässt sich dann mit einfachen Mitteln ableiten. Wählt man als Basis e , so erhält man:

$$x_1^{x_2} = e^{x_2 \cdot \ln(x_1)}$$

- **Antilogarithmus**

- **Multiplikation** $x \cdot y = a^{\log_a x} \cdot a^{\log_a y} = a^{\log_a x + \log_a y}$
- **Division** $\frac{x}{y} = \frac{a^{\log_a x}}{a^{\log_a y}} = a^{\log_a x - \log_a y}$