

Московский авиационный институт
(национальный исследовательский университет)

Факультет информационных технологий и прикладной
математики

Кафедра вычислительной математики и программирования

Лабораторная работа №9 по курсу «Дискретный анализ»

Студент: А. О. Знай
Преподаватель: С. А. Михайлова
Группа: М8О-301Б-21
Дата: 02.12.2023
Оценка:
Подпись:

Москва, 2023

Лабораторная работа №9

Задача: Задан взвешенный ориентированный граф, состоящий из n вершин и m ребер. Вершины пронумерованы целыми числами от 1 до n . Необходимо найти длины кратчайших путей между всеми парами вершин при помощи алгоритма Джонсона. Длина пути равна сумме весов ребер на этом пути. Обратите внимание, что в данном варианте веса ребер могут быть отрицательными, поскольку алгоритм умеет с ними работать. Граф не содержит петель и кратных ребер.

Формат входных данных: В первой строке заданы n и m . В следующих m строках записаны ребра. Каждая строка содержит три числа – номера вершин, соединенных ребром, и вес данного ребра. Вес ребра – целое число от -109 до 109.

Формат вывода: Если граф содержит цикл отрицательного веса, следует вывести строку "Negative cycle" (без кавычек). В противном случае следует вывести матрицу из n строк и n столбцов, где j -е число в i -й строке равно длине кратчайшего пути из вершины i в вершину j . Если такого пути не существует, на соответствующей позиции должно стоять слово "inf" (без кавычек). Элементы матрицы в одной строке разделяются пробелом.

1 Описание

Алгоритм Джонсона представляет собой комбинацию алгоритмов Белмана-Форда и Дейкстры. Такая комбинация позволяет нам решать задачу по поиску кратчайших путей в графах с отрицательными ребрами, а при наличии отрицательных циклов - находить их и останавливаться без ошибок.

Суть заключается в том, что мы вначале добавляем вершину к нашему графу и связываем ее с каждой вершиной ребром с весом 0. Проходимся по новому графу алгоритмом Б-Ф для новой вершины. Результат такого прохода - кратчайшее расстояние между добавленной вершиной и всеми остальными, он нам нужен чтобы избавиться от отрицательных ребер с помощью формулы: $\text{newD} = D + \text{BFResult}(u) - \text{BFResult}(v)$, - где D - вес ребра из вершины u в вершину v . Теперь мы уверены, что в графе нет отрицательных ребер и мы просто запускаем алгоритм Дейкстры для каждой вершины, находя кратчайшие расстояния до остальных. Затем нам надо пересчитать пути, используем ту же формулу: $\text{orig} = \text{DeykstraRes}[i][j] - \text{BFResult}[i] + \text{BFResult}[j]$ Сложность данного алгоритма складывается из двух остальных: Б-Ф - $O(VE)$, Дейкстра (при использовании двоичной кучи) - $O(E \log V)$. Джонсон - $O(VE \log V)$

[1]

Код

```
1 #include <string>
2 #include <iostream>
3 #include <vector>
4 #include <stack>
5 #include <memory>
6 #include <chrono>
7 #include <map>
8 #include <cmath>
9 #include <algorithm>
10 #include <queue>
11
12 using namespace std;
13
14 long long inf = INT64_MAX;
15
16 class Compare {
17 public:
18     bool operator()(pair<int, long long> below, pair<int, long long> above)
19     {
20         if (below.second > above.second) {
21             return true;
22         }
23         return false;
24     }
25 };
26
27 bool BelmanFord(const int N, vector<long long> & belmanFordResult, const vector<
    vector<pair<int, long long> > > adjacency ) {
28
29     vector<vector<long long> > distance(N + 2, vector<long long>(N + 1, inf));
30     distance[0][0] = 0;
31
32     int i;
33     bool isSame;
34     for (i = 1; i <= N; i++) {
35         isSame = true;
36         for (int v = 0; v <= N; v++) {
37             if (distance[i - 1][v] == inf) {
38                 continue;
39             }
40             for (int j = 0; j < adjacency[v].size(); j++) {
41                 int u = adjacency[v][j].first;
42                 if (distance[i - 1][v] + adjacency[v][j].second < distance[i][u]) {
43                     distance[i][u] = distance[i - 1][v] + adjacency[v][j].second;
44                 }
45             }
46         }
47     }
```

```

48     for (int u = 0; u <= N; u++) {
49         isSame = isSame && distance[i][u] == distance[i - 1][u];
50     }
51     if (isSame) {
52         break;
53     }
54 }
55 if (!isSame) {
56     for (int v = 0; v <= N; v++) {
57         if (distance[N][v] == inf) {
58             continue;
59         }
60         for (int j = 0; j < adjacency[v].size(); j++) {
61             int u = adjacency[v][j].first;
62             distance[N + 1][u] = distance[N][u];
63             if (distance[N][v] + adjacency[v][j].second < distance[N + 1][u]) {
64                 return true;
65             }
66         }
67     }
68 }
69
70 for (int j = 0; j <= N; j++) {
71     belmanFordResult[j] = distance[i][j];
72 }
73 return false;
74 }
75
76 vector<long long> Deikstra(const int S, const int N, const vector<vector<pair<int,
77     long long>>> adjacency) {
78     priority_queue<pair<int, long long>, vector<pair<int, long long>>, Compare> minq;
79     minq.push(make_pair(S, 0));
80
81     vector<bool> visited(N + 1, false);
82     vector<long long> distance(N + 1, inf);
83     distance[S] = 0;
84
85     while (!minq.empty()) {
86         int curV = minq.top().first;
87         long long curDist = minq.top().second;
88
89         if (visited[curV]) {
90             minq.pop();
91             continue;
92         }
93
94         for (int i = 0; i < adjacency[curV].size(); i++) {
95             if (distance[curV] + adjacency[curV][i].second < distance[adjacency[curV][i]
96                 ].first)) {

```

```

95         distance[adjacency[curV][i].first] = distance[curV] + adjacency[curV][i
96         ].second;
97         minq.push(make_pair(adjacency[curV][i].first, distance[curV] + adjacency
98         [curV][i].second));
99     }
100     visited[curV] = true;
101     minq.pop();
102 }
103 return distance;
104 }
105
106 int main() {
107     ios_base::sync_with_stdio(false);
108     cin.tie(nullptr);
109     cout.tie(nullptr);
110
111     int N, M;
112     cin >> N >> M;
113
114     vector<vector<pair<int, long long> > > adjacency(N + 1);
115
116     for (int i = 0; i <= N; i++) {
117         adjacency[0].push_back(make_pair(i, 0));
118     }
119
120     bool hasNegativeNums = false;
121     for (int i = 1; i <= M; i++) {
122         int u, v, w;
123         cin >> u >> v >> w;
124         if (w < 0) {
125             hasNegativeNums = true;
126         }
127         adjacency[u].push_back(make_pair(v, w));
128     }
129
130     vector<long long> belmanFordResult(N + 1, 0);
131
132     if (hasNegativeNums) {
133         bool hasNegativeCycle = BelmanFord(N, belmanFordResult, adjacency);
134         if (hasNegativeCycle) {
135             cout << "Negative cycle" << '\n';
136             return 0;
137         }
138     } else {
139         for (int i = 1; i <= N; i++) {
140             for (int j = 0; j < adjacency[i].size(); j++) {
141                 adjacency[i][j].second = adjacency[i][j].second + belmanFordResult[i

```

```

142         ] - belmanFordResult[adjacency[i][j].first];
143     }
144 }
145 }
146
147 for (int i = 1; i <= N; i++) {
148     vector<long long> deikstraRes = Deikstra(i, N, adjacency);
149     for (int j = 1; j <= N; j++) {
150         if ( deikstraRes[j] == inf) {
151             if (j == N) {
152                 cout << "inf";
153             }
154             else {
155                 cout << "inf" << ' ';
156             }
157         }
158         else {
159             if (j == N) {
160                 cout << deikstraRes[j] - belmanFordResult[i] + belmanFordResult[j];
161             }
162             else {
163                 cout << deikstraRes[j] - belmanFordResult[i] + belmanFordResult[j]
164                     << ' ';
165             }
166         }
167     }
168     cout << '\n';
169 }
170 }

```

2 Консоль

```
artemznaj@MacBook-Air-Artem lab9 % ./a.out
5 4
1 2 -1
2 3 2
1 4 -5
3 1 1
0 -1 1 -5 inf
3 0 2 -2 inf
1 0 0 -4 inf
inf inf inf 0 inf
inf inf inf inf 0
artemznaj@MacBook-Air-Artem lab9 % ./a.out
3 3
1 2 -1
2 3 1
3 1 -2
Negative cycle
```


3 Тест производительности

Для изучения производительности сравним время работы программы на тестах разных размеров с $m = 10^3, 10^5$

1. 10^3

```
artemznaj@MacBook-Air-Artem lab9 % ./a* <tests/1.in  
10215ms
```

Process finished with exit code 0

2. 10^5

```
artemznaj@MacBook-Air-Artem lab9 % ./a* <tests/2.in  
328485ms
```

Process finished with exit code 0

4 Выводы

Выполнив девятую лабораторную работу по курсу «Дискретный анализ», я научился решать задачу по поиску кратчайших путей между всеми парами вершин с помощью алгоритма Джонсона. Мне понравился данный алгоритм, потому что он использует два других базовых алгоритма и идею о пересчете веса, это в совокупности дает нам возможность решать ту же задачу, но теперь и на графах с отрицательными весами, при этом быстрее чем просто запуском Б-Ф для всех вершин.

Список литературы

- [1] Жадный алгоритм <https://ru.wikipedia.org/>
- [2] Лекции Н.К.Макарова, Московский авиационный институт.