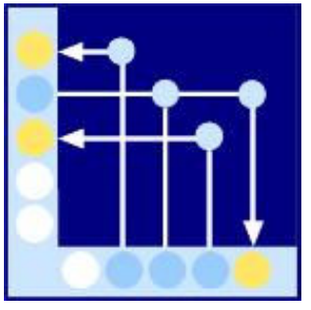
Fakultät Elektronik und Informatik
Studiengang Informatik



Algorithmen und Datenstrukturen 2

Vorlesung im Wintersemester 2017/2018

Prof. Dr. habil. Christian Heinlein

christian.heinleins.net

1 Einleitung und Überblick

1.1 Vorlesungsüberblick

- Streuwerttabellen (hash tables)
  - Implementierung mit Verkettung (chaining)
  - Implementierung mit offener Adressierung (open addressing)
- Vorrangwarteschlangen (priority queues)
  - Implementierung mit binären Halden (binary heaps)
  - Implementierung mit Binomial-Halden (binomial heaps)
- Programmiertechniken
  - Nächstbest-Algorithmen (greedy algorithms)
  - Tabellengestützte Programmierung (dynamic programming)

- Elementare Graphalgorithmen
  - Breitensuche (breadth-first search)
  - Tiefensuche (depth-first search)
  - Starke Zusammenhangskomponenten (strongly connected components)
- Minimale Spannbäume (minimum spanning trees)
  - Algorithmus von Kruskal
  - Algorithmus von Prim
- Kürzeste Wege in Graphen (shortest path algorithms)
  - Algorithmus von Bellman und Ford
  - Algorithmus von Dijkstra
  - Algorithmus von Floyd und Warshall
- Anwendung mathematischer Methoden
  - Korrektheitsbeweise
  - Laufzeitabschätzungen

1.2 Organisatorisches

- Vorlesung
  - Folien sind online verfügbar
    - in der Regel kapitelweise, möglichst vor Beginn des jeweiligen Kapitels
    - bei Bedarf nachträgliche Ergänzungen oder Korrekturen
  - Beweise werden an der Tafel entwickelt
  - Programme werden zum Teil interaktiv am Rechner entwickelt
- „Papier und Bleistift“-Übungsaufgaben zu jedem Kapitel
- 3 größere Programmieraufgaben während des Semesters
  als Teil der Prüfungsleistung (Anteil 1/3)
- 90-minütige Klausur im Prüfungszeitraum (Anteil 2/3)

1.3 Literaturhinweise

- T. H. Cormen, C. E. Leiserson, R. Rivest, C. Stein: *Algorithmen – Eine Einführung* (3. Auflage). R. Oldenbourg Verlag, München, 2010.

  Stellenweise werden Sachverhalte in dieser Vorlesung jedoch bewusst anders dargestellt als in diesem Standardwerk.

- R. Sedgewick, K. Wayne: *Algorithmen* (4., aktualisierte Auflage). Pearson, Hallbergmoos, 2010.

- U. Schöning: *Algorithmik*. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, 2001.

- D. E. Knuth: *The Art of Computer Programming* (Band 1 bis 3). Addison-Wesley, Reading, MA, 2001.

- https://de.wikipedia.org
  https://en.wikipedia.org

  Wikipedia ist häufig eine nützliche Informationsquelle.
  Stellenweise sind die Artikel jedoch ungenau oder widersprüchlich, z. B. beim Thema Graphen.

2 Streuwerttabellen (hash tables)

2.1 Einleitung und Motivation

2.1.1 Aufgabe

- Schreiben Sie ein Programm (z. B. in Java),
  - das als Eingabe eine Folge von Wörtern erhält (z. B. ein Wort pro Zeile)
  - und als Ausgabe die Häufigkeit jedes Worts liefert.

- Beispieleingabe und zugehörige Ausgabe
  (die Reihenfolge der Ausgabezeilen ist beliebig):

```
eins                    3 eins
zwei                    2 zwei
drei                    1 drei
zwei
eins
eins
```

2.1.2 Lösung mit verketteter Liste

```
import java.io.*;

// Listenelement.
class Elem {
  String word;            // Wort.
  int count;              // Häufigkeit.
  Elem next;              // Verkettung.

  Elem (String w, Elem n) {
    word = w; count = 1; next = n;
  }
}

// Hauptprogramm.
class WordCount {
  public static void main (String [] args) throws IOException {
    BufferedReader r =  // Standardeingabe als BufferedReader.
            new BufferedReader(new InputStreamReader(System.in));
    Elem h = null;      // Listenanfang (head).
    String w;           // Aktuelles Wort.
```

```
      // Eingabe zeilenweise lesen und verarbeiten.
      input:   // readLine kann IOException werfen.
      while ((w = r.readLine()) != null) {
        // Element e mit Wort w suchen.
        for (Elem e = h; e != null; e = e.next) {
          // Wenn vorhanden, Zähler erhöhen.
          if (e.word.equals(w)) {
              e.count++;
              continue input;
          }
        }
        // Andernfalls neues Element mit Zähler 1 erzeugen.
        h = new Elem(w, h);
      }

      // Ausgabe produzieren.
      for (Elem e = h; e != null; e = e.next) {
        System.out.println(e.count + " " + e.word);
      }
    }
  }
```

- Problem: Linearer Aufwand für jede Suche

2.1.3 Lösung mit Suchbaum

- Zum Beispiel Rot-schwarz-Baum
- Siehe „Algorithmen und Datenstrukturen 1“
- Probleme:
  - Immer noch logarithmischer Aufwand für jede Suche
  - Jeder Baumknoten braucht zusätzlich Platz für Zeiger und Farbinformation

2.1.4 Lösung mit Streuwerttabelle

```
import java.io.*;

// Tabellenelement.
class Elem {
  String word;           // Wort.
  int count;             // Häufigkeit.

  Elem (String w) {
    word = w; count = 1;
  }
}

// Hauptprogramm.
class WordCount {
  public static void main (String [] args) throws IOException {
    BufferedReader r =  // Standardeingabe als BufferedReader.
            new BufferedReader(new InputStreamReader(System.in));
    Elem [] tab = new Elem [1000]; // Tabelle.
    String w;           // Aktuelles Wort.
```

```
    // Eingabe zeilenweise lesen und verarbeiten.
    // readLine kann IOException werfen.
    while ((w = r.readLine()) != null) {
        // Streuwert des Worts als Index in die Tabelle verwenden.
        int i = w.hashCode() % tab.length;
        if (i < 0) i = -i;
        Elem e = tab[i];
        if (e != null) {
          // Wenn dort bereits ein Element ist, Zähler erhöhen.
          e.count++;
        }
        else {
          // Andernfalls neues Element mit Zähler 1 erzeugen.
          tab[i] = new Elem(w);
        }
    }

    // Ausgabe produzieren.
    for (Elem e : tab) if (e != null) {
      System.out.println(e.count + " " + e.word);
    }
  }
}
```

Diskussion

- Vorteile
  - Konstanter Aufwand für jede „Suche“ → maximal effizient
  - Kompakte Speicherung der Tabelle als Feld (array)
- Nachteil
  - Tabelle kann nicht wachsen (müsste bei Bedarf umkopiert werden)
- Problem
  - Verschiedene Wörter können „zufällig“ den gleichen Streuwert besitzen (konkret z. B. `Aa` und `BB`).
- Fragen
  - Wie löst man dieses Problem?
  - Wie berechnet man `hashCode` sinnvoll?

2.1.5 Lösung mit `java.util.HashMap`

```
import java.io.*;
import java.util.*;

// Hauptprogramm.
class WordCount {
  public static void main (String [] args) throws IOException {
    BufferedReader r =  // Standardeingabe als BufferedReader.
            new BufferedReader(new InputStreamReader(System.in));
    Map<String, Integer> tab = // Tabelle.
            new HashMap<String, Integer>(1000);
    String w;           // Aktuelles Wort.

    // Eingabe zeilenweise lesen und verarbeiten.
    // readLine kann IOException werfen.
    while ((w = r.readLine()) != null) {
        // Entweder einen neuen Eintrag mit Zähler 1 einfügen
        // oder den Zähler des vorhandenen Eintrags um 1 erhöhen.
        Integer c = tab.get(w);
        if (c == null) c = 0;
        tab.put(w, c + 1);
    }
```

```
    // Ausgabe produzieren.
    for (Map.Entry<String, Integer> e : tab.entrySet()) {
      System.out.println(e.getValue() + " " + e.getKey());
    }
  }
}
```

2.1.6 Lösung in C++11 mit `std::unordered_map`

```
#include <iostream>
#include <string>
#include <unordered_map>
using namespace std;

// Hauptprogramm.
int main () {
  unordered_map<string, int> tab (1000); // Tabelle.
  string w;                 // Aktuelles Wort.

  // Eingabe zeilenweise lesen und verarbeiten.
  while (getline(cin, w)) {
    // tab[w] liefert den Zähler zu Wort w mit Anfangswert 0.
    tab[w]++;
  }

  // Ausgabe produzieren.
  for (pair<string, int> e : tab) {
    cout << e.second << " " << e.first << endl;
  }
}
```

2.1.7 Lösung in der Skriptsprache AWK

```
# Eingabe zeilenweise lesen und verarbeiten.
{ tab[$0]++ }

# Ausgabe produzieren.
END { for (w in tab) print tab[w], w }
```

Erläuterungen

- Der Block `{ ..... }` wird automatisch für jede Eingabezeile ausgeführt.
  Der Inhalt der Zeile ist jeweils als `$0` verfügbar.

- Das Feld `tab` ist in Wirklichkeit ein assoziativer Container analog zu `java.util.Map` und `std::unordered_map`, der intern (vermutlich) als Streuwerttabelle implementiert ist.

- Der Block `END { ..... }` wird automatisch nach Verarbeitung der Eingabe ausgeführt.

- Die Schleife `for (w in tab) .....` durchläuft alle Schlüsselwerte der Tabelle `tab`.

2.1.8 Allgemeines Prinzip

- Die in einer Streuwerttabelle gespeicherten Objekte bestehen meist aus einem *Schlüssel* (im Beispiel ein Wort) und zugehörigen *Satellitendaten* (im Beispiel der zugehörige Zähler).

- Die Satellitendaten können aber auch fehlen, z. B. wenn das Programm nur die Menge aller verschiedenen Wörter ohne ihre Häufigkeit ausgeben soll.

- Für die *Gleichheit* zweier Objekte sind in jedem Fall nur ihre Schlüssel relevant, ebenso für die Berechnung ihres Streuwerts.

- Gleiche Objekte müssen immer den gleichen Streuwert besitzen.

- Umgekehrt kann es aber durchaus auch verschiedene Objekte mit dem gleichen Streuwert geben.

2.1.9 Grundoperationen auf Streuwerttabellen

- Einfügen/Ersetzen eines Objekts x
  1. Wenn die Tabelle bereits ein Objekt x' enthält, das im obigen Sinne gleich x ist, wird es durch x ersetzt.
     (Beachte: x kann andere Satellitendaten als x' besitzen.)
  2. Andernfalls wird x zur Tabelle hinzugefügt, sofern sie noch nicht voll ist.
- Suchen eines Objekts x
  1. Wenn die Tabelle ein Objekt x' enthält, das gleich x ist, wird es zurückgeliefert.
  2. Andernfalls wird das Nichtvorhandensein des Objekts durch einen geeigneten Resultatwert (z. B. `null` in Java) angezeigt.
- Löschen eines Objekts x
  1. Wenn die Tabelle ein Objekt x' enthält, das gleich x ist, wird es aus der Tabelle entfernt.
  2. Andernfalls ist die Operation wirkungslos.

2.1.10 Weitere Anwendungsbeispiele für Streuwerttabellen

- Online-Katalog → Bestellnummer als Schlüssel
- Personaldatenbank → Personalnummer als Schlüssel
- Kfz-Datenbank → Kennzeichen als Schlüssel
- Cache eines Webbrowsers → URL als Schlüssel
- Variablentabelle eines Compilers → Variablenname als Schlüssel
- Große, dünn besetzte Matrix → Paar von Zeilen- und Spaltenindex als Schlüssel

2.2 Streuwertfunktionen

2.2.1 Grundregeln

- Eine *Streuwertfunktion* ordnet jedem Objekt (aus einer bestimmten Grundmenge) eine ganze Zahl zu.

- Inhaltlich gleiche Objekte *müssen* den gleichen Streuwert besitzen (vgl. § 2.1.8). (Das heißt, wenn man in einer Java-Klasse `equals` überschreibt, muss man i. d. R. auch `hashCode` überschreiben.)

- Inhaltlich verschiedene Objekte *sollten* möglichst verschiedene Streuwerte besitzen.

- Letzteres ist aber häufig nicht möglich, weil es z. B. viel mehr (prinzipiell unendlich viele) inhaltlich verschiedene `String`-Objekte als `int`-Werte gibt.

2.2.2 Beispiel 1: Punkte

```
// Punkt im zweidimensionalen Raum.
class Point {
  // Koordinaten des Punkts.
  public final double x, y;

  // Punkt mit Koordinaten x und y konstruieren.
  public Point (double x, double y) {
    this.x = x;
    this.y = y;
  }

  // Zeichenketten-Darstellung des aktuellen Objekts liefern.
  public String toString () {
    return "(" + x + ", " + y + ")";
  }
```

```
  // Vergleich des aktuellen Objekts this (mit Typ Point)
  // mit irgendeinem anderen Objekt other (mit beliebigem
  // dynamischem Typ).
  public boolean equals (Object other) {
    // 1. Wenn other kein Point ist, kann es nicht gleich this sein.
    if (!(other instanceof Point)) return false;

    // 2. Andernfalls kann other in Point that umgewandelt werden.
    Point that = (Point)other;

    // 3. Dann können this und that inhaltlich verglichen werden.
    return this.x == that.x && this.y == that.y;
  }

  // Streuwert für das aktuelle Objekt liefern.
  public int hashCode () {
    // Für Punkte, die gemäß equals gleich sind,
    // erhält man den gleichen Streuwert.
    // return (int)(x + y);
    // Oder besser:
    return (int)x << 16 | (int)y;
  }
}
```

2.2.3 Beispiel 2: Zeichenketten

```
// (Gedachter) Ausschnitt aus der Bibliotheksklasse java.lang.String
public class String {
  private int n;          // Länge der Zeichenkette.
  private char [] s;      // Feld mit den einzelnen Zeichen.

  // Streuwert der Zeichenkette berechnen.
  public int hashCode () {
    // Die einzelnen Zeichen werden quasi als Ziffern einer
    // Zahl h mit Basis 31 interpretiert (obwohl es natürlich
    // mehr als 31 verschiedene Zeichen gibt).
    // Durch arithmetischen Überlauf, der in Java wohldefiniert
    // ist, können auch negative Werte entstehen.
    int h = 0;
    for (int i = 0; i < n; i++) {
      h = h * 31 + s[i];
    }
    return h;
  }

  ......
}
```

2.3 Einschränkung des Wertebereichs einer Streuwertfunktion

2.3.1 Grundsätzlich

- Damit ein Streuwert `h` als Index `i` in eine Tabelle (array) der Größe `N` verwendet werden kann, muss er noch auf den Wertebereich von `0` einschließlich bis `N` ausschließlich eingeschränkt werden.

2.3.2 Divisionsrestmethode

- Mathematisch:

```
i = h mod N
```

- Problem in Java, C und vielen anderen Programmiersprachen:
  - `h % N` stimmt nur für `h >= 0` (und `N > 0`) garantiert mit der mathematischen Definition von `h mod N` überein.
  - Beispielsweise ist `-14 % 3` in Java gleich `-2` (statt `1`) und liegt damit nicht im verlangten Wertebereich.

- Mögliche Lösungen:

```
i = (h >= 0 ? h : -h) % N
i = (h % N + N) % N
```

- Erfahrungsgemäß hängt die Güte der Divisionsrestmethode stark vom Wert `N` ab:
  - Wenn `N` eine Zweierpotenz 2^p ist, besteht `h mod N` aus den niedrigsten p Bits des Werts `h`, d. h. die übrigen Bits werden ignoriert, was zu schlechter Streuung führen kann.
  - Gut geeignet sind meist Primzahlen `N`, die nicht zu nahe an einer Zweierpotenz liegen.

2.3.3 Multiplikationsmethode

- Mathematisch:
  - Gegeben sei eine beliebige Konstante $A \in (0, 1)$,
    z. B. $A = \frac{\sqrt{5}-1}{2} = 0.61803399\ldots$ (vgl. Goldener Schnitt).
  - Berechne $u = h \cdot A$, $v = u \bmod 1 = u - \lfloor u \rfloor \in [0, 1)$
    und $i = \lfloor v \cdot N \rfloor \in \{0, \ldots, N-1\}$,
    d. h. multipliziere die Nachkommastellen von $h \cdot A$ mit N.
  - Erfahrungsgemäß funktioniert diese Methode mit den meisten Werten von N und A gut.
  - Laut Knuth liefert die obige Wahl von A aber besonders gute Ergebnisse.
  - Für $A = \frac{1}{N}$ erhält man gerade die Divisionsrestmethode.

- Praktische Berechnung mit Ganzzahlarithmetik:
  - Die Tabellengröße N muss hierfür eine Zweierpotenz 2^p sein.
  - Die Wortlänge des Computers sei w, d. h. ganze Zahlen bestehen aus w Bits.
  - Gegeben sei eine beliebige ganzzahlige Konstante $A' \in \left(0, 2^w\right)$ anstelle von $A \in (0, 1)$, aus der $A = \frac{A'}{2^w}$ berechnet werden könnte.
  - Berechne ganzzahlig $u' = h \cdot A'$, $v' = u' \bmod 2^w$, $i' = v' \cdot N = v' \cdot 2^p$ und $i = \frac{i'}{2^w} = \frac{v' \cdot 2^p}{2^w} = \frac{v'}{2^{w-p}} \in \{0, \ldots, N-1\}$.
  - Damit sind A', u', v' und i' jeweils um den Faktor 2^w größer als A bzw. u bzw. v bzw. i.
  - $h \cdot A'$ ist prinzipiell eine Zahl mit $2w$ Bits, von der die oberen w Bits bei der praktischen Berechnung mit Wortlänge w jedoch verlorengehen, sodass das Ergebnis dieser Berechnung tatsächlich bereits v' entspricht.
  - Die abschließende Division durch die Zweierpotenz 2^{w-p} kann effizient durch eine Bitverschiebung um $w - p$ Positionen nach rechts ausgeführt werden.
  - Damit verwendet man faktisch die obersten p Bits des Produkts $h \cdot A'$ als Index.
  - Konkret z. B. in Java mit Wortlänge $w = 32$ und `s` $= A'$:

```
i = h * s >>> 32 - p = (h * s) >>> (32 - p)
```

- Beispiel
  - Sei $N = 2^{10} = 1024$ und $A = \frac{\sqrt{5}-1}{2} = 0.61803399\ldots$
  - Dann ergibt sich für den Streuwert $h = 15341$ mit Gleitkomma-Arithmetik:

    $u = h \cdot A = 9481.25942141\ldots$

    $v = u \bmod 1 = 0.25942141\ldots$

    $i = \lfloor v \cdot N \rfloor = 265$
  - Mit 16-Bit-Ganzzahlarithmetik und $A' = A \cdot 2^{16} \approx 40503$ ergibt sich:

    $u' = h \cdot A' = 621356523 = 0010010100001001\ 0010010111101011_2$

    $v' = u' \bmod 2^{16} = 9707 = 0010010111101011_2$

    $i = \frac{v'}{2^{16-10}} = 151 = 0010010111_2$ (die obersten 10 Bit von v')
  - Aufgrund von Rundungsfehlern ergeben sich also unterschiedliche Ergebnisse, was für die Praxis jedoch kein Problem darstellt.

2.4 Behandlung von Kollisionen

- Wenn zwei verschiedene Objekte (nach der Einschränkung des Wertebereichs) den gleichen Streuwert bzw. Index besitzen, spricht man von einer *Kollision*.

- Zur Auflösung solcher Kollisionen gibt es prinzipiell zwei Möglichkeiten:

  - *Verkettung:*
    Alle Einträge mit dem gleichen Streuwert bzw. Index werden in einer verketteten Liste am gleichen Platz der Tabelle gespeichert.

  - *Offene Adressierung:*
    Wenn der Platz, in dem ein Eintrag eigentlich gespeichert werden sollte, bereits belegt ist, wird nach irgendeiner geeigneten Methode ein noch freier „Ersatzplatz“ gesucht.

- Beide Verfahren mit ihren unterschiedlichen Vor- und Nachteilen werden im folgenden genauer betrachtet.

2.5 Verkettung (chaining)

2.5.1 Grundoperationen

- Gegeben sei ein Feld *tab* der Größe N zur Speicherung verketteter Listen sowie eine Funktion h, die jedem Objekt x einen Index $i \in \{0, \ldots, N-1\}$ zuordnet.
  (Das heißt, h ist eine Streuwertfunktion mit Einschränkung des Wertebereichs.)

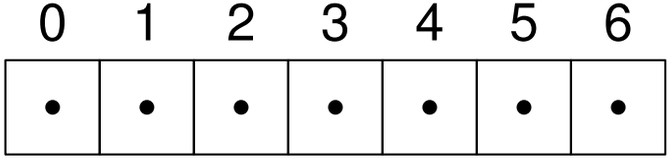
- Einfügen/Ersetzen eines Objekts x
  1. Berechne den Index $i = h(x)$
     und durchsuche die Liste $tab[i]$ nach einem Objekt x', das gleich x ist.
  2. Wenn es ein solches Objekt gibt, ersetze es durch x.
  3. Andernfalls füge x am Anfang der Liste ein.
     (Prinzipiell könnte x irgendwo in die Liste eingefügt werden,
     aber am Anfang geht es am einfachsten und schnellsten.)

- Suchen eines Objekts x
  1. Berechne den Index $i = h(x)$
     und durchsuche die Liste $tab[i]$ nach einem Objekt x', das gleich x ist.
  2. Wenn es ein solches Objekt gibt, liefere es zurück.
  3. Andernfalls liefere $\perp$.

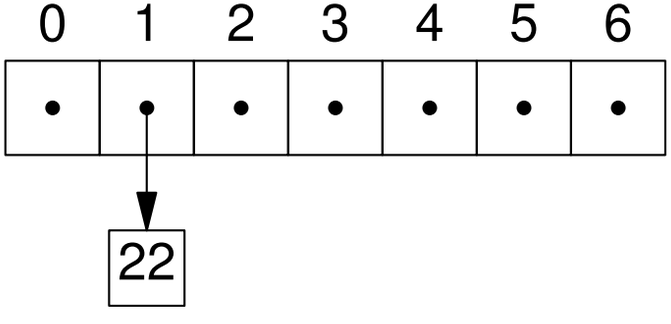
- Löschen eines Objekts x
  1. Berechne den Index $i = h(x)$
     und durchsuche die Liste $tab[i]$ nach einem Objekt x', das gleich x ist.
  2. Wenn es ein solches Objekt gibt, entferne es aus der Liste.

2.5.2 Beispiel

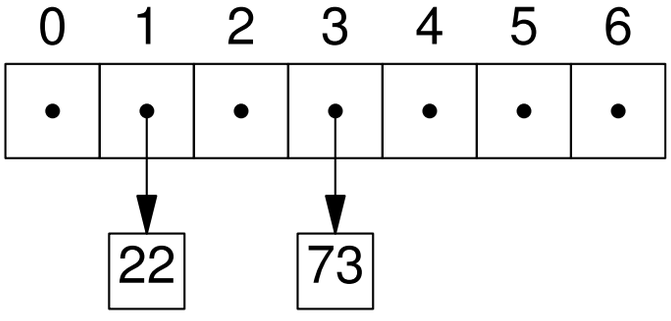
- Sei $N = 7$ und $h(x) = x \bmod 7$ (d. h. die betrachteten Objekte x sind ganze Zahlen).
- Leere Tabelle:



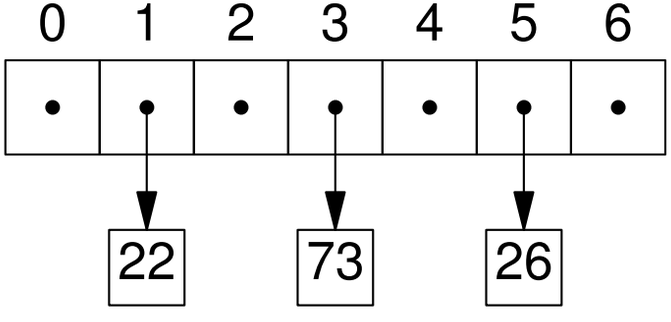
- Einfügen von $x = 22$ mit $h(x) = 22 \bmod 7 = 1$:



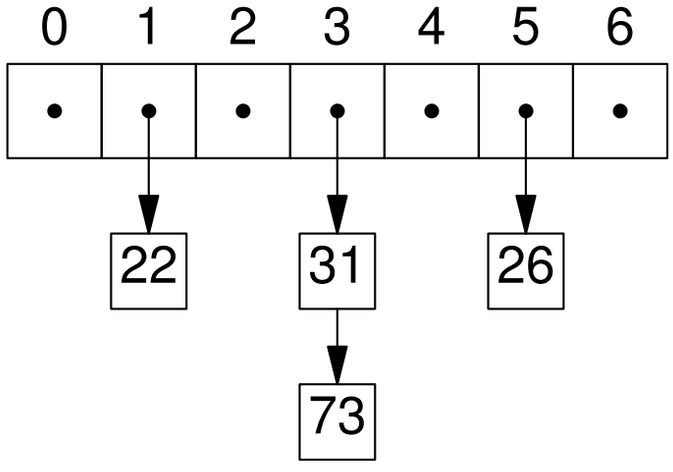
- Einfügen von $x = 73$ mit $h(x) = 73 \bmod 7 = 3$:



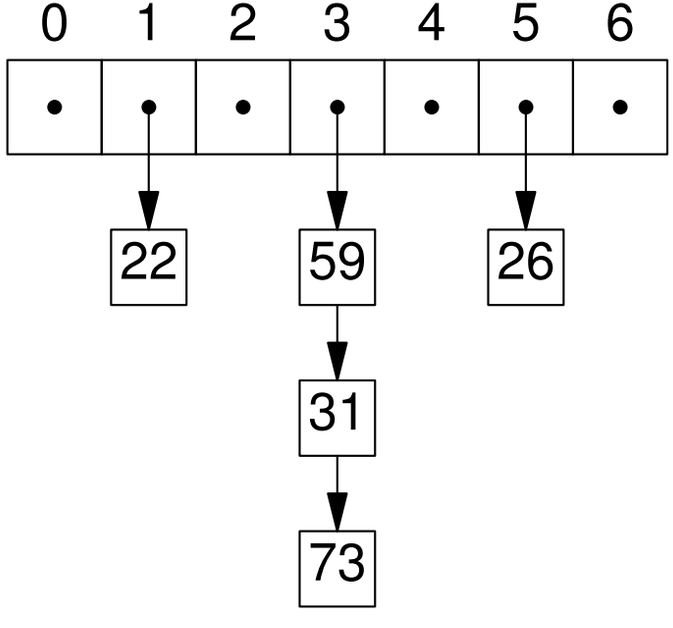
- Einfügen von $x = 26$ mit $h(x) = 26 \bmod 7 = 5$:



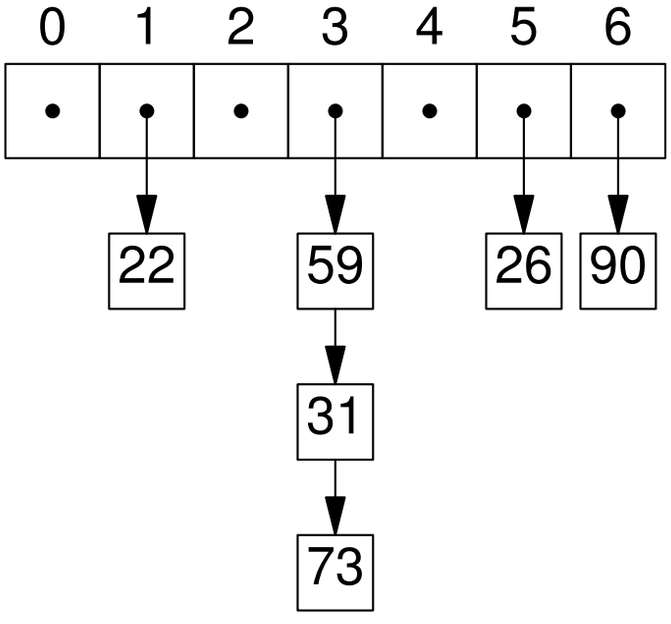
❒ Einfügen von $x = 31$ mit $h(x) = 31 \bmod 7 = 3$:



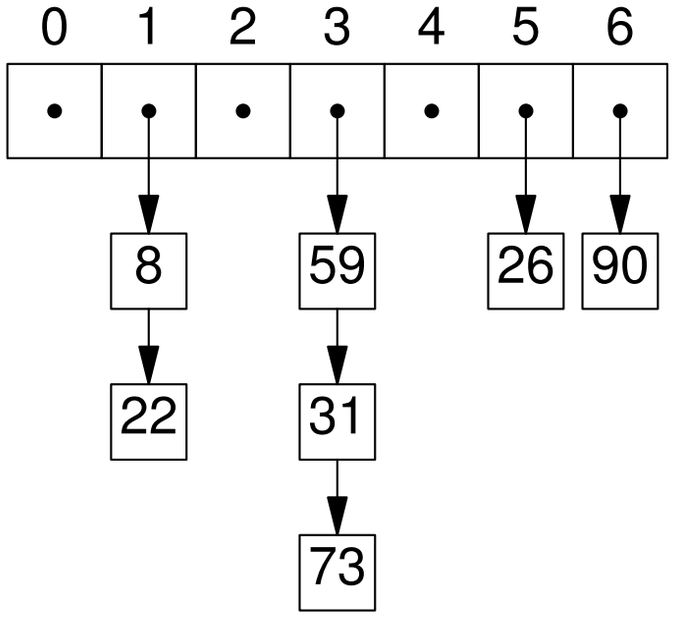
❒ Einfügen von $x = 59$ mit $h(x) = 59 \bmod 7 = 3$:



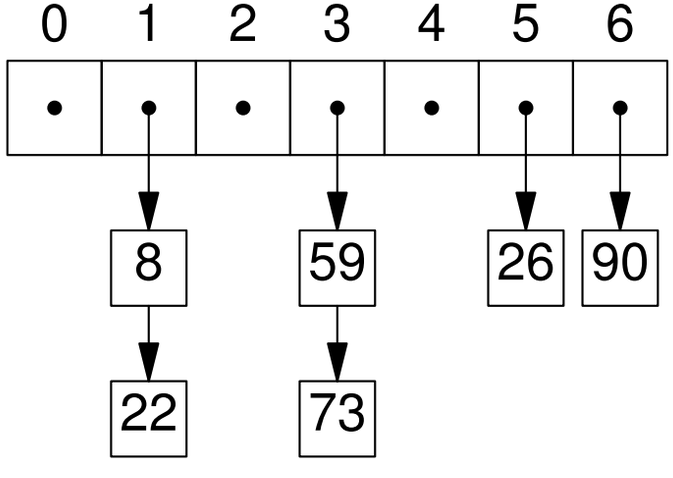
❒ Einfügen von $x = 90$ mit $h(x) = 90 \bmod 7 = 6$:



❒ Einfügen von $x = 8$ mit $h(x) = 8 \bmod 7 = 1$:



❒ Löschen von $x = 31$ mit $h(x) = 31 \bmod 7 = 3$:



2.5.3 Laufzeitanalyse

- Betrachte eine Tabelle der Größe N, die momentan m Objekte enthält, d. h. ihr *Belegungsfaktor* oder *Füllgrad* ist $\alpha = \frac{m}{N}$.

- α ist gleichzeitig die durchschnittliche Anzahl von Objekten pro Platz, d. h. die durchschnittliche Länge der gespeicherten Listen.

- Als Maß für die *Laufzeit* einer Operation (Einfügen/Ersetzen, Suchen und Löschen eines Objekts) wird die Anzahl der erforderlichen Objektvergleiche verwendet.

Schlimmster Fall

- Alle Objekte besitzen den gleichen Streuwert/Index i.

  $\rightarrow$ $tab[i]$ enthält eine Liste mit m Objekten, die übrigen Plätze sind leer.

  $\rightarrow$ Bei jeder Operation muss die Liste $tab[i]$ u. U. vollständig durchlaufen werden

  $\rightarrow$ Laufzeit jeweils $O(m)$

Idealfall

- Eine Streuwertfunktion *streut ideal*, wenn jeder Index $0, \ldots, N-1$ mit der gleichen Wahrscheinlichkeit $\frac{1}{N}$ als Funktionswert auftritt.

  (Dies wird auch als Simple-uniform-hashing-Annahme bezeichnet.)

- Anmerkungen:
  - Trotzdem ist die Wahrscheinlichkeit, dass die Listen aller Plätze exakt gleich lang sind, äußerst gering.
    (Vergleich: Wenn man sehr oft mit einem idealen Würfel würfelt, ist die Wahrscheinlichkeit, dass jede Augenzahl exakt gleich oft auftritt, auch sehr gering.)
  - Und die Wahrscheinlichkeit, dass in einer Menge von Objekten mindestens zwei den gleichen Streuwert/Index besitzen, ist relativ hoch, auch wenn m deutlich kleiner als N ist.
    Vgl. Geburtstagsparadoxon: Befinden sich in einem Raum mindestens 23 Personen, dann ist die Chance, dass zwei oder mehr dieser Personen am gleichen Tag (ohne Beachtung des Jahrganges) Geburtstag haben, größer als 50 %. (Wikipedia)

- Bei den folgenden Analysen wird eine ideal streuende Funktion vorausgesetzt.

Erfolglose Suche

Behauptung:

- Bei einer Suche nach einem Objekt x, das nicht in der Tabelle enthalten ist, werden im Durchschnitt α Objektvergleiche ausgeführt.

Anmerkung:

- „Im Durchschnitt“ bedeutet:
  Wenn diese Operation für sehr viele Objekte x und sehr viele Tabellen mit unterschiedlicher Verteilung der Objekte ausgeführt wird, dann werden im Mittel α Objektvergleiche pro Operation ausgeführt.

Beweis:

- Sei $i = h(x)$, wobei jeder Index i gleich wahrscheinlich ist.
- Die Länge der Liste $tab[i]$ ist im Durchschnitt α.
- Da x nicht in der Liste enthalten ist, muss diese komplett durchsucht werden.
- Dabei werden im Durchschnitt α Objektvergleiche ausgeführt.

Erfolgreiche Suche

Behauptung:

- Bei einer Suche nach einem Objekt x, das in der Tabelle enthalten ist, werden im Durchschnitt $1 + \frac{\alpha}{2} - \frac{1}{2N} \approx 1 + \frac{\alpha}{2}$ Objektvergleiche ausgeführt.

Beweis:

- Sei $i = h(x)$.
- Um x zu finden, müssen alle Objekte überprüft werden, die sich in der Liste $tab[i]$ vor x befinden, sowie das Objekt x selbst.
- Also hängt die Laufzeit von der Anzahl der Objekte ab, die später als x in die Tabelle bzw. in diese Liste eingefügt wurden (weil neue Objekte gemäß § 2.5.1 immer am Anfang einer Liste eingefügt werden).
- Sei x_j das j-te Objekt, das in die Tabelle eingefügt wurde ($j = 1, \ldots, m$).
- Die Anzahl der Objekte, die später als x_j in die Tabelle eingefügt wurden, beträgt $m - j$.

- Die Wahrscheinlichkeit, dass eines dieser Objekte den gleichen Streuwert besitzt wie x_j, beträgt gemäß Simple-uniform-hashing-Annahme $\frac{1}{N}$.
- Daher ist die durchschnittliche Anzahl von Objekten, die später als x_j in die gleiche Liste eingefügt wurden, gleich $\frac{m-j}{N}$.
- Somit ist die durchschnittliche Laufzeit einer Suche nach x_j gleich $1 + \frac{m-j}{N}$ ($j = 1, \ldots, m$).
- Die durchschnittliche Laufzeit einer Suche nach irgendeinem dieser Objekte x erhält man als Durchschnitt dieser Werte über alle j:

$$\frac{1}{m}\sum_{j=1}^{m}\left(1+\frac{m-j}{N}\right) = \frac{1}{m}\sum_{j=1}^{m}1 + \frac{1}{m}\sum_{j=1}^{m}\frac{m}{N} - \frac{1}{m}\sum_{j=1}^{m}\frac{j}{N} = 1 + \frac{m}{N} - \frac{1}{mN}\frac{m(m+1)}{2} =$$

$$1 + \frac{2m}{2N} - \frac{m+1}{2N} = 1 + \frac{m-1}{2N} = 1 + \frac{m}{2N} - \frac{1}{2N} = 1 + \frac{\alpha}{2} - \frac{1}{2N}$$

Einfügen und Ersetzen

- Beim Einfügen eines neuen Objekts werden genauso viele Objektvergleiche durchgeführt wie bei einer erfolglosen Suche nach diesem Objekt.

- Beim Ersetzen eines bereits vorhandenen Objekts werden genauso viele Objektvergleiche durchgeführt wie bei einer erfolgreichen Suche nach diesem Objekt.

Erfolgreiches und erfolgloses Löschen

- Beim Löschen eines vorhandenen Objekts werden genauso viele Objektvergleiche durchgeführt wie bei einer erfolgreichen Suche nach diesem Objekt.

- Beim Löschen eines nicht vorhandenen Objekts werden genauso viele Objektvergleiche durchgeführt wie bei einer erfolglosen Suche nach diesem Objekt.

2.6 Offene Adressierung (open addressing)

2.6.1 Grundoperationen

- Gegeben sei ein Feld *tab* der Größe N zur Speicherung von Objekten sowie eine *Sondierungsfunktion* s, die jedem Objekt x eine Permutation $(s_0(x), \ldots, s_{N-1}(x))$ der Indexwerte $0, \ldots, N-1$ zuordnet.

- Hilfsoperation: Suchen des Platzes eines Objekts x
  1. Für $j = 0, \ldots, N-1$:
     1. Berechne den Index $i = s_j(x)$.
     2. Wenn $tab[i]$ leer ist, liefere „nicht vorhanden“ und entweder den gemerkten Index (falls es bereits einen gibt) oder (andernfalls) den Index i zurück.
     3. Wenn $tab[i]$ eine Löschmarkierung (siehe unten) enthält und bis jetzt noch kein Index gemerkt wurde, merke den Index i.
     4. Wenn $tab[i]$ ein Objekt gleich x enthält, liefere „vorhanden“ und den Index i zurück.
  2. Wenn während der Schleife ein Index gemerkt wurde, liefere „nicht vorhanden“ und diesen Index zurück.
  3. Andernfalls liefere „Tabelle voll“ zurück.

- Einfügen/Ersetzen eines Objekts x
  1. Führe die obige Hilfsoperation aus.
  2. Wenn sie einen Index i zurückliefert, speichere x in $tab[i]$.
  3. Andernfalls signalisiere einen Fehler (Tabelle voll).

- Suchen eines Objekts x
  1. Führe die obige Hilfsoperation aus.
  2. Wenn sie „vorhanden“ und einen Index i zurückliefert, liefere das Objekt $tab[i]$ zurück.
  3. Andernfalls liefere $\perp$.

- Löschen eines Objekts x
  1. Führe die obige Hilfsoperation aus.
  2. Wenn sie „vorhanden“ und einen Index i zurückliefert, schreibe eine Löschmarkierung in $tab[i]$.

2.6.2 Anmerkungen

- Anders als bei Verkettung, wo eine Tabelle prinzipiell beliebig viele Objekte aufnehmen kann, ist die Kapazität bei offener Adressierung durch die Tabellengröße N beschränkt.

- Daraus folgt, dass der Belegungsfaktor bei offener Adressierung nicht größer als 1 sein kann.

- Je voller die Tabelle ist, desto mehr Sondierungsschritte sind im Durchschnitt nötig, um noch einen freien Platz zur Speicherung eines Objekts zu finden.

- Löschmarkierungen werden gebraucht, damit ein Platz beim Einfügen wie ein leerer Platz, beim Suchen aber wie ein belegter Platz behandelt wird.

2.6.3 Lineare Sondierung (linear probing)

- Gegeben sei eine Tabelle der Größe N sowie eine Streuwertfunktion h.

- Definiere $s_j(x) = (h(x) + j) \bmod N$ für $j = 0, \ldots, N-1$,
  d. h. die Sondierungssequenz $s(x)$ eines Objekts x beginnt mit seinem Streuwert $h(x)$ (eingeschränkt auf den Wertebereich $\{0, \ldots, N-1\}$)
  und durchläuft dann der Reihe nach alle weiteren Plätze der Tabelle.

- Problem der direkten Verstopfung (primary clustering problem):
  - Wenn zwei oder mehr Objekte den gleichen Streuwert i besitzen (was auch bei idealer Verteilung der Streuwerte relativ häufig auftritt, vgl. § 2.5.3), entsteht an dieser Stelle der Tabelle ein „Klumpen“ (cluster) von Objekten.
  - Jedes weitere Objekt, dessen Streuwert in diesem Klumpen liegt, vergrößert diesen, selbst wenn sein Streuwert verschieden von i ist.
  - Je größer ein derartiger Klumpen ist, desto höher ist die Laufzeit aller Operationen für die betroffenen Objekte.

- Beispiel: $N = 16$, $h(x) = x$
  Einfügen von 0, 16, 32, 48, 64, 80, 1, 2, 3, 4, 5, 6

2.6.4 Quadratische Sondierung (quadratic probing)

- Gegeben sei eine Tabelle der Größe N sowie eine Streuwertfunktion h.

- Definiere $s_j(x) = \left(h(x) + \frac{j + j^2}{2} \right) \bmod N$ für $j = 0, \ldots, N-1$,

  d. h. die Sondierungssequenz $s(x)$ eines Objekts x beginnt wieder mit seinem Streuwert $h(x)$ (eingeschränkt auf den Wertebereich $\{0, \ldots, N-1\}$) und durchläuft dann der Reihe nach die Plätze mit Abstand 1, 3, 6, 10, ... von diesem Anfangsplatz.

- Praktische Berechnung:

$$s_j(x) = \left(h(x) + \frac{j + j^2}{2} \right) \bmod N = \left(h(x) + \frac{j\,(j+1)}{2} \right) \bmod N = \left(h(x) + \sum_{k=1}^{j} k \right) \bmod N =$$

$$= \begin{cases} h(x) \bmod N & \text{für } j = 0 \\ \left(h(x) + \sum_{k=1}^{j-1} k + j \right) \bmod N = \left(s_{j-1}(x) + j \right) \bmod N & \text{für } j = 1, \ldots, N-1 \end{cases}$$

- Zu zeigen:
  Die Sondierungssequenz $(s_0(x), \ldots, s_{N-1}(x))$ ist für geeignete Werte von N tatsächlich eine Permutation der Indexwerte $0, \ldots, N-1$, d. h. jeder Indexwert tritt in der Sequenz genau einmal auf.

- Beweis für Zweierpotenzen $N = 2^p$ mit $p \in \mathbb{N}_0$:
  - Zu zeigen: Für alle $j, k \in \{0, \ldots, N-1\}$ mit $j \neq k$ gilt: $s_j(x) \neq s_k(x)$.
  - Annahme: Es gibt $j, k \in \{0, \ldots, N-1\}$ mit $j \neq k$ (o. B. d. A. $j < k$), für die gilt: $s_j(x) = s_k(x)$.
  - Das heißt:

$$h(x) + \frac{j + j^2}{2} \equiv h(x) + \frac{k + k^2}{2} \pmod{N}$$

$$\Leftrightarrow \frac{j + j^2}{2} \equiv \frac{k + k^2}{2} \pmod{N}$$

$$\Leftrightarrow \frac{k + k^2}{2} - \frac{j + j^2}{2} = c\,N = c\,2^p \text{ für ein } c \in \mathbb{N}$$

$$\Leftrightarrow c\,2^{p+1} = k + k^2 - j - j^2 = (k - j)(k + j + 1)$$

$$\Leftrightarrow (k - j)(k + j + 1) \text{ ist durch } 2^{p+1} \text{ teilbar}$$

- Fallunterscheidung:
  - Wenn k und j entweder beide gerade oder beide ungerade sind, ist der Faktor $k + j + 1$ ungerade und somit nicht durch 2 teilbar. Also muss der andere Faktor $k - j$ durch 2^{p+1} teilbar sein. Wegen $j < k$ sowie $k \leq N - 1$ und $j \geq 0$ gilt jedoch: $0 < k - j \leq (N - 1) - 0 = N - 1 = 2^p - 1 < 2^{p+1}$, also kann $k - j$ nicht durch 2^{p+1} teilbar sein.
  - Wenn k gerade und j ungerade ist oder umgekehrt, ist der Faktor $k - j$ ungerade und somit nicht durch 2 teilbar. Also muss der andere Faktor $k + j + 1$ durch 2^{p+1} teilbar sein. Wegen $0 \leq k \leq N - 1$ und $0 \leq j \leq N - 1$ gilt jedoch: $0 < k + j + 1 \leq (N - 1) + (N - 1) + 1 = 2N - 1 = 2^{p+1} - 1 < 2^{p+1}$, also kann $k + j + 1$ nicht durch 2^{p+1} teilbar sein.
- Da alle möglichen Fälle zum Widerspruch führen, muss die obige Annahme falsch und damit die Behauptung richtig sein.

- Quadratische Sondierung vermeidet das Problem der direkten Verstopfung:
  - Wenn zwei oder mehr Objekte den gleichen Streuwert i besitzen, werden sie in den Plätzen i, $i+1$, $i+3$, $i+6$, ... (mod N) gespeichert, d. h. die Plätze $i+2$, $i+4$, $i+5$, ... (mod N) bleiben frei, womit die „Verstopfung“ der gesamten Nachbarschaft des Platzes i vermieden wird.
  - Somit können Objekte mit diesen Streuwerten normalerweise direkt in diesen Plätzen gespeichert werden (sofern sie nicht bereits durch andere Objekte mit gleichem Streuwert belegt sind).
  - Objekte mit Streuwerten $i+1$, $i+3$, $i+6$, ... (mod N) können normalerweise in den direkten Nachbarplätzen $i+2$, $i+4$, $i+7$, ... (mod N) gespeichert werden.
- Problem der indirekten Verstopfung (secondary clustering problem):
  - Trotzdem führen viele Objekte mit gleichem Streuwert i nach wie vor zur Bildung einer „Kette“ i, $i+1$, $i+3$, $i+6$, ... (mod N), die bei Operationen für diese Objekte jedesmal ganz oder teilweise durchlaufen werden muss.
- Beispiel: $N = 16$, $h(x) = x$
  Einfügen von 0, 16, 32, 48, 64, 80, 1, 2, 3, 4, 5, 6
  (vgl. § 2.6.3)

2.6.5 Doppelte Streuung (double hashing)

- Gegeben sei eine Tabelle der Größe N sowie zwei Streuwertfunktionen h_1 und h_2.
- Definiere $s_j(x) = (h_1(x) + j\,h_2(x)) \bmod N$ für $j = 0, \ldots, N-1$,
  d. h. die Sondierungssequenz $s(x)$ eines Objekts x beginnt mit dem Streuwert $h_1(x)$ (eingeschränkt auf den Wertebereich $\{0, \ldots, N-1\}$) und durchläuft dann der Reihe nach die Plätze mit Abstand $h_2(x)$, $2\,h_2(x)$, $3\,h_2(x)$, ... von diesem Anfangsplatz.
- Damit ist doppelte Streuung ähnlich zu linearer Sondierung, aber mit einer „Schrittweite“, die vom Objekt x abhängt.
- Damit werden normalerweise beide Verstopfungs-Probleme vermieden:
  - Wenn zwei oder mehr Objekte den gleichen h_1-Streuwert i besitzen, besitzen sie in der Regel unterschiedliche h_2-Streuwerte und somit auch unterschiedliche Sondierungssequenzen.
  - Somit entsteht an der Stelle i normalerweise weder ein Klumpen noch eine Kette.
- Beispiel: $N = 16$, $h_1(x) = x$, $h_2(x) = x \bmod 15 + 1 - x \bmod 15 \bmod 2$
  Einfügen von 0, 16, 32, 48, 64, 80, 1, 2, 3, 4, 5, 6
  (vgl. § 2.6.3 und § 2.6.4)

- Zu zeigen:
  Die Sondierungssequenz $(s_0(x), \ldots, s_{N-1}(x))$ ist unter geeigneten Bedingungen tatsächlich eine Permutation der Indexwerte $0, \ldots, N-1$, d. h. jeder Indexwert tritt in der Sequenz genau einmal auf.

- Beweis für den Fall, dass $h_2(x)$ und N für alle Objekte x teilerfremd sind:
  - Zu zeigen: Für alle $j, k \in \{0, \ldots, N-1\}$ mit $j \neq k$ gilt: $s_j(x) \neq s_k(x)$.
  - Annahme: Es gibt $j, k \in \{0, \ldots, N-1\}$ mit $j \neq k$, für die gilt: $s_j(x) = s_k(x)$.
  - Das heißt:
    $h_1(x) + j\,h_2(x) \equiv h_1(x) + k\,h_2(x) \pmod{N}$
    $\Leftrightarrow j\,h_2(x) \equiv k\,h_2(x) \pmod{N}$
    $\Leftrightarrow j \equiv k \pmod{N}$ (da $h_2(x)$ und N teilerfremd sind und $h_2(x)$ deshalb ein multiplikatives Inverses modulo N besitzt)
    $\Leftrightarrow j = k$ (da $j, k \in \{0, \ldots, N-1\}$)
  - Widerspruch!

- Anmerkung:
  Damit $h_2(x)$ und N teilerfremd sind, darf $h_2(x)$ insbesondere nicht 0 sein.

- Praktische Realisierungsmöglichkeit 1:
  - Die Tabellengröße N ist eine Zweierpotenz 2^p mit $p \in \mathbb{N}_0$.
  - Die Streuwertfunktion h_2 liefert nur ungerade Zahlen.
  - Dann sind $h_2(x)$ und N für alle Objekte x teilerfremd.

- Beispiel:
  - $N = 2^{10} = 1024$
  - $h_1(x) = x$
  - $h_2(x) = 2\,x + 1$

- Für $x = 123456$ ergibt sich zum Beispiel:
  - $h_1(x) = 123456 \equiv 576 \pmod{1024}$
  - $h_2(x) = 2 \cdot 123456 + 1 = 246913 \equiv 129 \pmod{1024}$
  - $s_j(x) = (123456 + j \cdot 246913) \bmod 1024 = (576 + j \cdot 129) \bmod 1024$ für $j = 0, \ldots, 1023$

- Praktische Realisierungsmöglichkeit 2:
  - Die Tabellengröße N ist eine Primzahl.
  - Die Zahl N' ist „etwas kleiner“ als N, z. B. $N' = N - 1$.
  - $h_1(x) = x$
  - $h_2(x) = x \bmod N' + 1$
  - Wegen $x \bmod N' \in \{0, \ldots, N' - 1\}$ und $N' \leq N - 1$ ist $h_2(x) \in \{1, \ldots, N'\} \subseteq \{1, \ldots, N - 1\}$.
  - Da N eine Primzahl ist, sind somit alle Werte von $h_2(x)$ teilerfremd zu N.
- Beispiel:
  - $N = 701$, $N' = 700$
- Für $x = 123456$ ergibt sich zum Beispiel:
  - $h_1(x) = 123456 \equiv 80 \pmod{701}$
  - $h_2(x) = 123456 \bmod 700 + 1 = 257$
  - $s_j(x) = (123456 + j \cdot 257) \bmod 701 = (80 + j \cdot 257) \bmod 701$ für $j = 0, \ldots, 700$

2.6.6 Laufzeitanalyse

Idealfall

- Eine Sondierungsfunktion *streut ideal*, wenn jede Permutation der Indexwerte $\{0, \ldots, N-1\}$ mit der gleichen Wahrscheinlichkeit $\frac{1}{N!}$ als Funktionswert auftritt.
  (Dies wird auch als Uniform-hashing-Annahme bezeichnet.)

- Bei linearer und quadratischer Sondierung liefert die Sondierungsfunktion maximal N verschiedene Permutationen, die jeweils mit Wahrscheinlichkeit $\frac{1}{N}$ auftreten, sofern die zugrundeliegende Streuwertfunktion ideal streut.

- Bei doppelter Streuung liefert die Sondierungsfunktion maximal $N(N-1)$ verschiedene Permutationen, d. h. auch hier ist man theoretisch weit von einer idealen Streuung entfernt.
  Trotzdem funktioniert doppelte Streuung erfahrungsgemäß sehr gut.

- Bei den folgenden Analysen wird eine ideal streuende Sondierungsfunktion vorausgesetzt, obwohl diese Annahme in der Praxis nicht wirklich zutreffend ist.

- Außerdem wird wieder eine Tabelle der Größe N betrachtet, die momentan m Objekte enthält, d. h. $\alpha = \frac{m}{N}$.

Erfolglose Suche

Behauptung

- Bei einer Suche nach einem Objekt x, das nicht in der Tabelle enthalten ist, werden im Durchschnitt höchstens $\frac{\alpha}{1-\alpha}$ Objektvergleiche ausgeführt.

Anmerkungen

- Die Behauptung ist nur für $\alpha < 1$ sinnvoll.
- Die Formulierung „höchstens“ bedeutet nicht, dass sich die Aussage auf den schlimmsten Fall bezieht, sondern dass die *durchschnittliche* Anzahl der Objektvergleiche auf jeden Fall nicht größer als $\frac{\alpha}{1-\alpha}$ ist.

Beweis

- Bei der Suche nach dem Objekt x werden so lange Objekte aus der Tabelle mit x verglichen, bis man auf einen leeren Platz trifft.
  (Wegen $\alpha < 1$ gibt es mindestens einen leeren Platz.)
- Beim ersten Sondierungsversuch sind von insgesamt N Plätzen m Plätze belegt.

- Beim zweiten Sondierungsversuch (der nur ausgeführt wird, wenn der Platz beim ersten Versuch belegt ist) sind von insgesamt $N-1$ verbleibenden Plätzen $m-1$ belegt.

- Beim dritten Sondierungsversuch (der nur ausgeführt wird, wenn die Plätze beim ersten und zweiten Versuch belegt sind) sind von insgesamt $N-2$ verbleibenden Plätzen $m-2$ belegt.

- Usw.

- Beim j-ten Sondierungsversuch (der nur ausgeführt wird, wenn die Plätze bei allen vorhergehenden Versuchen belegt sind) sind von insgesamt $N-j+1$ verbleibenden Plätzen $m-j+1$ belegt.

- Daraus folgt: Die Wahrscheinlichkeit $\mathrm{P}(V \geq j)$, dass die Anzahl V der Objektvergleiche mindestens j ist, d. h. dass die Plätze der ersten j Sondierungsversuche belegt sind, beträgt für $j = 1, \ldots, m$:

  $$\mathrm{P}(V \geq j) = \frac{m}{N} \cdot \frac{m-1}{N-1} \cdot \frac{m-2}{N-2} \cdots \frac{m-j+1}{N-j+1} \leq \left(\frac{m}{N}\right)^j = \alpha^j$$

  (Beachte: Für $0 \leq k \leq m < N$ gilt $\frac{m-k}{N-k} \leq \frac{m}{N}$.
  Aufgrund der Uniform-hashing-Annahme hängt der Ausgang eines Sondierungsversuchs nicht von den vorhergehenden Versuchen ab.)

- Für $j > m$ gilt offensichtlich („unmögliches Ereignis“): $\mathrm{P}(V \geq j) = 0 \leq \alpha^j$
- Somit gilt für alle $j = 1, 2, \ldots$: $\mathrm{P}(V \geq j) \leq \alpha^j$
- Für die Wahrscheinlichkeit $\mathrm{P}(V = j)$, dass die Anzahl V der Objektvergleiche gleich j ist, gilt offensichtlich: $\mathrm{P}(V = j) = \mathrm{P}(V \geq j) - \mathrm{P}(V \geq j + 1)$
- Für die durchschnittliche Anzahl $\mathrm{E}(V)$ der Objektvergleiche („Erwartungswert von V“) gilt:

$$\mathrm{E}(V) = \sum_{j=1}^{\infty} j \cdot \mathrm{P}(V = j) = \sum_{j=1}^{\infty} j \cdot (\mathrm{P}(V \geq j) - \mathrm{P}(V \geq j + 1)) =$$

$$\sum_{j=1}^{\infty} j \cdot \mathrm{P}(V \geq j) - \sum_{j=1}^{\infty} j \cdot \mathrm{P}(V \geq j + 1) = \sum_{j=1}^{\infty} j \cdot \mathrm{P}(V \geq j) - \sum_{j=2}^{\infty} (j - 1) \cdot \mathrm{P}(V \geq j) =$$

$$1 \cdot \mathrm{P}(V \geq 1) + \sum_{j=2}^{\infty} (j - (j - 1)) \cdot \mathrm{P}(V \geq j) = \mathrm{P}(V \geq 1) + \sum_{j=2}^{\infty} \mathrm{P}(V \geq j) = \sum_{j=1}^{\infty} \mathrm{P}(V \geq j) \leq$$

$$\sum_{j=1}^{\infty} \alpha^j = \frac{\alpha}{1 - \alpha}$$

Einfügen

- Beim Einfügen eines neuen Objekts wird die gleiche Folge von Sondierungsversuchen durchlaufen und damit auch die gleiche Anzahl von Objektvergleichen ausgeführt wie bei einer erfolglosen Suche nach diesem Objekt.

- Deshalb beträgt die durchschnittliche Anzahl von Objektvergleichen bei einer solchen Operation ebenfalls höchstens $\frac{\alpha}{1-\alpha}$.

Erfolgreiche Suche

Behauptung

- Bei einer Suche nach einem Objekt x, das in der Tabelle enthalten ist, werden im Durchschnitt höchstens $\frac{1}{\alpha} \ln \frac{1}{1-\alpha}$ Objektvergleiche ausgeführt.

Beweis

- Bei der Suche nach dem Objekt x wird wiederum die gleiche Folge von Sondierungsversuchen durchlaufen wie beim Einfügen dieses Objekts.
  Allerdings findet man beim letzten Sondierungsversuch keinen leeren Platz, sondern das gesuchte Objekt x, sodass ein Objektvergleich mehr ausgeführt wird.

- Wenn x das $(j+1)$-te eingefügte Objekt ist ($j = 0, \ldots, m-1$), war der Belegungsfaktor α zum Zeitpunkt seiner Einfügung gleich $\frac{j}{N}$.

- Somit wurden bei dieser Einfügung höchstens $\frac{\frac{j}{N}}{1-\frac{j}{N}} = \frac{j}{N-j}$ Objektvergleiche ausgeführt.

- Also werden bei einer Suche nach diesem Objekt höchstens $\frac{j}{N-j} + 1 = \frac{N}{N-j}$ Objektvergleiche ausgeführt.

- Der Durchschnittswert über alle bis jetzt eingefügten Objekte beträgt:

$$\frac{1}{m}\sum_{j=0}^{m-1}\frac{N}{N-j} = \frac{N}{m}\sum_{j=0}^{m-1}\frac{1}{N-j} = \frac{1}{\alpha}\sum_{k=N-m+1}^{N}\frac{1}{k} \leq \frac{1}{\alpha}\int_{N-m}^{N}\frac{1}{x}\,\mathrm{d}x = \frac{1}{\alpha}\Big[\ln x\Big]_{N-m}^{N} =$$

$$\frac{1}{\alpha}\left(\ln N - \ln(N-m)\right) = \frac{1}{\alpha}\ln\frac{N}{N-m} = \frac{1}{\alpha}\ln\frac{1}{1-\frac{m}{N}} = \frac{1}{\alpha}\ln\frac{1}{1-\alpha}$$

(Für die Abschätzung wird das aus der Analysis bekannte Integralkriterium verwendet.)

Ersetzen

- Beim Ersetzen eines bereits vorhandenen Objekts werden genauso viele Objektvergleiche durchgeführt wie bei einer erfolgreichen Suche nach diesem Objekt, d. h. höchstens $\frac{1}{\alpha} \ln \frac{1}{1-\alpha}$.

Erfolgreiches und erfolgloses Löschen

- Beim Löschen eines vorhandenen Objekts werden genauso viele Objektvergleiche durchgeführt wie bei einer erfolgreichen Suche nach diesem Objekt.

- Beim Löschen eines nicht vorhandenen Objekts werden genauso viele Objektvergleiche durchgeführt wie bei einer erfolglosen Suche nach diesem Objekt.

2.7 Laufzeitvergleich

- Die folgende Tabelle zeigt die durchschnittliche Anzahl von Objektvergleichen bei einer erfolglosen bzw. erfolgreichen Suche in Abhängigkeit vom Belegungsfaktor α bei Verwendung von Verkettung bzw. offener Adressierung, jeweils unter der entsprechenden Uniform-hashing-Annahme.

- Bei den Formeln für offene Adressierung handelt es sich jedoch um Abschätzungen nach oben, d. h. die tatsächlichen Zahlenwerte sind u. U. deutlich kleiner.

α	Verkettung		Offene Adressierung	
	erfolglos	erfolgreich	erfolglos	erfolgreich
	α	$1 + \frac{\alpha}{2}$	$\frac{\alpha}{1-\alpha}$	$\frac{1}{\alpha} \ln \frac{1}{1-\alpha}$
0.1	0.1	1.05	0.11111	1.05361
0.2	0.2	1.1	0.25	1.11572
0.5	0.5	1.25	1	1.38629
0.75	0.75	1.375	3	1.84839
0.9	0.9	1.45	9	2.55843
0.95	0.95	1.475	19	3.15340

2.8 Vergrößern und Verkleinern von Streuwerttabellen

2.8.1 Arithmetische Vergrößerung von Feldern

- Gegeben sei ein Feld mit Anfangsgröße $N_1 = N$, das sukzessive gefüllt wird.
- Wenn es voll ist, wird es um N Elemente auf $N_2 = 2\,N$ „vergrößert“, indem ein neues Feld der Größe N_2 beschafft und die bereits vorhandenen N_1 Elemente umkopiert werden.
- Wenn dieses Feld wieder voll ist, wird es erneut um N Elemente auf $N_3 = 3\,N$ vergrößert, wobei die jetzt vorhandenen N_2 Elemente umkopiert werden müssen.
- Usw.
- Unmittelbar vor der k-ten Vergrößerung besitzt das Feld die Größe $N_k = k\,N$, und es mussten insgesamt $N_1 + \ldots + N_{k-1} = \sum_{j=1}^{k-1} N_j = \sum_{j=1}^{k-1} j\,N = \frac{k\,(k-1)}{2}\,N$ Elemente kopiert werden.

- Verteilt man diesen Gesamtkopieraufwand gleichmäßig auf die $k\,N$ Elemente, ergibt sich als *amortisierter Aufwand* für das Hinzufügen eines einzelnen Elements

$$\frac{\frac{k\,(k-1)}{2}\,N}{k\,N} = \frac{k-1}{2}\,,$$

d. h. dieser Aufwand wird umso größer, je öfter das Feld vergrößert wird.

2.8.2 Geometrische Vergrößerung von Feldern

- Gegeben sei ein Feld mit Anfangsgröße $N_0 = N$, das sukzessive gefüllt wird.
- Wenn es voll ist, wird es um den Faktor q auf $N_1 = q\,N$ vergrößert, wobei die bereits vorhandenen N_0 Elemente umkopiert werden müssen.
- Wenn es wieder voll ist, wird es erneut um den Faktor q auf $N_2 = q^2\,N$ vergrößert, wobei die jetzt vorhandenen N_1 Elemente umkopiert werden müssen.
- Usw.
- Unmittelbar vor der $(k+1)$-ten Vergrößerung besitzt das Feld die Größe $N_k = q^k\,N$, und es mussten insgesamt

  $$N_0 + \ldots + N_{k-1} = \sum_{j=0}^{k-1} N_j = \sum_{j=0}^{k-1} q^j\,N = N \sum_{j=0}^{k-1} q^j = N\,\frac{q^k - 1}{q-1} < N\,\frac{q^k}{q-1}$$

  Elemente kopiert werden.

- Verteilt man diesen Gesamtkopieraufwand wieder gleichmäßig auf die $q^k N$ Elemente, ergibt sich als amortisierter Aufwand für das Hinzufügen eines einzelnen Elements weniger als $\frac{N \frac{q^k}{q-1}}{q^k N} = \frac{1}{q-1}$,

  d. h. dieser Aufwand bleibt unabhängig von der Anzahl der Vergrößerungen konstant. (Der Kopieraufwand für eine einzelne Vergrößerung wird natürlich trotzdem jedesmal größer.)

2.8.3 Einfaches Vergrößern und Verkleinern von Streuwerttabellen

- Wenn der Belegungsfaktor einer Streuwerttabelle einen bestimmten kritischen Wert (typischerweise etwa 3/4, vgl. die Zahlenwerte in § 2.7) überschreitet, ist es ratsam, die Tabelle zu vergrößern.
- Aufgrund der vorangegangenen Überlegungen in § 2.8.1 und § 2.8.2 ist eine (in etwa) geometrische Vergrößerung sinnvoll (ggf. unter Beachtung der Kriterien für „gute“ Tabellengrößen in § 2.3).
- Dabei muss auch die Streuwertfunktion an die neue Tabellengröße angepasst werden.
- Beim Umkopieren der vorhandenen Objekte muss ihr Platz in der neuen Tabelle jeweils mit der neuen Streuwertfunktion berechnet werden, was den Aufwand für das Vergrößern nochmals erhöht.
- Wenn der Belegungsfaktor kleiner als ein bestimmter Wert wird, kann entsprechend auch eine Verkleinerung der Tabelle sinnvoll sein, um Speicherplatz zu sparen.
- Dabei ist jedoch darauf zu achten, dass die verkleinerte Tabelle wieder ausreichend Platz für neue Objekte besitzt, bevor sie erneut vergrößert werden muss, um ein ständiges Pendeln zwischen Vergrößern und Verkleinern auch unter ungünstigen Bedingungen zu vermeiden.

2.8.4 Inkrementelles Vergrößern und Verkleinern von Streuwerttabellen

- Obwohl der amortisierte Aufwand jeder Einfügeoperation bei geometrischer Vergrößerung konstant ist, ist der tatsächliche Aufwand derjenigen Einfügeoperation, die zu einer Vergrößerung der Tabelle führt, proportional zur momentanen Tabellengröße und damit potentiell sehr hoch.

- Dies kann insbesondere für interaktive und Echtzeitanwendungen problematisch sein.

- Beim inkrementellen Vergrößern wird die alte (kleine) Tabelle zunächst aufbewahrt und das aufwendige Umkopieren der Objekte schrittweise ausgeführt:
  - Neue Objekte werden mit der neuen Streuwertfunktion in die neue (vergrößerte) Tabelle eingefügt.
  - Bei jeder solchen Einfügung werden außerdem ein paar weitere Objekte von der alten in die neue Tabelle umkopiert.
  - Wenn alle Objekte umkopiert wurden, kann die alte Tabelle freigegeben werden.
  - Um ein Objekt zu suchen oder zu löschen, muss es ggf. in der alten und in der neuen Tabelle (jeweils mit der zugehörigen Streuwertfunktion) gesucht werden.

- Um sicherzustellen, dass alle Objekte umkopiert wurden, bevor die (neue) Tabelle erneut vergrößert werden muss, muss die Anzahl der umkopierten Objekte pro Einfügeoperation geeignet gewählt werden.

- Zum Beispiel: Wenn die Tabellengröße bei jeder Vergrößerung verdoppelt wird, muss bei jeder Einfügeoperation mindestens ein weiteres Objekt umkopiert werden.

2.9 Ausblick

- (Minimale) perfekte Streuwertfunktionen
- Kryptographische Streuwertfunktionen

3 Vorrangwarteschlangen (priority queues)

3.1 Einleitung

- Eine *Maximum-Vorrangwarteschlange* ist eine Datenstruktur, die folgende Operationen möglichst effizient unterstützt:
  - Einfügen eines Objekts mit einer bestimmten Priorität
  - Auslesen und ggf. Entnehmen eines Objekts mit maximaler Priorität
  - Nachträgliches Ändern der Priorität eines Objekts
  - Entfernen eines Objekts
  - Eventuell zusätzlich: Vereinigen zweier Warteschlangen
- Eine *Minimum-Vorrangwarteschlange* unterstützt entsprechend das Auslesen und ggf. Entnehmen eines Objekts mit minimaler statt maximaler Priorität.
- Anwendungsbeispiele:
  - Prozess-Disponent (scheduler) eines Betriebssystems
  - Huffman-Kodierung (vgl. § 4.3)
  - Bestimmte Graphalgorithmen (vgl. § 5.5.3 und § 5.6.5)

3.2 Binäre Halden (binary heaps)

3.2.1 Interpretation eines Felds als Binärbaum

- Element $1 = 1_2$: Wurzelknoten
- Element $2 = 10_2 = 2 \cdot 1 + 0$: Linker Nachfolger des Wurzelknotens
- Element $3 = 11_2 = 2 \cdot 1 + 1$: Rechter Nachfolger des Wurzelknotens
- Element $4 = 100_2 = 2 \cdot 2 + 0$:
  Linker Nachfolger des linken Nachfolgers des Wurzelknotens
- Element $5 = 101_2 = 2 \cdot 2 + 1$:
  Rechter Nachfolger des linken Nachfolgers des Wurzelknotens
- Element $6 = 110_2 = 2 \cdot 3 + 0$:
  Linker Nachfolger des rechten Nachfolgers des Wurzelknotens
- Element $7 = 111_2 = 2 \cdot 3 + 1$:
  Rechter Nachfolger des rechten Nachfolgers des Wurzelknotens
- Usw.

Allgemein

- Zu einem Element i ist
  - Element $2i + 0$ sein linker Nachfolger (falls $2i + 0 \leq m$)
  - Element $2i + 1$ sein rechter Nachfolger (falls $2i + 1 \leq m$)
  - Element $\left\lfloor \frac{i}{2} \right\rfloor$ sein Vorgänger (falls $i > 1$)
- Dabei bezeichnet m die Gesamtzahl der Elemente des Baums, die auch kleiner als die Größe N des Felds sein kann.
- Ebene l ($l = 0, 1, \ldots$) enthält die Elemente 2^l einschließlich bis 2^{l+1} ausschließlich (jedoch bis maximal m einschließlich).
- Damit befindet sich Element i auf Ebene $\lfloor \log_2 i \rfloor$.

Anmerkungen

- Die Multiplikation $2i$ ist effizient als Verschiebung des Bitmusters von i um eine Position nach links (`i << 1` in C, Java, ...) berechenbar.
- Die ganzzahlige Division $\left\lfloor \frac{i}{2} \right\rfloor$ ist effizient als Verschiebung des Bitmusters von i um eine Position nach rechts (`i >> 1` in C, Java, ...) berechenbar.

3.2.2 Minimum- und Maximum-Halden

- Definition:
  Ein Baum erfüllt die *Maximum-Bedingung*, wenn jeder seiner Knoten außer der Wurzel höchstens so groß wie sein Vorgänger ist.

- Folgerung:
  Alle Knoten eines Teilbaums sind höchstens so groß wie die Wurzel dieses Teilbaums.

- Insbesondere:
  Die Wurzel des gesamten Baums ist ein maximales Element des Baums.

- Definition:
  Die ersten *m* Elemente eines Felds stellen eine *binäre Maximum-Halde* dar, wenn der durch diese Elemente definierte Binärbaum die Maximum-Bedingung erfüllt.

- *Minimum-Bedingung* und *Minimum-Halde* sind analog definiert.

3.2.3 Operationen auf Maximum-Halden (auf Minimum-Halden analog)

Absenken eines Elements

- Vorbedingung:
  Linker und rechter Teilbaum (falls vorhanden) des Elements *i* erfüllen die Maximum-Bedingung.

- Nachbedingung/Ziel:
  Der Teilbaum mit Wurzelknoten *i* erfüllt die Maximum-Bedingung.

- Ablauf:

  1 Wenn Knoten *i* keine Nachfolger besitzt, ist nichts zu tun.

  2 Wenn er genau einen (d. h. einen linken) Nachfolger besitzt, ist dies natürlich der größte Nachfolger.

  3 Wenn er zwei Nachfolger besitzt, bestimme den größeren von ihnen.
  (Falls beide gleich sind, wähle willkürlich einen von beiden.)

  4 Wenn Element *i* kleiner als dieser größte Nachfolger ist, vertausche es mit ihm und wiederhole dann die gesamte Operation für diesen Nachfolger.

- Beweis der Korrektheit durch Induktion nach der Tiefe t des betrachteten Teilbaums:
  - Induktionsanfang $t = 0$:
    In diesem Fall tut die Operation nichts, was korrekt ist, weil der Teilbaum bereits die Maximum-Bedingung erfüllt.
  - Induktionsschritt $t \to t + 1$:
    - Wenn Element i kleiner als sein größter Nachfolger ist, wird es mit ihm vertauscht, wodurch die Maximum-Bedingung für den entsprechenden Teilbaum verletzt werden kann.
    - Für die Teilbäume dieses Teilbaums bleibt die Bedingung jedoch erhalten. Daher stellt der rekursive Aufruf der Operation für diesen Teilbaum die Maximum-Bedingung gemäß Induktionsvoraussetzung wieder her.
      (Dieser Teilbaum hat Tiefe $\leq t$.)
    - Aufgrund der zuvor durchgeführten Vertauschung ist die Bedingung dann auch für den Teilbaum mit Wurzelknoten i erfüllt.
    - Andernfalls (Element i nicht kleiner als sein größter Nachfolger) tut die Operation nichts, was korrekt ist:
      Da Element i mindestens so groß wie seine Nachfolger ist und seine Teilbäume die Maximum-Bedingung gemäß Vorbedingung erfüllen, erfüllt auch der Teilbaum mit Wurzelknoten i die Bedingung.

- Die Laufzeit der Operation ist offenbar proportional zur Tiefe t des betrachteten Teilbaums und damit höchstens $O(\log_2 m)$.

Exkurs

- Eine *Schleifeninvariante* ist eine Aussage, die an folgenden Stellen gilt:
  - Vor Beginn einer Schleife
  - Am Anfang und am Ende jedes Schleifendurchlaufs
  - Nach Beendigung der Schleife
- Um zu beweisen, dass eine bestimmte Aussage tatsächlich eine Schleifeninvariante darstellt, genügt es (ähnlich wie bei vollständiger Induktion), zwei Dinge zu zeigen (unter der Annahme, dass die Auswertung der Schleifenbedingung keine Nebeneffekte verursacht):
  - *Initialisierung:*
    Die Invariante gilt vor Beginn der Schleife.
    (Dann gilt sie auch am Anfang des ersten Durchlaufs, sofern es überhaupt einen Durchlauf gibt.)
  - *Aufrechterhaltung:*
    Wenn die Invariante am Anfang eines Durchlaufs gilt, dann gilt sie auch am Ende dieses Durchlaufs (und damit auch am Anfang des nächsten Durchlaufs, sofern es einen solchen gibt).
    (Zusammen mit der Initialisierung folgt dann durch vollständige Induktion, dass die Invariante nach *jedem* Durchlauf gilt.)

- Daraus folgt dann automatisch:
  - *Terminierung:*
    Wenn die Schleife terminiert (was ggf. anderweitig gezeigt werden muss, sofern es nicht offensichtlich ist), dann gilt die Invariante auch nach ihrer Beendigung.

- Beispiel:

```
int pow (int x, int n) {
  int p = 1, k = 0;
  while (k < n) {
    p = p * x;
    k = k + 1;
  }
  return p;
}
```

Um zu zeigen, dass diese Funktion für $n \geq 0$ tatsächlich x^n berechnet, kann die Schleifeninvariante $p = x^k$ verwendet werden:

- Initialisierung:
  Vor Beginn der Schleife gilt: $p = 1 = x^0 = x^k$
- Aufrechterhaltung:
  Wenn die Aussage $p = x^k$ am Anfang eines Durchlaufs gilt, dann gilt am Ende dieses Durchlaufs: $p' = p \cdot x = x^k \cdot x = x^{k+1} = x^{k'}$.
  Dabei bezeichnen p und k die Werte der entsprechenden Variablen am Anfang des Durchlaufs, p' und k' ihre Werte am Ende des Durchlaufs.
- Terminierung:
  Nach Beendigung der Schleife ist $k = n$ (sofern $n \geq 0$ ist) und somit gilt:
  $p = x^k = x^n$.

- Anmerkung:
  for-Schleifen sind für derartige Beweise aus mehreren Gründen schlecht geeignet:
  - Die Veränderung der Laufvariable erfolgt (je nach konkreter syntaktischer Form) mehr oder weniger „versteckt“.
  - Vor Beginn und nach Beendigung der Schleife existiert die Laufvariable meist gar nicht.

  Deshalb sollten for-Schleifen in äquivalente while-Schleifen umgeschrieben werden, wenn die Laufvariable in der Schleifeninvariante gebraucht wird.

Herstellen einer Maximum-Halde

- Gegeben: Ein Feld der Größe N mit beliebigen Elementen.
- Nachbedingung/Ziel:
  Die ersten m Elemente des Felds stellen eine Maximum-Halde dar.
- Ablauf:

  Für $i = \left\lfloor \frac{m}{2} \right\rfloor, \ldots, 1$:

  Führe die zuvor beschriebene Operation „Absenken“ für das Element i aus.
- Äquivalente Formulierung mit while-Schleife:

  1 Setze $i = \left\lfloor \frac{m}{2} \right\rfloor$.

  2 Solange $i \geq 1$ ist:

    1 Führe die zuvor beschriebene Operation „Absenken“ für das Element i aus.

    2 Erniedrige i um 1.

- Beweis der Korrektheit mit Hilfe folgender Schleifeninvariante:
  Alle Teilbäume mit Wurzelknoten $i+1, \ldots, m$ erfüllen die Maximum-Bedingung.
  - Initialisierung:
    - Vor Beginn der Schleife ist $i = \left\lfloor \frac{m}{2} \right\rfloor$.
    - Wegen $\lfloor x \rfloor > x - 1$ gilt für $j = i+1, \ldots, m$:

      $$2j \geq 2(i+1) = 2\left(\left\lfloor \frac{m}{2} \right\rfloor + 1\right) > 2\left(\left(\frac{m}{2} - 1\right) + 1\right) = 2\frac{m}{2} = m.$$

    - Daher besitzen diese Knoten j gemäß § 3.2.1 keine Nachfolger.
    - Also erfüllen die entsprechenden Teilbäume die Maximum-Bedingung.
  - Aufrechterhaltung:
    - Zu Beginn eines Schleifendurchlaufs erfüllen alle Teilbäume mit Wurzelknoten $i+1, \ldots, m$ aufgrund der Invariante die Maximum-Bedingung.
    - Wegen $2i + 0 \geq i + 1$ und $2i + 1 \geq i + 1$ erfüllen insbesondere die Teilbäume des Knotens i die Maximum-Bedingung, sofern sie existieren.
    - Somit ist vor dem Aufruf der Operation „Absenken“ deren Vorbedingung und damit nach ihrem Aufruf auch ihre Nachbedingung erfüllt, d. h. auch der Teilbaum mit Wurzelknoten i erfüllt dann die Maximum-Bedingung.
    - Da am Ende des Schleifendurchlaufs $i' = i - 1$ ist, erfüllen damit alle Teilbäume mit Wurzelknoten $i'+1, \ldots, m$ die Maximum-Bedingung.

- Terminierung:
  - Nach Beendigung der Schleife ist $i = 0$.
  - Aufgrund der Invariante erfüllen also alle Teilbäume mit Wurzelknoten $1, \ldots, m$ die Maximum-Bedingung.
  - Insbesondere erfüllt der gesamte Baum mit Wurzelknoten 1 die Maximum-Bedingung, d. h. die ersten m Elemente des Felds stellen eine Maximum-Halde dar.

Laufzeit

- Die Tiefe des gesamten Baums ist $t = \lfloor \log_2 m \rfloor$.
- Ein Teilbaum, dessen Wurzelknoten sich auf Ebene $l = 0, 1, \ldots$ befindet, hat höchstens Tiefe $t - l$. Dementsprechend ist die Laufzeit der Operation „Absenken“ für einen solchen Teilbaum $O(t - l)$.
- Auf Ebene $l = 0, \ldots, t - 1$ gibt es höchstens 2^l abzusenkende Knoten.
  (Auf der untersten Ebene t werden keine Knoten abgesenkt.)
- Also ist die Gesamtlaufzeit höchstens:

$$\sum_{l=0}^{t-1} 2^l \cdot (t-l) \underset{k=t-l}{=} \sum_{k=1}^{t} 2^{t-k} \cdot k = 2^t \cdot \sum_{k=1}^{t} k \cdot \left(\frac{1}{2}\right)^k \leq m \cdot \sum_{k=1}^{\infty} k \cdot \left(\frac{1}{2}\right)^k = m \cdot \frac{\frac{1}{2}}{\left(1-\frac{1}{2}\right)^2} = 2m$$

(Beachte: Für $|q| < 1$ gilt: $\sum_{k=1}^{\infty} k \cdot q^k = \frac{q}{(1-q)^2}$.)

Sortieren eines Felds

- Gegeben: Ein Feld der Größe N mit beliebigen Elementen.
- Nachbedingung/Ziel: Die Elemente des Felds sind aufsteigend sortiert.
- Ablauf:
  1. Setze $m = N$
  2. Führe die Operation „Herstellen einer Maximum-Halde“ aus.
  3. Solange $m > 1$ ist:
     1. Vertausche Element 1 und m des Felds.
     2. Verkleinere die Halde um ein Element, d. h. erniedrige m um 1.
     3. Führe die Operation „Absenken“ für Element 1 aus.

- Beweis der Korrektheit mit Hilfe folgender Schleifeninvariante:

  1. Die ersten m Elemente des Felds stellen eine Maximum-Halde dar.
  2. Die übrigen Elemente des Felds sind aufsteigend sortiert und mindestens so groß wie die ersten m Elemente.

  - Initialisierung:
    - Vor Beginn der Schleife stellen die ersten m Elemente eine Maximum-Halde dar.
    - Weitere Elemente gibt es zu diesem Zeitpunkt nicht.
  - Aufrechterhaltung:
    - Aufgrund der Invariante gilt zu Beginn eines Durchlaufs:
      Element 1 ist mindestens so groß wie die Elemente 2, . . ., m
      und höchstens so groß wie die übrigen Elemente des Felds.
    - Also gilt nach dem Vertauschen von Element 1 und m und dem Erniedrigen von m Teil 2 der Invariante.
    - Nach dem Ausführen der Operation „Absenken“ gilt auch Teil 1 der Invariante wieder, der durch das Vertauschen eventuell ungültig geworden war.
  - Terminierung:
    - Nach Beendigung der Schleife ist $m = 1$.
    - Also sind nach Teil 2 der Invariante die Elemente 2, . . ., N aufsteigend sortiert und mindestens so groß wie Element 1.
    - Damit ist das gesamte Feld aufsteigend sortiert.

- Laufzeit
  - Es findet ein Aufruf der Operation „Herstellen einer Maximum-Halde“ mit Laufzeit $O(N)$ sowie $N - 1 = O(N)$ Aufrufe der Operation „Absenken“ statt, deren Laufzeit jeweils höchstens $O(\log N)$ beträgt.
  - Damit ergibt sich eine Gesamtlaufzeit von $O(N) + O(N) \cdot O(\log N) = O(N \log N)$.

3.2.4 Implementierung von Vorrangwarteschlangen

- Eine Maximum-Vorrangwarteschlange kann wie folgt durch eine binäre Maximum-Halde implementiert werden (und analog kann eine Minimum-Vorrangwarteschlange durch eine Minimum-Halde implementiert werden).

- N bezeichne die maximale Kapazität der Warteschlange, d. h. die Größe des zugrundeliegenden Felds.

- m bezeichne die momentane Länge der Warteschlange, d. h. die Anzahl der momentan gespeicherten Objekte.
  Dies ist die gleichzeitig die momentane Größe der Halde.

Hilfsoperationen

- Anheben eines Elements

  Solange das Element einen Vorgänger besitzt und seine Priorität größer als die des Vorgängers ist, vertausche das Element mit seinem Vorgänger.

- Anheben oder Absenken eines Elements

  1 Wenn die Priorität des Elements größer als die seines Vorgängers ist, führe die Operation „Anheben“ für das Element aus.

  2 Andernfalls führe die Operation „Absenken“ für das Element aus (wobei sich die dabei durchgeführten Vergleiche auf die Prioritäten der Elemente beziehen).

Operationen

- Einfügen eines Objekts mit einer bestimmten Priorität

  1 Vergrößere die Halde um ein Element, d. h. erhöhe m um 1,
  und speichere das neue Objekt an Position m.

  2 Führe die Hilfsoperation „Anheben“ für das Element an Position m aus.

- Auslesen eines Objekts mit maximaler Priorität

  Liefere das Objekt an Position 1 der Halde.

- Entnehmen eines Objekts mit maximaler Priorität
  1. Merke das Objekt an Position 1 der Halde, um es später als Resultat liefern zu können.
  2. Versetze das Objekt an Position m der Halde an Position 1 und verkleinere die Halde um ein Element, d. h. erniedrige m um 1.
  3. Führe die Operation „Absenken“ für das Element an Position 1 aus.
  4. Liefere das anfangs gemerkte Objekt zurück.
- Nachträgliches Ändern der Priorität eines Objekts
  1. Ändere die Priorität des Objekts.
  2. Führe die Operation „Anheben oder Absenken“ für das Objekt aus.
- Entfernen eines Objekts
  1. Ersetze das zu entfernende Objekt durch das Objekt an Position m der Halde und verkleinere die Halde um ein Element, d. h. erniedrige m um 1.
  2. Führe die Operation „Anheben oder Absenken“ für das ersetzte Element aus.

Laufzeit der Operationen

- Das Auslesen eines Objekts mit maximaler Priorität benötigt offensichtlich Laufzeit O(1).

- Alle anderen Operationen verschieben ein Objekt innerhalb der Halde ggf. um eine oder mehrere Ebenen nach oben oder unten.
  Dementsprechend ist ihre Laufzeit höchstens so groß wie die Tiefe des Baums, d. h. $O(\log m)$.

3.2.5 Praktisches Problem

- Wie finden die Operationen „Ändern der Priorität“ und „Entfernen“ innerhalb der Halde effizient (d. h. ohne sequentielle Suche) das jeweilige Objekt?
- Erste Idee:
  - Die Operation „Einfügen“ liefert die Position im Feld zurück, an der sie das Objekt gespeichert hat.
  - Die Operationen „Ändern der Priorität“ und „Entfernen“ erhalten diese Position anstelle des Objekts selbst.
- Neues Problem: Die Position eines Objekts ist nicht stabil, weil viele Operationen Objekte in der Halde vertauschen.
- Lösung (wie für viele andere Informatik-Probleme) durch eine zusätzliche Indirektion:
  - Objekte werden nicht direkt in der Halde, sondern in einem zweiten Feld gespeichert.
  - Die Operation „Einfügen“ liefert die Position des Objekts in diesem Feld zurück.
  - In der Halde werden nur diese stabilen Positionen der Objekte gespeichert.
  - Umgekehrt wird im zweiten Feld für jedes Objekt auch seine momentane Position in der Halde gespeichert und bei Bedarf (d. h. wenn sie sich aufgrund einer Vertauschung ändert) aktualisiert.

3.3 Binomial-Halden (binomial heaps)

3.3.1 Binomial-Bäume

Definition

- Ein *Binomial-Baum* mit Grad 0 besteht aus einem einzelnen Knoten.
- Für $k \geq 1$ entsteht ein *Binomial-Baum* mit Grad k aus zwei Binomial-Bäumen mit Grad $k-1$, indem einer von ihnen zu einem Nachfolger des anderen gemacht wird.

Eigenschaften von Binomial-Bäumen

Für jeden Binomial-Baum mit Grad $k \in \mathbb{N}_0$ gilt:

1. Die Tiefe des Baums ist k.
2. Der Grad seines Wurzelknotens ist k.
3. Der Grad aller anderen Knoten ist kleiner als k.
4. Die Nachfolger des Wurzelknotens sind Binomial-Bäume mit Grad $k-1, \ldots, 0$.
5. Der Baum besitzt 2^k Knoten.
6. Auf Ebene l ($l = 0, \ldots, k$) gibt es genau $\binom{k}{l}$ Knoten.

3.3.2 Minimum- und Maximum-Halden

- Definition:
  - Ein *Maximum-Binomial-Baum* ist ein Binomial-Baum, der die Maximum-Bedingung (vgl. § 3.2.2) erfüllt.
  - Eine *Maximum-Binomial-Halde* ist eine (endliche) Folge von Maximum-Binomial-Bäumen, deren Grad streng monoton wächst.
  - *Minimum-Binomial-Baum* und *Minimum-Binomial-Halde* sind analog definiert.
- Folgerung:
  - Alle Binomial-Bäume innerhalb einer Binomial-Halde besitzen unterschiedlichen Grad.
  - Eine Binomial-Halde mit N Elementen besteht aus Binomial-Bäumen mit Grad $k_1 < \ldots < k_p$, sodass gilt: $N = \sum_{i=1}^{p} 2^{k_i}$, d. h. $k_1, \ldots, k_p$ sind genau die Ziffern mit Wert 1 in der Dualdarstellung von N.
  - Sowohl die Anzahl der Bäume in einer solchen Halde als auch deren Grad und Tiefe ist jeweils höchstens $O(\log_2 N)$.

3.3.3 Repräsentation von Binomial-Halden

- Jeder Knoten eines Binomial-Baums bzw. einer Binomial-Halde kann durch eine Datenstruktur mit folgenden Attributen repräsentiert werden:
  - `degree` speichert den Grad des Knotens.
  - `parent` verweist auf den Vorgänger des Knotens.
    Bei einem Wurzelknoten ist `parent` gleich $\perp$.
  - `child` verweist auf den Nachfolger des Knotens mit dem größten Grad.
    Bei einem Blattknoten ist `child` gleich $\perp$.
  - `sibling` verkettet alle Nachfolger eines Knotens in einer nach aufsteigendem Grad sortierten zirkulären Liste, das heißt:
    - Der Nachfolger mit dem größten Grad verweist auf den Nachfolger mit dem kleinsten Grad.
    - Jeder andere Nachfolger verweist auf den Nachfolger mit dem nächstgrößeren Grad.
    - Wenn es nur einen Nachfolger gibt, verweist er auf sich selbst.

    Außerdem verkettet `sibling` die Wurzelknoten aller Bäume der Halde in einer nach aufsteigendem Grad sortierten einfachen Liste, d. h. jeder Wurzelknoten verweist ggf. auf den Wurzelknoten mit dem nächstgrößeren Grad.
  - `entry` verweist auf das Objekt, das in diesem Knoten gespeichert werden soll und das seinerseits auf diesen Knoten zurückverweist (vgl. auch § 3.2.5).

- Die gesamte Halde wird durch einen Verweis auf den Wurzelknoten des Baums mit dem kleinsten Grad repräsentiert. (Bei einer leeren Halde ist dieser Verweis gleich $\perp$.)

Erläuterungen

- Mit den Attributen `child` und `sibling` können ohne Verwendung dynamischer Felder o. ä. für jeden Knoten beliebig viele Nachfolger gespeichert werden.

- Die Gründe für die weiteren Details der Organisation (Reihenfolge der `sibling`-Verkettungen, Verwendung einfacher oder zyklischer Verkettung) werden in § 3.3.5 erläutert, nachdem in § 3.3.4 die Operationen auf dieser Datenstruktur beschrieben wurden.

3.3.4 Implementierung von Vorrangwarteschlangen

- Eine Minimum-Vorrangwarteschlange kann wie folgt durch eine Minimum-Binomial-Halde implementiert werden (und analog kann eine Maximum-Vorrangwarteschlange durch eine Maximum-Binomial-Halde implementiert werden).

Hilfsoperation

- Zusammenfassen zweier Bäume B_1 und B_2 mit Grad k zu einem Baum mit Grad $k + 1$

  1 Wenn die Priorität des Wurzelknotens von B_1 größer als die Priorität des Wurzelknotens von B_2 ist, mache B_1 zum Nachfolger mit dem größten Grad von B_2:

```
B2.sibling = nil
B2.degree = B2.degree + 1
B1.parent = B2
if B2.child == nil then
  B2.child = B1.sibling = B1
else
  B1.sibling = B2.child.sibling
  B2.child = B2.child.sibling = B1
end
```

  2 Andernfalls mache B_2 zum Nachfolger mit dem größten Grad von B_1.

Operationen

- Vereinigen zweier Halden H_1 und H_2 zu einer neuen Halde H

  1 Erstelle einen leeren Zwischenspeicher für bis zu drei Bäume.

  2 Setze $k = 0$.

  3 Solange H_1 oder H_2 oder der Zwischenspeicher nicht leer sind:

    1 Wenn der erste (verbleibende) Baum von H_1 Grad k besitzt, entnimm ihn aus H_1 und füge ihn zum Zwischenspeicher hinzu.

    2 Entsprechend für H_2.

    3 Wenn der Zwischenspeicher jetzt einen oder drei Bäume enthält, entnimm einen von ihnen und füge ihn am Ende von H an.

    4 Wenn der Zwischenspeicher jetzt noch zwei Bäume enthält, fasse sie zu einem Baum mit Grad $k + 1$ zusammen, der als „Übertrag“ für den nächsten Schritt im Zwischenspeicher verbleibt.

    5 Erhöhe k um 1.

  Beispiel: H_1 mit $2^2 + 2^1 + 2^0 = 7$ Elementen und H_2 mit $2^3 + 2^2 + 2^1 = 14$ Elementen ergibt H mit $2^4 + 2^2 + 2^0 = 21$ Elementen

- Einfügen eines Objekts mit einer bestimmten Priorität

  Erzeuge eine temporäre Halde mit einem einzigen Baum mit Grad 0, die das Objekt enthält, und vereinige sie mit der aktuellen Halde.

- Auslesen eines Objekts mit minimaler Priorität

  Suche in der Liste der Wurzelknoten ein Objekt mit minimaler Priorität.

- Entnehmen eines Objekts mit minimaler Priorität

  1 Suche in der Liste der Wurzelknoten ein Objekt mit minimaler Priorität und entferne diesen Knoten aus der Liste.

  2 Wenn dieser Knoten Nachfolger besitzt:
  Vereinige die Liste seiner Nachfolger (beginnend mit dem Nachfolger mit dem kleinsten Grad, der über `child` $\rightarrow$ `sibling` direkt zugreifbar ist)
  mit der verbleibenden Halde.

- Nachträgliches Ändern der Priorität eines Objekts
  1. Wenn die neue Priorität des Objekts kleiner oder gleich der alten ist:
     1. Ändere die Priorität des Objekts.
     2. Solange die Priorität des Objekts kleiner als die seines Vorgängers ist:
        Vertausche die `entry`-Verweise der beiden Knoten
        und aktualisiere die zugehörigen Rückverweise der Objekte auf diese Knoten.
  2. Andernfalls: Entferne das Objekt und füge es mit der neuen Priorität wieder ein.

- Entfernen eines Objekts
  1. Ändere die Priorität des Objekts quasi auf $-\infty$.
  2. Führe dann die Operation „Entnehmen“ aus.

Laufzeit der Operationen

- Wenn die Halde N Objekte enthält, besitzen alle `sibling`-Listen höchstens Länge $O(\log_2 N)$ und alle Bäume höchstens Tiefe $O(\log_2 N)$ (vgl. § 3.3.2).

- Daher besitzen alle Operationen höchstens Laufzeit $O(\log_2 N)$.

3.3.5 Entwurfsüberlegungen für die Datenstruktur

- Beim Vereinigen zweier Halden müssen ihre Bäume nach aufsteigendem Grad durchlaufen werden.
  Deshalb sind die Wurzelknoten in dieser Reihenfolge verkettet.

- Beim Entnehmen eines Wurzelknotens muss die Liste seiner Nachfolger mit der verbleibenden Wurzelliste vereinigt werden.
  Deshalb ist die Liste der Nachfolger eines Knotens ebenfalls nach aufsteigendem Grad sortiert verkettet.
  Dies weicht von der Darstellung in Cormen et al. (vgl. § 1.3) ab, wo die Liste nach absteigendem Grad verkettet ist und deshalb vor einer Vereinigung erst einmal invertiert werden muss.

- Beim Zusammenfassen zweier Bäume mit dem gleichen Grad wird einer der Bäume zum Nachfolger mit dem größten Grad des anderen Baums, d. h. er muss am Ende der Nachfolgerliste angehängt werden.
  Damit dies möglichst einfach und effizient geht, verweist `child` auf den Nachfolger mit dem größten Grad.

- Damit aber auch der Nachfolger mit dem kleinsten Grad direkt zugreifbar ist, ist die Liste der Nachfolger zirkulär verkettet.

- Für die Wurzelliste genügt jedoch eine einfache Verkettung.

3.4 Vergleich von binären und Binomial-Halden

- Die Laufzeit aller Operationen ist in beiden Implementierungen höchstens $O(\log_2 N)$.
- Bei der Implementierung mit binären Halden ist die Laufzeit der Operation „Auslesen“ sogar nur $O(1)$.
- Die Knoten von Binomial-Halden brauchen relativ viel Platz für Verwaltungsdaten (`degree`, `parent`, `child` und `sibling`), während binäre Halden nur die reinen Nutzdaten speichern.
- Binomial-Halden besitzen aber zwei Vorteile gegenüber binären Halden:
  - Ihre Kapazität ist prinzipiell nicht begrenzt.
  - Zwei Halden können auch effizient vereinigt werden.

4 Nächstbest-Algorithmen (greedy algorithms)

4.1 Optimierungsprobleme

- Ein *Optimierungsproblem* ist charakterisiert durch eine (häufig sehr große) Menge möglicher *Lösungen* und eine *Bewertungsfunktion*, die jeder Lösung einen Wert (z. B. eine natürliche oder reelle Zahl) zuordnet.

- Bei einem *Maximierungsproblem* wird eine Lösung mit maximalem Wert gesucht, bei einem *Minimierungsproblem* eine Lösung mit minimalem Wert.

Beispiele

- Finde in einem Straßennetz den kürzesten Weg von A nach B.

- Problem des Handlungsreisenden (traveling salesman problem):
  Finde eine kürzeste Rundreise durch N Orte $A_1, \ldots, A_N$.

- Blocksatz: Verteile eine Folge von Wörtern so auf Zeilen einer bestimmten Länge, dass der zum Auffüllen der Zeilen zusätzlich benötigte Zwischenraum möglichst gleichmäßig verteilt ist.
  Problem: Was bedeutet „möglichst gleichmäßig“, d. h. wie lautet eine sinnvolle Bewertungsfunktion?

4.2 Nächstbest-Algorithmen

- Ein *Nächstbest-Algorithmus* konstruiert schrittweise eine Lösung eines Optimierungsproblems, indem er in jedem Schritt die nächstbeste Erweiterung der bis jetzt konstruierten Teillösung wählt.

- Wenn das so jeweils gewählte *lokale Optimum* auch ein *globales Optimum* darstellt, findet der Algorithmus tatsächlich eine optimale Lösung.

- Andernfalls stellt die gefundene Lösung nur eine mehr oder weniger gute *Näherungslösung* oder *Approximation* der optimalen Lösung dar, die aber oft mit wesentlich weniger Aufwand als die optimale Lösung ermittelt werden kann.

Beispiele

- Der Handlungsreisende besucht als nächstes immer diejenige bis jetzt noch nicht besuchte Stadt, die der momentan besuchten Stadt am nächsten liegt (lokales Optimum, nearest neighbour algorithm).
  Auf diese Weise findet er für N Orte mit Aufwand $O(N^2)$ eine Rundreise, für die gezeigt werden kann, dass ihre Länge höchstens $\frac{\lceil \log_2 N \rceil + 1}{2}$-mal so groß ist wie die einer kürzesten Rundreise (globales Optimum).

- Die meisten Textverarbeitungsprogramme füllen jede Ausgabezeile mit möglichst vielen Wörtern (lokales Optimum), ohne darauf zu achten, ob diese Strategie für nachfolgende Zeilen günstig ist oder nicht (globales Optimum), zum Beispiel:

```
Wenn man beim Blocksatz jede Zeile für sich betrachtet und
mit möglichst vielen Wörtern füllt, wird dieser Text bei
einer Zeilenbreite von 60 extrem schlecht umgebrochen.
Schuld ist die URL
https://en.wikipedia.org/wiki/Line_wrap_and_word_wrap, weil
sie sehr lang ist und eigentlich nicht sinnvoll getrennt
werden kann. Daher ist es besser, einen Absatz als Ganzes zu
betrachten und den Zwischenraum möglichst gleichmäßig über
alle Zeilen zu verteilen, wie es z. B. von TeX gemacht wird.

Wenn man beim Blocksatz jede Zeile für sich
betrachtet und mit möglichst vielen Wörtern füllt,
wird dieser Text bei einer Zeilenbreite von 60
extrem schlecht umgebrochen. Schuld ist die URL
https://en.wikipedia.org/wiki/Line_wrap_and_word_wrap, weil
sie sehr lang ist und eigentlich nicht sinnvoll getrennt
werden kann. Daher ist es besser, einen Absatz als Ganzes zu
betrachten und den Zwischenraum möglichst gleichmäßig über
alle Zeilen zu verteilen, wie es z. B. von TeX gemacht wird.
```

4.3 Huffman-Kodierung

4.3.1 Idee

❒ Buchstaben in natürlichsprachlichen Texten sind nicht gleichverteilt.
Für deutsche Texte gilt z. B. laut Wikipedia:

Buchstabe	*Häufigkeit*	*Buchstabe*	*Häufigkeit*	*Buchstabe*	*Häufigkeit*
E	17,40 %	U	4,35 %	K	1,21 %
N	9,78 %	L	3,44 %	Z	1,13 %
I	7,55 %	C	3,06 %	P	0,79 %
S	7,27 %	G	3,01 %	V	0,67 %
R	7,00 %	M	2,53 %	ß	0,31 %
A	6,51 %	O	2,51 %	J	0,27 %
T	6,15 %	B	1,89 %	Y	0,04 %
D	5,08 %	W	1,89 %	X	0,03 %
H	4,76 %	F	1,66 %	Q	0,02 %

❒ Wenn man häufige Buchstaben durch kürzere *Kodewörter* darstellt als seltene (*Kode variabler Länge*), brauchen Texte weniger Platz, als wenn alle Kodewörter gleich lang sind (*Kode fester Länge*), d. h. man erreicht eine *verlustfreie Kompression* (auch als *Entropiekodierung* bezeichnet).

- Um den kodierten Text wieder eindeutig dekodieren zu können, muss der Kode jedoch *präfixfrei* sein, d. h. kein Kodewort darf ein Präfix eines anderen Kodeworts sein.

- Beispiel:
  - Um die o. g. 27 Buchstaben mit jeweils gleich vielen Bits zu kodieren, benötigt man 5 Bit pro Buchstabe.
  - Damit benötigt ein Text mit 10 000 Zeichen 50 000 Bit.
  - Mit einem für die obige Verteilung optimalen *Präfixkode* (vgl. § 4.3.2) bräuchte man im Durchschnitt nur etwa 41 000 Bit.
  - Mit einem Präfixkode, der optimal für die tatsächliche Buchstabenverteilung im betrachteten Text ist, kann man u. U. noch eine deutlich höhere Kompression erzielen.

- Nach dem gleichen Prinzip lassen sich auch binäre Daten komprimieren, indem man häufig auftretende Bitfolgen (z. B. Bytes oder Maschinenwörter) durch weniger Bits kodiert als seltene.

- Dies wird z. B. als letzter Schritt bei der (ansonsten normalerweise verlustbehafteten) JPEG-Komprimierung eingesetzt.

4.3.2 Binäre Präfixkodes

- Ein *binärer Kode* ordnet jedem Zeichen des Eingabealphabets ein aus Nullen und Einsen bestehendes *Kodewort* zu.

- Bei einem *Präfixkode* darf kein Kodewort ein Präfix eines anderen Kodeworts sein.

- Ein binärer Präfixkode kann durch einen binären Baum dargestellt werden, in dem jedem Knoten wie folgt ein Kodewort zugeordnet ist:
  - Das Kodewort des Wurzelknotens ist die leere Zeichenkette.
  - Das Kodewort des linken bzw. rechten Nachfolgers eines Knotens entsteht durch Anhängen von 0 bzw. 1 an das Kodewort dieses Knotens.
  - Jedes Zeichen des Eingabealphabets entspricht einem Blattknoten mit dem entsprechenden Kodewort.

- Kodierung einer Zeichenfolge

  Für jedes Zeichen der Zeichenfolge:
  Gib das zugehörige Kodewort aus.

- Dekodierung einer Bitfolge
  1. Setze einen Zeiger auf den Wurzelknoten des Kodebaums.
  2. Für jedes Bit der Bitfolge:
     1. Wenn das Bit gleich 0 bzw. 1 ist, setze den Zeiger auf den linken bzw. rechten Nachfolger des aktuellen Knotens.
     2. Wenn dieser Knoten ein Blattknoten ist:
        Gib das zugehörige Zeichen des Eingabealphabets aus
        und setze den Zeiger wieder auf den Wurzelknoten.

- Beispiel
  - Präfixkode als Baum
  - Kodierung einer Zeichenfolge
  - Dekodierung einer Bitfolge

4.3.3 Optimale binäre Präfixkodes

- Gegeben sei ein Eingabealphabet Σ und eine zu kodierende Zeichenfolge $s \in \Sigma^*$.
- Für jedes Zeichen $c \in \Sigma$ sei $\mathrm{f}_s(c)$ die Häufigkeit von c in s.
- Für einen Kode bzw. Kodebaum T sei $\mathrm{d}_T(c)$ die Länge des Kodeworts von c in diesem Kode, d. h. die Tiefe des zugehörigen Blattknotens im Baum T.
- Wenn die Zeichenfolge s mit dem Kode T kodiert wird, ergibt sich eine Bitfolge der Länge $\mathrm{L}_T(s) = \sum_{c \in \Sigma} \mathrm{f}_s(c)\,\mathrm{d}_T(c)$.
- Ein Kode T ist *optimal* für die Zeichenfolge s, wenn $\mathrm{L}_T(s)$ minimal ist, d. h. wenn $\mathrm{L}_T(s) \leq \mathrm{L}_{T'}(s)$ für alle Kodes T'.
- Frage: Wie findet man einen solchen optimalen Kode?

Lemma 1

- Wenn x und y die Zeichen in Σ mit der kleinsten Häufigkeit sind, dann gibt es einen optimalen Präfixkode, in dem sich die Kodewörter von x und y nur in ihrem letzten Bit unterscheiden, d. h. im Kodebaum sind die zu x und y gehörenden Blattknoten Geschwister.

Beweisidee

- Überführe irgendeinen optimalen Kodebaum T in einen ebenfalls optimalen Kodebaum T'', der die behauptete Eigenschaft besitzt.

Beweis

- Sei T irgendein optimaler Kodebaum.
- Betrachte in diesem Baum zwei Geschwisterblätter a und b mit maximaler Tiefe, d. h. $\mathrm{d}_T(a) = \mathrm{d}_T(b) \geq \mathrm{d}_T(z)$ für alle $z \in \Sigma$.
- O. B. d. A. gilt: $\mathrm{f}_s(a) \leq \mathrm{f}_s(b)$ und $\mathrm{f}_s(x) \leq \mathrm{f}_s(y)$.
  (Andernfalls vertausche a und b bzw. x und y.)

- Da x und y die Zeichen in Σ mit der kleinsten Häufigkeit sind, folgt: $f_s(x) \leq f_s(a)$ und $f_s(y) \leq f_s(b)$.

- Sei T' der Kodebaum, der aus T durch Vertauschen der Blattknoten a und x entsteht.

- Somit gilt:

$$L_T(s) - L_{T'}(s) = \sum_{c \in \Sigma} f_s(c)\, d_T(c) - \sum_{c \in \Sigma} f_s(c)\, d_{T'}(c) =$$

$$f_s(x)\, d_T(x) + f_s(a)\, d_T(a) - f_s(x)\, d_{T'}(x) - f_s(a)\, d_{T'}(a) =$$

$$f_s(x)\, d_T(x) + f_s(a)\, d_T(a) - f_s(x)\, d_T(a) - f_s(a)\, d_T(x) =$$

$$(f_s(a) - f_s(x))\,(d_T(a) - d_T(x)) \geq 0$$

wegen $f_s(a) \geq f_s(x)$ und $d_T(a) \geq d_T(x)$.

- Daraus folgt: $L_T(s) \geq L_{T'}(s)$.

- Da T optimal ist, gilt jedoch auch: $L_T(s) \leq L_{T'}(s)$.

- Also gilt: $L_T(s) = L_{T'}(s)$, d. h. auch T' ist ein optimaler Kode.

- Sei nun T'' der Kodebaum, der aus T' durch Vertauschen der Blattknoten b und y entsteht.

- Für diesen gilt analog: $L_{T''}(s) = L_{T'}(s) = L_T(s)$, d. h. T'' ist ein optimaler Kodebaum.

- Da a und b im ursprünglichen Kodebaum T Geschwisterblätter sind, sind x und y im resultierenden Kodebaum T'' ebenfalls Geschwisterblätter, sodass T'' tatsächlich die behauptete Eigenschaft besitzt.

Lemma 2

- x und y seien wieder die Zeichen in Σ mit der kleinsten Häufigkeit.
- Das Alphabet Σ' sei definiert als $\Sigma' = \Sigma \setminus \{ x, y \} \cup \{ z \}$,
  wobei $z \notin \Sigma$ ein künstliches neues Zeichen mit Häufigkeit $f_{s'}(z) = f_s(x) + f_s(y)$ sei,
  d. h. gedanklich ersetzt man jedes Auftreten von x und y in s durch z.
- Sei T' ein optimaler Kodebaum für die so modifizierte Zeichenfolge s'
  und T der Baum, der aus T' entsteht, wenn man den Blattknoten z durch einen
  inneren Knoten ersetzt, der die Blattknoten x und y als Nachfolger besitzt.
- Dann ist T ein optimaler Kodebaum für die Zeichenfolge s.

Beweis:

- Aufgrund der Konstruktion von T aus T' gilt:
  - $d_T(x) = d_T(y) = d_{T'}(z) + 1$
  - $d_T(c) = d_{T'}(c)$ für alle $c \in \Sigma \setminus \{ x, y \} = \Sigma' \setminus \{ z \}$

- Daraus folgt:

$$L_T(s) - L_{T'}(s') = \sum_{c \in \Sigma} f_s(c)\, d_T(c) - \sum_{c \in \Sigma'} f_{s'}(c)\, d_{T'}(c) =$$

$$f_s(x)\, d_T(x) + f_s(y)\, d_T(y) - f_{s'}(z)\, d_{T'}(z) =$$

$$(f_s(x) + f_s(y))\, (d_{T'}(z) + 1) - f_{s'}(z)\, d_{T'}(z) =$$

$$f_{s'}(z)\, (d_{T'}(z) + 1) - f_{s'}(z)\, d_{T'}(z) = f_{s'}(z)$$

- Also gilt: $L_T(s) = L_{T'}(s') + f_{s'}(z)$

- Sei nun $\tilde{T}$ ein optimaler Kodebaum für s,
der o. B. d. A. die Eigenschaft von Lemma 1 erfüllt,
und $\tilde{T}'$ der Baum, der aus $\tilde{T}$ entsteht, wenn man die Blattknoten x und y und ihren gemeinsamen Vorgänger durch einen neuen Knoten z mit Häufigkeit $f_{s'}(z) = f_s(x) + f_s(y)$ ersetzt.

- Dann gilt entsprechend aufgrund der Konstruktion von $\tilde{T}'$ aus $\tilde{T}$:
$L_{\tilde{T}}(s) = L_{\tilde{T}'}(s') + f_{s'}(z)$.

- Da $\tilde{T}$ und T' jeweils optimal sind, folgt daraus:
$L_{\tilde{T}}(s) \leq L_T(s) = L_{T'}(s') + f_{s'}(z) \leq L_{\tilde{T}'}(s') + f_{s'}(z) = L_{\tilde{T}}(s)$

- Also gilt: $L_T(s) = L_{\tilde{T}}(s)$, d. h. T ist ein optimaler Kodebaum.

Rekursiver Algorithmus zur Bestimmung eines optimalen Kodes

1 Wenn das Alphabet Σ genau zwei Zeichen x und y enthält:

  Ordne x das Kodewort 0 und y das Kodewort 1 zu.

2 Andernfalls (d. h. wenn Σ mehr als zwei Zeichen enthält):

  1 Ermittle die Zeichen x und y mit der kleinsten Häufigkeit.

  2 Erzeuge ein künstliches neues Zeichen z mit Häufigkeit $f(z) = f(x) + f(y)$.

  3 Führe den Algorithmus rekursiv für das Alphabet $\Sigma' = \Sigma \setminus \{ x, y \} \cup \{ z \}$ aus.

  4 Ordne x bzw. y das Kodewort von z gefolgt von 0 bzw. 1 zu
  und übernimm die Kodewörter für alle anderen Zeichen aus $\Sigma \setminus \{ x, y \} = \Sigma' \setminus \{ z \}$.

Anmerkungen

- Die Korrektheit des Algorithmus folgt direkt aus Lemma 2.
- Problem: Wie findet man effizient die Zeichen mit der kleinsten Häufigkeit?
- Die Implementierung ist aufwendig, weil für jeden rekursiven Aufruf ein neues Alphabet Σ' und eine modifizierte Häufigkeitsverteilung konstruiert werden muss.

Iterativer Algorithmus mit Vorrangwarteschlange

1 Für jedes Zeichen $c \in \Sigma$:

  Erzeuge einen zugehörigen Blattknoten
  und füge ihn mit Priorität $\mathrm{f}(c)$ in eine Minimum-Vorrangwarteschlange ein.

2 Solange die Warteschlange mindestens zwei Elemente enthält:

  1 Entnimm die Knoten x und y mit minimaler Priorität/Häufigkeit.

  2 Erzeuge einen inneren Knoten mit x und y als Nachfolgern
  und füge ihn mit Priorität $\mathrm{f}(x) + \mathrm{f}(y)$ in die Warteschlange ein.

3 Entnimm den verbleibenden Knoten aus der Warteschlange,
der den Wurzelknoten des gesamten Kodebaums darstellt.

4 Weise jedem Zeichen $c \in \Sigma$ sein Kodewort anhand dieses Baums zu (vgl. § 4.3.2).

Laufzeit des iterativen Algorithmus

❒ Bei geeigneter Implementierung der Vorrangwarteschlange (vgl. Kapitel 3) hat der Algorithmus die Laufzeit $\mathrm{O}(N \log_2 N)$, wenn N die Größe des Alphabets Σ bezeichnet.

4.4 Das Problem der stabilen Ehen (stable marriage problem)

4.4.1 Problemstellung

- Gegeben seien N Männer und N Frauen.
- Die *Präferenzliste* einer Person ist eine Permutation der Personen des anderen Geschlechts.
- Eine Person P *bevorzugt* eine Person Q des anderen Geschlechts gegenüber einer weiteren Person R des anderen Geschlechts (in Zeichen: $Q \underset{P}{<} R$), wenn Q in der Präferenzliste von P vor R steht.
- Eine *Zuordnung* ist eine bijektive Funktion, die jeder Person P eineindeutig einen Partner P° des anderen Geschlechts zuordnet.
- Eine Zuordnung ist *labil*, wenn es einen Mann M und eine Frau F gibt, die zusammen *die Stabilität der Zuordnung gefährden*, das heißt:
  - $F \underset{M}{<} M^\circ$, d. h. M bevorzugt F gegenüber der ihm zugeordneten Frau M°
  - $M \underset{F}{<} F^\circ$, d. h. F bevorzugt M gegenüber dem ihr zugeordneten Mann F°

  Andernfalls ist die Zuordnung *stabil*.
- Gesucht ist eine stabile Zuordnung.

4.4.2 Algorithmische Lösung

Herrenwahl

1 Am Anfang sind alle Personen solo

2 Solange es einen Mann M gibt, der noch oder wieder solo ist:

  1 M fragt die erste Frau F auf seiner Präferenzliste, die er noch nicht gefragt hat

  2 Wenn F noch solo ist:

    M und F bilden ein (vorläufiges) Paar, d. h. beide sind dann nicht mehr solo

  3 Andernfalls hat F bereits einen (vorläufigen) Mann $\tilde{M}$

    Wenn $M \underset{F}{<} \tilde{M}$:

    1 F trennt sich von $\tilde{M}$, d. h. anschließend ist $\tilde{M}$ wieder solo

    2 M und F bilden ein neues (vorläufiges) Paar

Damenwahl

Analog mit vertauschten Rollen

4.4.3 Beispiel

Anton
1. Hanna
2. Berta
3. Doris
4. Frieda

Christian
1. Hanna
2. Berta
3. Frieda
4. Doris

Emil
1. Doris
2. Frieda
3. Berta
4. Hanna

Gustav
1. Berta
2. Hanna
3. Frieda
4. Doris

Berta
1. Christian
2. Anton
3. Gustav
4. Emil

Doris
1. Anton
2. Christian
3. Gustav
4. Emil

Frieda
1. Gustav
2. Anton
3. Christian
4. Emil

Hanna
1. Emil
2. Christian
3. Anton
4. Gustav

4.4.4 Korrektheit und weitere Eigenschaften

- Die folgenden Aussagen gelten für Herrenwahl.
- Wenn man die Rollen von Männern und Frauen vertauscht, erhält man entsprechende Aussagen für Damenwahl.

Behauptung 1

- Es gibt keinen Mann, der von jeder Frau abgewiesen wird.

Beweis

- Wenn ein Mann von einer Frau abgewiesen wird, dann hat diese in diesem Moment einen anderen Mann.
- Sobald eine Frau einmal einen Mann hat, hat sie bis zum Ende immer einen Mann.
- Wenn ein Mann von allen Frauen abgewiesen werden würde, dann wäre er am Ende solo, während jede Frau einen Mann hätte, was aber nicht sein kann, weil es gleich viele Männer und Frauen gibt.

Folgerungen

- Der Algorithmus terminiert:
  Spätestens nach N „Versuchen“ hat jeder Mann eine Frau, die er nicht wieder verliert, d. h. er ist dann dauerhaft nicht mehr solo.

- Der Algorithmus ist wohldefiniert:
  Wenn ein Mann solo ist, dann gibt es noch mindestens eine Frau auf seiner Präferenzliste, die er noch nicht gefragt hat.

- Am Ende hat jeder Mann eine Frau und damit auch jede Frau einen Mann, d. h. der Algorithmus ermittelt wirklich eine Zuordnung.

Behauptung 2

- Der Algorithmus ermittelt eine stabile Zuordnung.

Beweis

- Nach Ausführung des Algorithmus gilt für jeden Mann M und jede Frau F:
  - Wenn $F \underset{M}{\geq} M^{\circ}$ gilt, dann stellen M und F keine Gefahr für die Stabilität der Zuordnung dar.
  - Wenn $F \underset{M}{<} M^{\circ}$ gilt, dann hat M F vor M° gefragt und wurde offenbar (sofort oder später) wegen eines anderen Manns $\tilde{M}$ mit $\tilde{M} \underset{F}{<} M$ abgewiesen.
  - Da sich eine Frau während der Durchführung des Algorithmus nicht mehr „verschlechtern“ kann, gilt außerdem $F^{\circ} \underset{F}{\leq} \tilde{M}$ und somit $F^{\circ} \underset{F}{<} M$.
  - Also stellen M und F auch in diesem Fall keine Gefahr für die Stabilität der Zuordnung dar.
- Also ist die Zuordnung stabil.

Folgerung

- Es gibt immer eine stabile Zuordnung.

Definition

- Für eine Person P sei P^+ der beste und P^- der schlechteste Partner, den P bei einer stabilen Zuordnung bekommen kann, das heißt:
  - Es gibt eine stabile Zuordnung, bei der $P^\circ = P^+$ ist.
  - Es gibt eine (möglicherweise andere) stabile Zuordnung, bei der $P^\circ = P^-$ ist.
  - Für jede stabile Zuordnung gilt: $P^+ \underset{P}{\leq} P^\circ \underset{P}{\leq} P^-$.

Behauptung 3

- Der Algorithmus ordnet jedem Mann M seine optimale Frau M^+ zu.

Beweis durch Widerspruch

- Annahme: Es gibt einen Mann M, dem vom Algorithmus eine Frau M° mit $M^\circ \underset{M}{>} M^+$ zugeordnet wird.
- Das heißt: M wird während der Durchführung des Algorithmus von seiner optimalen Frau M^+ wegen eines anderen Manns $\tilde{M}$ mit $\tilde{M} \underset{M^+}{<} M$ abgewiesen, d. h. $\tilde{M}$ und M^+ bilden in diesem Moment ein Paar.

- Wenn es mehrere Männer gibt, denen das passiert, sei M derjenige, dem dies während der Durchführung des Algorithmus als erstem passiert.
- $\tilde{M}$ wurde bis dahin genau von den Frauen F abgewiesen, für die $F \underset{\tilde{M}}{<} M^+$ gilt.
- Da M der erste Mann ist, der von seiner optimalen Frau abgewiesen wird, wurde $\tilde{M}$ von seiner optimalen Frau $\tilde{M}^+$ noch nicht abgewiesen, d. h. für $\tilde{M}^+$ gilt nicht $\tilde{M}^+ \underset{\tilde{M}}{<} M^+$, sondern vielmehr $\tilde{M}^+ \underset{\tilde{M}}{\geq} M^+$.
- Sei Z irgendeine stabile Zuordnung, bei der M seine optimale Frau M^+ bekommt, und sei $\tilde{F}$ die Frau von $\tilde{M}$ bei dieser Zuordnung.
- Für diese Frau $\tilde{F}$ gilt natürlich: $\tilde{F} \underset{\tilde{M}}{\geq} \tilde{M}^+$.
- Aus $\tilde{F} \underset{\tilde{M}}{\geq} \tilde{M}^+$ und $\tilde{M}^+ \underset{\tilde{M}}{\geq} M^+$ folgt insgesamt: $\tilde{F} \underset{\tilde{M}}{\geq} M^+$.
- Da $\tilde{F}$ in der Zuordnung Z zu $\tilde{M}$ und M^+ zu M gehört, muss $\tilde{F} \neq M^+$ sein und somit $\tilde{F} \underset{\tilde{M}}{>} M^+$ gelten.

- Da außerdem $\tilde{M} \underset{M^+}{<} M$ gilt (siehe oben), stellen $\tilde{M}$ und M^+ eine Gefahr für die Stabilität der Zuordnung Z dar.

- Dies steht im Widerspruch dazu, dass Z eine stabile Zuordnung ist.

Folgerung

- Da der Algorithmus jedem Mann – unabhängig von der Reihenfolge, in der die Männer durchlaufen werden – immer seine optimale Frau zuordnet, spielt die Reihenfolge offenbar keine Rolle.

Behauptung 4

- Der Algorithmus ordnet jeder Frau F den schlechtestmöglichen Mann F^- zu.

Beweis durch Widerspruch

- Annahme: Es gibt eine Frau F, der vom Algorithmus ein Mann $\tilde{M} = F^\circ$ mit $\tilde{M} \underset{F}{<} F^-$ zugeordnet wird.
- Sei Z eine stabile Zuordnung, bei der F und F^- ein Paar bilden, und sei $\tilde{F}$ die Frau von $\tilde{M}$ bei dieser Zuordnung.
- Da der Algorithmus jedem Mann seine optimale Frau zuordnet, gilt: $F = \tilde{M}^\circ \underset{\tilde{M}}{<} \tilde{F}$.
- Damit stellen F und $\tilde{M}$ eine Gefahr für die Stabilität der Zuordnung Z dar.
- Dies steht im Widerspruch dazu, dass Z eine stabile Zuordnung ist.

4.4.5 Laufzeit

- Jeder der N Männer fragt im schlimmsten Fall jede der N Frauen.
- Daher beträgt die Laufzeit des Algorithmus $O(N^2)$.

4.4.6 Anwendungsbeispiel

- Gegeben seien Projekte $P_1, \ldots, P_K$ mit Mitarbeiterbedarf $N_1, \ldots, N_K$ sowie $N = N_1 + \ldots + N_K$ Mitarbeiter.

- Jeder Mitarbeiter erstellt eine Präferenzliste der Projekte (d. h. eine Permutation von $P_1, \ldots, P_K$).

- Jedes Projekt P_i wird durch N_i „Strohmänner“ P_{ij} ($j = 1, \ldots, N_i$) repräsentiert, die alle die gleiche Präferenzliste der Mitarbeiter (d. h. eine Permutation von $M_1, \ldots, M_N$) haben, die z. B. vom Projektleiter erstellt wird.

- In den Präferenzlisten der Mitarbeiter wird jedes Projekt P_i durch die Folge der zugehörigen Strohmänner ersetzt.

- Dann kann der Algorithmus mit den N Mitarbeitern und den N Strohmännern ausgeführt werden, um eine möglichst gute Zuordnung der Mitarbeiter zu den Projekten zu ermitteln.

- Je nachdem, ob die Mitarbeiter oder die Strohmänner die Rolle der Männer spielen, erhält man entweder eine für die Mitarbeiter oder für die Projekte (bzw. Projektleiter) optimale Zuordnung.

5 Graphalgorithmen

5.1 Definitionen

5.1.1 Gerichtete und ungerichtete Graphen

- Ein *Graph* ist ein Paar $G = (V, E)$ mit einer endlichen Menge V von *Knoten* oder *Ecken* (engl. vertices) und einer zugehörigen Menge E von *Kanten* (engl. edges).

- Wenn E eine Teilmenge von $V \times V = \{ (u, v) \mid u, v \in V \}$ ist, heißt der Graph *gerichtet*. (Eine Kante $(u, v) \in E$ geht von u nach v, aber nicht umgekehrt.)

- Wenn E eine Teilmenge von $\{ \{ u, v \} \mid u, v \in V \}$ ist, heißt der Graph *ungerichtet*. (Eine Kante $\{ u, v \} = \{ v, u \} \in E$ geht sowohl von u nach v als auch umgekehrt.)

- Ein ungerichteter Graph kann auch als gerichteter Graph aufgefasst werden, in dem es zu jeder Kante (u, v) auch die entgegengesetzte Kante (v, u) gibt.

- Eine Kante (v, v) oder $\{ v, v \} = \{ v \}$ von einem Knoten v zu sich selbst heißt *Schlinge*.

5.1.2 Adjazenzlisten und -matrizen

- Wenn es in einem Graphen eine Kante von einem Knoten u zu einem Knoten v gibt, heißt u *Vorgänger* von v und v *Nachfolger* von u.

- Die *Adjazenzliste* eines Knotens enthält alle Nachfolger dieses Knotens in irgendeiner Reihenfolge.

- Die *Adjazenzlistendarstellung* eines Graphen besteht aus den Adjazenzlisten aller Knoten des Graphen.

- Die *Adjazenzmatrix* eines Graphen mit $N = |V|$ Knoten ist eine Matrix A mit $N \times N$ Elementen a_{uv}. Jedes a_{uv} ist 1, wenn es eine Kante von u nach v gibt, andernfalls 0.

  Formal: $A: V \times V \to \{0, 1\}$ mit $A(u, v) = \begin{cases} 1, \text{ wenn } (u, v) \in E \text{ bzw. } \{u, v\} \in E \\ 0 \text{ sonst} \end{cases}$

  Folgerung: $|E| \leq |V|^2$

- Die Adjazenzmatrix eines ungerichteten Graphen ist symmetrisch.

- Die Adjazenzlistendarstellung eines Graphen $G = (V, E)$ hat die Größe $O(|V| + |E|)$, die Adjazenzmatrix $O\left(|V|^2\right)$.

5.1.3 Weitere Begriffe

- Ein *Weg* oder *Pfad* von einem Knoten u zu einem Knoten v ist eine Folge paarweise verschiedener Knoten $w_0, \ldots, w_n$ mit $u = w_0$, Kanten von w_{i-1} nach w_i für $i = 1, \ldots, n$ und $w_n = v$.

- Die Anzahl n der Kanten heißt *Länge* des Wegs.
(Der Fall $n = 0$ als *leerer Weg* von einem Knoten zu sich selbst ist zulässig.)

- Wenn es einen Weg von u nach v gibt, heißt v von u aus *erreichbar*.
(Insbesondere ist jeder Knoten von sich selbst aus erreichbar.)

- Die *Distanz* $\delta(u, v)$ zwischen u und v ist entweder die Länge eines kürzesten Wegs von u nach v, falls v von u aus erreichbar ist, oder andernfalls ∞.
(Insbesondere ist $\delta(v, v) = 0$ für jeden Knoten $v \in V$.)

- Wenn $w_0, \ldots, w_n$ ein Weg ist und es eine Kante von w_n nach w_0 gibt, heißt die Knotenfolge $w_0, \ldots, w_n, w_0$ *Zyklus* oder *Kreis*.
(Beachte: Die Knotenfolge $w_0, \ldots, w_n, w_0$ ist kein Weg, weil ihre Knoten nicht alle verschieden sind.)

- Ein Graph ohne Zyklen heißt *azyklisch* oder *zyklenfrei*.

- Eine *Verbindung* zweier Knoten u und v ist eine Folge paarweise verschiedener Knoten $w_0, \ldots, w_n$ mit $u = w_0$, Kanten von w_{i-1} nach w_i oder umgekehrt für $i = 1, \ldots, n$ und $w_n = v$. (In einem ungerichteten Graphen sind Verbindung und Weg gleichbedeutend.)

- Ein Graph heißt *zusammenhängend*, wenn es von jedem Knoten eine Verbindung zu jedem anderen Knoten gibt.

- Ein gerichteter Graph heißt *stark zusammenhängend*, wenn es von jedem Knoten einen Weg zu jedem anderen Knoten gibt, d. h. wenn jeder Knoten von jedem anderen Knoten aus erreichbar ist.

- Für einen zusammenhängenden Graphen gilt: $|E| \geq |V| - 1$.

- Ein zusammenhängender Graph $G = (V, E)$ heißt *Baum*, wenn $|E| = |V| - 1$ gilt. (Zu jedem Knoten außer der Wurzel gibt es genau eine Kante, die ihn mit seinem übergeordneten Knoten verbindet. Je nach Art des Baums, können diese Kanten ungerichtet, „von oben nach unten“ gerichtet oder „von unten nach oben“ gerichtet sein. Bei einem ungerichteten Baum kann jeder Knoten die Rolle des Wurzelknotens spielen.)

- Eine Menge von Bäumen heißt *Wald*.

Anmerkungen zur Definition von Zyklen

- Aus der obigen Definition eines Zyklus folgt, dass ein ungerichteter Graph mit mindestens einer Kante $\{u, v\} = \{v, u\}$ immer Zyklen u, v, u und v, u, v enthält.
- Damit ist die Charakterisierung eines Baums als zusammenhängender, azyklischer Graph (vgl. Wikipedia) für ungerichtete Graphen falsch.
- Um solche „unerwünschten“ Zyklen zu vermeiden, könnte man zusätzlich verlangen, dass die Kanten auf einem Zyklus paarweise verschieden sind.
- Dann bestünde jedoch ein feiner Unterschied zwischen einem ungerichteten Graphen und dem entsprechenden gerichteten Graphen, in dem es zu jeder Kante auch die entgegengesetzte Kante gibt: Der ungerichtete Graph könnte dann azyklisch sein, der gerichtete Graph wäre jedoch immer zyklisch (sofern es mindestens eine Kante gibt).

5.2 Breitensuche (breadth-first search)

5.2.1 Problemstellung

Gegeben

- Graph $G = (V, E)$
- Startknoten $s \in V$

Gesucht

- Alle Knoten $v \in V$, die vom Startknoten s aus erreichbar sind

Genauer

- $\delta(s, v)$ für alle Knoten $v \in V$
- Ein kürzester Weg von s nach v für alle von s aus erreichbaren Knoten $v \in V$

5.2.2 Algorithmus

1 Für jeden Knoten $v \in V \setminus \{ s \}$:

  Setze $\delta(v) = \infty$ und $\pi(v) = \perp$.

2 Setze $\delta(s) = 0$ und $\pi(s) = \perp$.

3 Füge s in eine FIFO-Warteschlange ein.

4 Solange die Warteschlange nicht leer ist:

  1 Entnimm den ersten Knoten u aus der Warteschlange.

  2 Für jeden Nachfolger v von u:

    Wenn $\delta(v) = \infty$ ist:

    1 Setze $\delta(v) = \delta(u) + 1$ und $\pi(v) = u$.

    2 Füge v am Ende der Warteschlange an.

5.2.3 Laufzeit

- Initialisierung (Schritt 1 und 2): $O(|V|)$
- Eigentliche Suche (Schritt 3 und 4): $O(|V| + |E|)$
  - Die äußere Schleife wird für jeden Knoten höchstens einmal durchlaufen, da jeder Knoten höchstens einmal in die Warteschlange eingefügt wird.
  - Damit wird die innere Schleife insgesamt höchstens $\sum_{u \in V} \gamma(u) = |E|$ mal durchlaufen, wobei $\gamma(u)$ = Grad des Knotens u = Anzahl der Nachfolger von u = Anzahl der von u ausgehenden Kanten.
- Insgesamt also: $O(|V| + |E|)$

5.2.4 Ergebnis

Nach Ausführung des Algorithmus gilt:

- $\delta(v) = \delta(s, v)$ für alle $v \in V$
- Wenn $v \neq s$ von s aus erreichbar ist, dann ist $\pi(v)$ der Vorgänger von v auf einem kürzesten Weg von s nach v, das heißt: Der kürzeste Weg von s nach v lautet $w_n, \ldots, w_0$ mit $w_0 = v$ und $w_i = \pi(w_{i-1})$ für $i = 1, \ldots, n$ mit $n = \delta(v)$.

5.2.5 Vorgängergraph einer Breitensuche (Breitensuchebaum)

- $G_\pi = (V_\pi, E_\pi)$ mit
  - $V_\pi = \{ v \in V \mid \delta(v) < \infty \}$ = Menge aller vom Startknoten s aus erreichbaren Knoten
  - $E_\pi = \{ (\pi(v), v) \mid v \in V_\pi \setminus \{ s \} \} \subseteq E$

  ist ein Baum mit Wurzel s,
  der alle von s aus erreichbaren Knoten des Graphen G enthält.

- Auf Ebene d dieses Baums befinden sich alle Knoten v mit $\delta(s, v) = d$.

5.2.6 Anwendungsbeispiel

Automatische Speicherbereinigung (garbage collection), z. B. in Java

- $V = \{ v \mid$ Objekt v wurde mit `new` erzeugt $\}$
- $E = \{ (u, v) \in V \times V \mid$ eine Objektvariable von u verweist auf $v \}$
- $S = \{ s \in V \mid$ eine Klassenvariable oder eine lokale Variable verweist auf Objekt $s \}$
- Die Breitensuche wird (nach einmaliger Initialisierung aller Knoten/Objekte) für alle Objekte $s \in S$ nacheinander ausgeführt.
- $\pi(v)$ wird nicht benötigt.
- Statt $\delta(v)$ genügt die binäre Information, ob v von irgendeinem Objekt $s \in S$ aus erreichbar ist oder nicht.
- Objekte, die auf diese Weise nicht erreichbar sind, können gelöscht werden.

5.3 Tiefensuche (depth-first search) und topologische Sortierung

5.3.1 Problemstellung

- Ordne die Knoten eines Graphen $G = (V, E)$ von links nach rechts in „Hierarchien“ an, sodass keine Kanten von links nach rechts zeigen.
- Nebenbei kann überprüft werden, ob der Graph einen Zyklus enthält oder nicht.
- Wenn er azyklisch ist, können die Knoten auch sequentiell von links nach rechts angeordnet werden, ohne dass Kanten von links nach rechts zeigen (*topologische Sortierung*).
- Während der Suche erhält jeder Knoten $v \in V$ einen *Vorgänger* $\pi(v)$ im *Tiefensuche-wald* sowie eine *Entdeckungszeit* $\delta(v) \in \mathbb{N}$ und eine *Abschlusszeit* $\varphi(v) \in \mathbb{N}$ mit $1 \leq \delta(v) < \varphi(v) \leq 2\,|V|$.
- Damit besitzt jeder Knoten außerdem zu jedem Zeitpunkt eine *Farbe*:
  - Ein Knoten ist *weiß*, wenn er noch nicht entdeckt wurde, d. h. wenn er noch keine Entdeckungs- und Abschlusszeit besitzt.
  - Ein Knoten ist *grau*, wenn er gerade bearbeitet wird, d. h. wenn er eine Entdeckungs-, aber noch keine Abschlusszeit besitzt.
  - Ein Knoten ist *schwarz*, wenn seine Bearbeitung abgeschlossen ist, d. h. wenn er sowohl eine Entdeckungs- als auch eine Abschlusszeit besitzt.

5.3.2 Algorithmus

Für jeden Knoten $u \in V$:

Wenn u weiß ist:

1. Setze $\pi(u) = \perp$.
2. Durchsuche den zu u gehörenden Teilgraphen, das heißt:
   1. Setze $\delta(u)$ auf den nächsten Zeitwert aus der Menge $\{1, \ldots, 2 \cdot |V|\}$.
   2. Für jeden Nachfolger v von u:

      Wenn v weiß ist:

      1. Setze $\pi(v) = u$.
      2. Durchsuche rekursiv den zu v gehörenden Teilgraphen.
   3. Setze $\varphi(u)$ auf den nächsten Zeitwert aus der Menge $\{1, \ldots, 2 \cdot |V|\}$.

5.3.3 Laufzeit

- Die äußere Schleife wird für jeden Knoten genau einmal durchlaufen.
- Die rekursive Operation „Durchsuchen“ wird für jeden Knoten genau einmal ausgeführt.
- Damit wird die innere Schleife in dieser Operation insgesamt $\sum_{u \in V} \gamma(u) = |E|$ mal durchlaufen.
- Damit ergibt sich als Laufzeit: $O(|V| + |E|)$

5.3.4 Vorgängergraph einer Tiefensuche (Tiefensuchewald)

- $G_\pi = (V, E_\pi)$ mit $E_\pi = \{ (\pi(v), v) \mid v \in V, \pi(v) \neq \perp \} \subseteq E$
  ist eine Menge von Bäumen, d. h. ein Wald.

5.3.5 Klassifikation der Kanten

Nach der Ausführung einer Tiefensuche gilt für die Bearbeitungszeiträume $\Sigma(u) = [\delta(u), \varphi(u)]$ und $\Sigma(v) = [\delta(v), \varphi(v)]$ zweier beliebiger Knoten $u, v \in V$ mit $u \neq v$ immer genau eine der folgenden Beziehungen:

- $\Sigma(u) \supset \Sigma(v)$, d. h. $\delta(u) < \delta(v) < \varphi(v) < \varphi(u)$
  - v wurde während der Bearbeitung von u entdeckt.
  - Damit ist v ein direkter oder indirekter Nachfolger von u in einem Baum des Tiefensuchewalds.
  - Wenn es eine Kante von u nach v gibt, geht sie im Tiefensuchewald von oben nach unten und wird deshalb entweder als *Baumkante* (tree edge) – wenn sie zur Menge E_π gehört – oder andernfalls als *Abwärts-* oder *Vorwärtskante* (forward edge) bezeichnet.
- $\Sigma(u) \subset \Sigma(v)$, d. h. $\delta(v) < \delta(u) < \varphi(u) < \varphi(v)$
  - u wurde während der Bearbeitung von v entdeckt.
  - Damit ist v ein direkter oder indirekter Vorgänger von u in einem Baum des Tiefensuchewalds.
  - Wenn es eine Kante von u nach v gibt, geht sie im Tiefensuchewald von unten nach oben und wird deshalb als *Aufwärts-* oder *Rückwärtskante* (back edge) bezeichnet.
  - Eine Schlinge wird ebenfalls so bezeichnet.

- $\Sigma(u) > \Sigma(v)$, d. h. $\delta(v) < \varphi(v) < \delta(u) < \varphi(u)$
  - u wurde nach der Bearbeitung von v entdeckt.
  - Damit ist v weder ein Nachfolger noch ein Vorgänger von u in einem Baum des Tiefensuchewalds.
  - Wenn es eine Kante von u nach v gibt, geht sie im Tiefensuchewald von rechts nach links und wird deshalb als *Querkante* (cross edge) bezeichnet.
- $\Sigma(u) < \Sigma(v)$, d. h. $\delta(u) < \varphi(u) < \delta(v) < \varphi(v)$
  - v wurde nach der Bearbeitung von u entdeckt.
  - Damit ist v weder ein Nachfolger noch ein Vorgänger von u in einem Baum des Tiefensuchewalds.
  - Wenn es eine Kante von u nach v gäbe, müsste sie im Tiefensuchewald von links nach rechts gehen.
  - Aber wenn es eine solche Kante gäbe, dann hätte der Algorithmus den Knoten v spätestens während der Bearbeitung von u über diese Kante entdeckt, d. h. dann würde entweder $\Sigma(v) < \Sigma(u)$ (Entdeckung und Bearbeitung von v bereits vor der Bearbeitung von u) oder $\Sigma(v) \subset \Sigma(u)$ (Entdeckung und Bearbeitung von v während der Bearbeitung von u) gelten.
  - Daher gibt es im Tiefensuchewald niemals Kanten von links nach rechts.

Aufgrund der Rekursionsstruktur des Algorithmus ist eine Überlappung der Bearbeitungszeiträume, d. h. $\delta(u) < \delta(v) < \varphi(u) < \varphi(v)$ oder $\delta(v) < \delta(u) < \varphi(v) < \varphi(u)$, nicht möglich.

5.3.6 Topologische Sortierung

Problemstellung

- Die Kanten eines azyklischen gerichteten Graphen definieren eine *partielle Ordnung* der Knoten: $u \leq v$ gdw. u ist von v aus erreichbar.
- Gesucht ist eine sequentielle Anordnung der Knoten von links nach rechts, die mit dieser partiellen Ordnung *kompatibel* ist, d. h. in der keine Kanten von links nach rechts verlaufen.

Lösung: Erweiterte Tiefensuche

- Für jeden Nachfolger v von u wird zusätzlich überprüft, ob er grau ist.
  Wenn ja, handelt es sich bei der Kante (u, v) um eine Rückwärtskante.
  In diesem Fall enthält der Graph einen Zyklus und kann daher nicht topologisch sortiert werden.
- Wenn jeder Knoten u nach Abschluss seiner Verarbeitung am Ende einer linearen Liste angefügt wird, enthält diese Liste nach Beendigung der Tiefensuche die Knoten in der gewünschten Reihenfolge.

Anwendungsbeispiele

- Abhängigkeiten zwischen Software-Komponenten, Begriffsdefinitionen, ...

5.4 Zusammenhangskomponenten

5.4.1 Definitionen

- Eine *Zusammenhangskomponente* eines Graphen ist eine Äquivalenzklasse der Relation „es gibt eine Verbindung von u nach v“, d. h. zwei Knoten gehören genau dann zur gleichen Zusammenhangskomponente, wenn es eine Verbindung zwischen ihnen gibt.

- Eine *starke Zusammenhangskomponente* eines gerichteten Graphen ist eine Äquivalenzklasse der Relation „u ist von v aus erreichbar und umgekehrt“, d. h. zwei Knoten u und v gehören genau dann zur gleichen starken Zusammenhangskomponente, wenn u von v aus erreichbar ist und umgekehrt.

- Für einen gerichteten Graphen $G = (V, E)$ heißt der Graph $G^T = \left(V, E^T\right)$ mit $E^T = \{ (v, u) \mid (u, v) \in E \}$ *transponierter Graph* von G.
  (Die Adjazenzmatrix von G^T ist die transponierte Matrix der Adjazenzmatrix von G.)

- Offensichtlich besitzen G und G^T die gleichen starken Zusammenhangskomponenten.

5.4.2 Bestimmung von Zusammenhangskomponenten

- Die Zusammenhangskomponenten eines ungerichteten Graphen können direkt durch eine Tiefensuche bestimmt werden:
  Jeder Baum des resultierenden Tiefensuchewalds entspricht direkt einer Zusammenhangskomponente.

- Die Zusammenhangskomponenten eines gerichteten Graphen $G = (V, E)$ können analog durch eine Tiefensuche im Graphen $G' = \left(V, E \cup E^{\mathrm{T}}\right)$ bestimmt werden.

- Die starken Zusammenhangskomponenten eines gerichteten Graphen $G = (V, E)$ können wie folgt durch zwei aufeinanderfolgende Tiefensuchen bestimmt werden:
  - Führe eine erste Tiefensuche auf G aus, um die Abschlusszeiten $\varphi(u)$ aller Knoten $u \in V$ zu bestimmen.
  - Führe eine zweite Tiefensuche auf G^{T} aus, in der die Knoten u in der äußeren Schleife in absteigender Reihenfolge dieser Abschlusszeiten $\varphi(u)$ durchlaufen werden.
  - Jeder Baum des resultierenden Tiefensuchewalds der zweiten Tiefensuche entspricht einer starken Zusammenhangskomponente von G (und von G^{T}).

- Ein Graph ist genau dann (stark) zusammenhängend, wenn er genau eine (starke) Zusammenhangskomponente besitzt.

5.4.3 Korrektheit der Bestimmung starker Zusammenhangskomponenten

Behauptung

Jeder Baum des zweiten Tiefensuchewalds ist eine starke Zusammenhangskomponente des Graphen G.

Beweis durch vollständige Induktion

nach der Anzahl n der bis jetzt von der zweiten Tiefensuche ermittelten Bäume

Induktionsanfang $n = 0$: Hier ist nichts zu zeigen.

Induktionsschritt $n \to n + 1$:

- Nach Induktionsvoraussetzung sind die bis jetzt ermittelten n Bäume starke Zusammenhangskomponenten des Graphen.
- Zu zeigen:
  Der nächste ermittelte Baum ist ebenfalls eine starke Zusammenhangskomponente.
- Sei r der Knoten, für den in der äußeren Schleife der zweiten Suche als nächstes die Operation „Durchsuchen“ ausgeführt wird und der somit die Wurzel dieses nächsten Tiefensuchebaums wird.

- Da die Knoten in dieser Schleife nach absteigenden Abschlusszeiten der ersten Suche durchlaufen werden, besitzt r von allen Knoten, die in der zweiten Suche noch nicht entdeckt wurden, die größte Abschlusszeit.

- Somit gilt für alle anderen Knoten v, die von der zweiten Suche noch nicht entdeckt wurden (vgl. § 5.3.5):
  - Entweder: $\delta(r) < \delta(v) < \varphi(v) < \varphi(r)$,
    d. h. v ist ein direkter oder indirekter Nachfolger von r in einem Baum der ersten Suche und somit in G von r aus erreichbar.
  - Oder: $\delta(v) < \varphi(v) < \delta(r) < \varphi(r)$,
    d. h. v liegt im ersten Tiefensuchewald links von r.
    Da es in diesem Wald keine Kanten des Graphen G von links nach rechts gibt, gibt es im transponierten Graphen G^T keine Kanten von rechts nach links.
    Daraus folgt, dass v in G^T von r aus *nicht* erreichbar ist.

- Daraus folgt, dass die zweite Suche in G^T von r aus *nur* Knoten finden wird, die auch in G von r aus erreichbar sind und somit zur starken Zusammenhangskomponente von r gehören.
  (Diese Komponente enthält ja genau diejenigen Knoten, die sowohl in G als auch in G^T von r aus erreichbar sind.)

- Außerdem werden dabei *alle* Knoten gefunden, die in G^T von r aus erreichbar sind und von der zweiten Suche nicht schon früher gefunden wurden.

- Das bedeutet umgekehrt für alle Knoten v, die dabei nicht gefunden werden:
  - Entweder ist v in G^T nicht von r aus erreichbar und gehört deshalb nicht zur starken Zusammenhangskomponente von r.
  - Oder v wurde bereits früher gefunden und gehört deshalb nach Induktionsvoraussetzung zu einer anderen starken Zusammenhangskomponente.

- Also werden *genau* diejenigen Knoten gefunden, die zur starken Zusammenhangskomponente von r gehören.

5.5 Minimale Spannbäume (minimum spanning trees)

5.5.1 Definitionen

- Ein *gewichteter Graph* ist ein Graph $G = (V, E)$ mit einer zugehörigen *Gewichtsfunktion* $\rho: E \to \mathbb{R}$, die jeder Kante $e \in E$ ein *Gewicht* $\rho(e) \in \mathbb{R}$ zuordnet.

- Abkürzend wird auch $\rho(u, v)$ statt $\rho((u, v))$ bzw. $\rho(\{u, v\})$ geschrieben.

- Wenn nichts anderes gesagt wird, sind prinzipiell auch negative Kantengewichte zulässig.

- Das Gewicht einer Kantenmenge $T \subseteq E$ ist die Summe $\rho(T) = \sum_{e \in T} \rho(e)$ der Gewichte aller Kanten $e \in T$.

- Ein *Spannbaum* eines ungerichteten Graphen $G = (V, E)$ ist ein Baum (V, T), der alle Knoten des Graphen und eine Teilmenge $T \subseteq E$ seiner Kanten enthält.
(Ein Graph besitzt genau dann einen Spannbaum, wenn er zusammenhängend ist.)

- Abkürzend wird auch die Kantenmenge T eines Spannbaums (V, T) als Spannbaum bezeichnet.

- Ein *minimaler Spannbaum* (minimum spanning tree) eines zusammenhängenden, ungerichteten, gewichteten Graphen $G = (V, E)$ mit Gewichtsfunktion ρ ist ein Spannbaum T mit minimalem Gewicht, d. h. $\rho(T) \leq \rho(T')$ für jeden Spannbaum T' von G.

5.5.2 Allgemeines Konstruktionsprinzip

Lemma

- Sei (V, T) ein ungerichteter Baum und $u, v \in V$ zwei Knoten dieses Baums.
- Da der Baum ungerichtet und jeder Baum zusammenhängend ist, gibt es in diesem Baum einen Weg von u nach v.
- $c' = \{u', v'\}$ sei irgendeine Kante auf diesem Weg, d. h. der Weg lautet $u, \ldots, u', v', \ldots, v$, wobei $u = u'$ und/oder $v = v'$ möglich ist.

Behauptung:

- Wenn man die Kante c' aus dem Baum entfernt und stattdessen die Kante $c = \{u, v\}$ hinzufügt, ist das Resultat (V, T') mit $T' = T \setminus \{c'\} \cup \{c\}$ wiederum ein Baum.

Beweis:

1. (V, T') ist zusammenhängend:
   - Der Weg von u nach v besteht aus dem (eventuell leeren) Teilstück von u nach u', der Kante $\{u', v'\}$ und dem (eventuell ebenfalls leeren) Teilstück von v' nach v, d. h. in T gibt es auch Wege von u nach u' (und umgekehrt) sowie von v' nach v (und umgekehrt).
   - Seien nun $x, y \in V$ zwei beliebige Knoten.
   - Da T ein ungerichteter Baum ist, gibt es in T einen Weg von x nach y.
   - Wenn dieser Weg die Kante c' nicht enthält, liegt er vollständig in der modifizierten Kantenmenge T'.
   - Andernfalls kann die Kante c' durch den „Umleitungsweg“ $u', \ldots, u, v, \ldots, v'$ (oder umgekehrt) ersetzt werden, der stattdessen die Kante c – und somit nur Kanten aus T' – enthält.
     Falls die so gebildete Knotenfolge kein Weg mehr ist, weil sie einen oder mehrere Knoten mehrmals enthält, kann man die Teilfolge vom ersten bis zum letzten Auftreten eines Knotens jeweils durch ein einzelnes Auftreten dieses Knotens ersetzen, um wieder einen korrekten Weg zu erhalten.
   - Somit ist in T' jeder Knoten von jedem anderen Knoten aus erreichbar.

2. (V, T') ist Baum:

   - Gemäß Definition in § 5.1.3 ist ein Baum ein zusammenhängender Graph, der eine Kante weniger als Knoten besitzt.
   - Da T' zusammenhängend ist, T ein Baum ist und T' genauso viele Knoten und Kanten wie T besitzt, ist T' ebenfalls ein Baum.

Satz

- Sei $G = (V, E)$ ein ungerichteter, gewichteter Graph mit Gewichtsfunktion ρ.
- Sei Q eine nichtleere, echte Teilmenge der Knotenmenge V und $R = V \setminus Q$ die Menge der übrigen Knoten, die somit ebenfalls eine nichtleere, echte Teilmenge von V ist.
- Sei $C = \{\{q, r\} \in E \mid q \in Q, r \in R\}$ die Menge aller Kanten des Graphen, die die Knotenmengen Q und R verbinden.
- Behauptung 1:
  Wenn die Menge C dieser Kanten leer ist, ist der Graph G nicht zusammenhängend.
- Andernfalls sei $c \in C$ eine derartige Kante mit minimalem Gewicht, d. h. $\rho(c) \leq \rho(c')$ für alle $c' \in C$.
- Sei $S \subseteq T$ eine Teilmenge eines minimalen Spannbaums T von G mit $S \cap C = \emptyset$ und $S' = S \cup \{c\}$.
- Behauptung 2: Es gibt einen minimalen Spannbaum T' mit $S' \subseteq T'$.

Beweis von Behauptung 1:

- Sei $C = \emptyset$.
- Sei $q \in Q$ irgendein Knoten aus Q und $r \in R$ irgendein Knoten aus R.
- Wenn G zusammenhängend wäre, müsste es einen Weg von q nach r geben.
- Sei $q' \in Q$ der letzte Knoten auf diesem Weg, der zur Menge Q gehört (eventuell ist $q' = q$) und $r' \in R$ der nächste Knoten auf dem Weg, der somit zur Menge R gehört (eventuell ist $r' = r$).
- Dann gehört die Kante $\{q', r'\}$ dieses Wegs zur Menge C, d. h. $C \neq \emptyset$. Widerspruch!

Beweis von Behauptung 2:

- Sei nun also $C \neq \emptyset$ und $c = \{q, r\}$ eine Kante aus C mit minimalem Gewicht.
- Wenn T die Kante c bereits enthält, wähle $T' = T$.
- Andernfalls transformiere T wie folgt in einen ebenfalls minimalen Spannbaum T', der die Behauptung erfüllt.

- Da der Graph (V, T) als Baum zusammenhängend ist, gibt es in ihm einen Weg von q nach r.
- Sei $q' \in Q$ wieder der letzte Knoten auf diesem Weg, der zur Menge Q gehört (eventuell ist $q' = q$), und $r' \in R$ der nächste Knoten auf dem Weg, der somit zur Menge R gehört (eventuell ist $r' = r$).
- T enthält also die Kante $c' = \{q', r'\} \in C$.
- Wenn man diese Kante c' durch die Kante c ersetzt, ist die resultierende Kantenmenge $T' = T \setminus \{c'\} \cup \{c\}$ aufgrund des Lemmas wiederum ein Baum.
- Wegen $T' = T \setminus \{c'\} \cup \{c\}$ und $\rho(c) \leq \rho(c')$ für alle $c' \in C$ gilt: $\rho(T') = \rho(T) - \rho(c') + \rho(c) \leq \rho(T)$.
- Da T bereits minimal ist, muss somit auch T' minimal sein.
- Wegen $c' \in C$ und $C \cap S = \emptyset$ gilt $c' \notin S$.
- Wegen $S \subseteq T$ gilt somit auch $S \subseteq T \setminus \{c'\}$ und deshalb $S' = S \cup \{c\} \subseteq T \setminus \{c'\} \cup \{c\} = T'$.

5.5.3 Algorithmus von Prim

Gegeben

- Ungerichteter, gewichteter Graph $G = (V, E)$ mit Gewichtsfunktion ρ
- Startknoten $s \in V$

Algorithmus

1 Füge alle Knoten $v \in V \setminus \{ s \}$
mit Priorität ∞ in eine Minimum-Vorrangwarteschlange ein.

2 Setze $u = s$.

3 Solange die Warteschlange nicht leer ist:

   1 Für jeden Nachfolger v von u:

      Wenn sich v in der Warteschlange befindet
      und das Gewicht w der Kante $\{ u, v \}$ kleiner als die momentane Priorität von v ist:

      1 Setze $\pi(v) = u$.

      2 Erniedrige die Priorität von v auf w.

   2 Entnimm einen Knoten u mit minimaler Priorität.

   3 Wenn die Priorität von u gleich ∞ ist:

      Abbruch, weil der Graph dann nicht zusammenhängend ist.

Laufzeit

- Operationen auf der Vorrangwarteschlange:
  - $(|V| - 1)$-mal Einfügen eines Knotens
  - $|V|$-mal Test, ob die Warteschlange leer ist
  - $|E|$-mal Test, ob ein Knoten enthalten ist
  - $(|V| - 1)$-mal Entnehmen eines Knotens mit minimaler Priorität
  - Maximal $|E|$-mal Erniedrigen der Priorität eines Knotens
    (Der Rumpf der inneren Schleife wird höchstens $|E|$-mal ausgeführt.)

  Insgesamt $O(|V|) + O(|E|) = O(|E|)$,
  da für zusammenhängende Graphen $|E| \geq |V| - 1$ gilt.

- Laufzeit jeder solchen Operation: $O(\log |V|)$,
  da die Warteschlange maximal $|V|$ Einträge enthält.

- Gesamtlaufzeit somit: $O(|E| \log |V|)$

Ergebnis

- Wenn der Graph nicht zusammenhängend ist, bricht der Algorithmus vorzeitig ab.
- Andernfalls ist die Kantenmenge $\{\{\pi(v), v\} \mid v \in V \setminus \{s\}\}$ nach Ausführung des Algorithmus ein minimaler Spannbaum des Graphen.

5.5.4 Algorithmus von Kruskal

Gegeben

- Ungerichteter, gewichteter Graph $G = (V, E)$ mit Gewichtsfunktion ρ

Hilfsdatenstruktur

- Der Algorithmus arbeitet mit einer *Menge disjunkter Teilmengen* von V, deren Vereinigung immer gleich V ist, d. h. jeder Knoten $v \in V$ gehört zu jedem Zeitpunkt zu genau einer Teilmenge.

- Die Bedingung disjoint(u, v) ist genau dann erfüllt, wenn die Knoten u und v momentan zu unterschiedlichen Teilmengen gehören.

- Wenn dies der Fall ist, vereinigt die Operation join(u, v) die beiden Teilmengen, zu denen u bzw. v gehören, zu einer einzigen Teilmenge.
(Das heißt, anschließend ist disjoint(u, v) sowie disjoint(u', v') für alle Knoten u' und v', die vorher zur gleichen Menge wie u bzw. v gehörten, nicht mehr erfüllt.)

- Zu Beginn des Algorithmus gehört jeder Knoten v zu einer eigenen Teilmenge, d. h. disjoint(u, v) ist für alle $u \neq v$ erfüllt.

Algorithmus

1 Setze $S = \emptyset$.

2 Sortiere die Kantenmenge E nach aufsteigenden Gewichten.

3 Für jede Kante $\{u, v\} \in E$ in dieser sortierten Reihenfolge:

   Wenn die Bedingung disjoint(u, v) erfüllt ist:

   1 Setze $S = S \cup \{\{u, v\}\}$.

   2 Führe join(u, v) aus.

4 Wenn $|S| < |V| - 1$ ist:
Abbruch, weil der Graph dann nicht zusammenhängend ist.

Ergebnis

- Wenn der Graph nicht zusammenhängend ist, bricht der Algorithmus am Ende ab.

- Andernfalls ist die Kantenmenge S nach Ausführung des Algorithmus ein minimaler Spannbaum des Graphen.

Laufzeit

- Sortieren der Kantenmenge E (mit einem geeigneten Verfahren):
  $O(|E| \log |E|) = O\left(|E| \log |V|^2\right) = O(|E| \, 2 \log |V|) = O(|E| \log |V|)$
  (Für jeden Graphen gilt: $|E| \leq |V|^2$.)

- Operationen auf der Hilfsdatenstruktur:

  - $|E|$-mal disjoint(u, v)
  - $(|V| - 1)$-mal join(u, v)

  Bei geeigneter Implementierung ist die Laufzeit dieser Operationen jeweils $O(\log |V|)$.
  Somit: $O((|E| + |V|) \log |V|) = O(|E| \log |V|)$
  (Für zusammenhängende Graphen gilt: $|E| \geq |V| - 1$.)

- Gesamtlaufzeit somit: $O(|E| \log |V|)$

Korrektheit

Invariante 1

- Behauptung:
  Nachdem eine Kante $\{u, v\}$ vom Algorithmus verarbeitet wurde, ist die Bedingung disjoint(u, v) dauerhaft nicht (mehr) erfüllt.

- Beweis:
  - Wenn die Bedingung zum Zeitpunkt der Betrachtung der Kante durch den Algorithmus erfüllt ist, wird anschließend join(u, v) ausgeführt, sodass sie anschließend nicht mehr erfüllt ist.
  - Sobald die Bedingung einmal nicht erfüllt ist, bleibt sie dauerhaft nicht erfüllt.

Invariante 2:

- Behauptung:
  Jede Teilmenge der Hilfsdatenstruktur ist zusammenhängend.

- Initialisierung:
  Am Anfang enthält jede Teilmenge genau einen Knoten und ist damit trivialerweise zusammenhängend.

- Aufrechterhaltung:
  Wenn zwei Teilmengen durch join(u, v) verbunden werden:
  - Aufgrund der Invariante ist jede der beiden Teilmengen zusammenhängend.
  - Da die Kante $\{u, v\}$ eine Verbindung zwischen den beiden Teilmengen darstellt, ist ihre Vereinigung ebenfalls zusammenhängend.

Invariante 3

- Behauptung:
  Wenn der Graph zusammenhängend ist und somit einen minimalen Spannbaum besitzt, ist S zu jedem Zeitpunkt Teilmenge eines minimalen Spannbaums.

- Initialisierung:
  Zu Beginn ist $S = \emptyset$ und damit trivialerweise Teilmenge eines minimalen Spannbaums (sofern es einen solchen gibt).

- Aufrechterhaltung:
  Wenn S Teilmenge eines minimalen Spannbaums ist und in Schritt 3.1 eine Kante $\{u, v\}$ hinzugefügt wird:

- Wende den Satz aus § 5.5.2 wie folgt an:
- Sei Q diejenige Teilmenge der Hilfsdatenstruktur, die den Knoten u enthält.
- Da die Bedingung disjoint(u, v) erfüllt ist, gilt jedoch $v \notin Q$ und somit $\{u, v\} \in C$.
- Alle Kanten $\{u', v'\}$, deren Gewicht kleiner als das von $\{u, v\}$ ist, wurden vom Algorithmus aufgrund der Sortierung der Kanten nach aufsteigendem Gewicht bereits früher betrachtet.
  Daraus folgt nach Invariante 1, dass die Bedingung disjoint(u', v') nicht erfüllt ist.
  Daraus folgt entweder $u', v' \in Q$ oder $u', v' \notin Q$ und somit $\{u', v'\} \notin C$.
- Also ist $\{u, v\}$ eine Kante aus C mit minimalem Gewicht.
- Außerdem gilt $\{u', v'\} \notin C$ für alle Kanten $\{u', v'\} \in S$, weil diese ebenfalls schon früher betrachtet wurden. Also gilt $S \cap C = \emptyset$.
- Daraus folgt mit dem Satz, dass $S \cup \{\{u, v\}\}$ wiederum Teilmenge eines minimalen Spannbaums ist.

- Terminierung:
  - Nach Ausführung des Algorithmus ist S also Teilmenge eines minimalen Spannbaums, sofern es einen solchen gibt.

Korrektheit des Algorithmus

- Jedesmal, wenn zur Menge S eine Kante $\{u, v\}$ hinzugefügt wurde, wurde join(u, v) ausgeführt.
  Also wurden insgesamt $|S|$ join-Operationen ausgeführt.

- Jede join-Operation verringert die Anzahl der Teilmengen in der Hilfsdatenstruktur um 1.
  Also gibt es am Ende des Algorithmus noch $n = |V| - |S|$ solche Teilmengen.

- Wenn der Graph zusammenhängend ist:
  - Annahme: $n > 1$
  - Wende wiederum den Satz aus § 5.5.2 an.
  - Sei Q eine der Teilmengen in der Hilfsdatenstruktur.
  - Da für alle Kanten $\{u, v\} \in E$ die Bedingung disjoint(u, v) nicht (mehr) erfüllt ist, gilt entweder $u, v \in Q$ oder $u, v \notin Q$ und somit $\{u, v\} \notin C$.
  - Also ist $C = \emptyset$.
    Daraus folgt mit dem Satz, dass der Graph nicht zusammenhängend ist.
    Widerspruch!
  - Also muss $n = 1$ und somit $|S| = |V| - 1$ gelten.
    (Da n die Anzahl der Teilmengen in der Hilfsdatenstruktur am Ende des Algorithmus ist, ist $n < 1$ prinzipiell nicht möglich.)
    Das heißt, der Algorithmus bricht am Ende nicht ab.
  - Da S aufgrund von Invariante 3 Teilmenge eines minimalen Spannbaums ist und genau $|V| - 1$ Kanten enthält, ist es tatsächlich ein vollständiger minimaler Spannbaum.

- Wenn der Graph nicht zusammenhängend ist:
  - Annahme: $n = 1$, d. h. am Ende des Algorithmus gibt es eine einzige Teilmenge in der Hilfsdatenstruktur, die demnach gleich V sein muss.
  - Wegen Invariante 2 ist diese Teilmenge zusammenhängend. Widerspruch!
  - Also muss $n > 1$ und somit $|S| < |V| - 1$ gelten.
    Also bricht der Algorithmus am Ende ab.

Implementierung der Hilfsdatenstruktur

- Jede Teilmenge der Hilfsdatenstruktur ist ein Baum.
  (Diese Bäume haben aber nichts mit dem zu konstruierenden Spannbaum zu tun.)

- Für einen Wurzelknoten v ist $\pi(v) = \perp$,
  für einen anderen Knoten ist $\pi(v)$ sein Vorgänger im Baum.

- Durch Verfolgen der Vorgängerkette findet man zu einem Knoten v den zugehörigen Wurzelknoten $\tau(v) = \begin{cases} v, & \text{falls } \pi(v) = \perp \\ \tau(\pi(v)) & \text{sonst} \end{cases}$

- Für einen Knoten v ist $\delta(v)$ die Tiefe des Teilbaums mit Wurzel v.

- Initialisierung: Setze für jeden Knoten $v \in V$: $\pi(v) = \perp$ und $\delta(v) = 0$.

- Zwei Knoten u und v gehören genau dann zur gleichen Teilmenge, wenn sie den gleichen Wurzelknoten besitzen, d. h. die Bedingung disjoint(u, v) ist genau dann erfüllt, wenn $\tau(u) \neq \tau(v)$ ist.

- Die Teilmengen, zu denen die Knoten u und v gehören, werden vereinigt, indem einer der beiden Bäume (im Zweifelsfall der mit der geringeren Tiefe) in den anderen eingehängt wird (auf diese Weise wird die Tiefe der Bäume möglichst klein gehalten):
  - Sei $u' = \tau(u)$ und $v' = \tau(v)$.
  - Wenn $\delta(u') < \delta(v')$:
    Setze $\pi(u') = v'$ (d. h. hänge den Baum mit Wurzel u' in den Baum mit Wurzel v' ein, dessen Tiefe dabei unverändert bleibt).
  - Wenn $\delta(u') > \delta(v')$:
    Setze $\pi(v') = u'$ (also gerade umgekehrt).
  - Wenn $\delta(u') = \delta(v')$:
    Setze $\pi(u') = v'$ und $\delta(v') = \delta(v') + 1$ (d. h. hänge den Baum mit Wurzel u' in den Baum mit Wurzel v' ein, dessen Tiefe dabei um eins größer wird).

Optimierungsmöglichkeit

- Jedesmal, wenn mittels $\tau(v)$ der zu einem Knoten v gehörende Wurzelknoten r bestimmt wurde, wird für alle dabei durchlaufenen Knoten u ihr Vorgänger $\pi(u)$ auf r gesetzt, d. h. diese Knoten werden direkt in den Wurzelknoten r eingehängt.

- Damit werden anschließende Berechnungen von $\tau(u)$ für diese Knoten u. U. erheblich beschleunigt.

Laufzeit der Operationen auf der Hilfsdatenstruktur

Behauptung:

- Ein Baum der Hilfsdatenstruktur mit Tiefe k enthält mindestens 2^k Knoten.

Beweis durch vollständige Induktion nach k:

- Induktionsanfang $k = 0$: Ein Baum mit Tiefe $k = 0$ enthält genau $1 = 2^0 = 2^k$ Knoten.
- Induktionsschritt $k \to k + 1$: Ein Baum mit Tiefe $k + 1$ ist aus zwei Bäumen mit Tiefe k und eventuell weiteren Bäumen mit Tiefe $\leq k$ entstanden und enthält deshalb nach Induktionsvoraussetzung mindestens $2 \cdot 2^k = 2^{k+1}$ Knoten.

Daraus folgt:

- Ein Baum mit N Knoten hat höchstens Tiefe $\log_2 N$.
- Die Länge der Vorgängerkette eines Knotens ist $O(\log |V|)$.
- Die Laufzeit der Operationen disjoint(u, v) und join(u, v) ist $O(\log |V|)$.

5.6 Kürzeste Wege (shortest paths)

5.6.1 Definitionen

- Gegeben sei ein (gerichteter oder ungerichteter) gewichteter Graph $G = (V, E)$ mit Gewichtsfunktion $\rho: E \to \mathbb{R}$.

- Das *Gewicht* eines Wegs $w = w_0, \ldots, w_n$ ist die Summe $\rho(w) = \sum_{i=1}^{n} \rho(w_{i-1}, w_i)$ der Gewichte aller Kanten auf dem Weg.

- Wenn es einen Weg von einem Knoten u zu einem Knoten v gibt, ist ein *kürzester Weg* von u nach v ein Weg von u nach v mit minimalem Gewicht.

- In diesem Fall ist der *Abstand* $\delta(u, v)$ von u nach v das Gewicht eines kürzesten Wegs von u nach v. Andernfalls ist $\delta(u, v) = \infty$.

- Anmerkung: Da Kanten und Wege ein „Gewicht“ besitzen, müsste man eigentlich von „leichtesten“ statt von „kürzesten“ Wegen sprechen. Auch der Begriff des „Abstands“ passt eigentlich nicht zu dem des „Gewichts“. Trotzdem werden die Bezeichnungen üblicherweise so verwendet.

5.6.2 Problemstellungen

- Ein Knotenpaar:
  Finde einen kürzesten Weg von einem bestimmten Startknoten s zu einem bestimmten Zielknoten t.

- Fester Startknoten:
  Finde jeweils einen kürzesten Weg von einem bestimmten Startknoten s zu allen Knoten des Graphen.

- Fester Zielknoten:
  Finde jeweils einen kürzesten Weg von allen Knoten des Graphen zu einem bestimmten Zielknoten t.

- Alle Knotenpaare:
  Finde jeweils einen kürzesten Weg von jedem Knoten des Graphen zu jedem anderen.

Anmerkungen

- Das Problem mit festem Zielknoten lässt sich auf das Problem mit festem Startknoten zurückführen, indem man den transponierten Graphen betrachtet.

- Es sind keine Algorithmen bekannt, die das Problem für ein einzelnes Knotenpaar effizienter lösen als das Problem mit festem Startknoten.

- Das Problem für alle Knotenpaare lässt sich prinzipiell auf das Problem mit festem Startknoten zurückführen, indem man jeden Knoten des Graphen einmal als Startknoten wählt.
  Hier gibt es jedoch spezielle Algorithmen, die das Problem für alle Knotenpaare effizienter lösen.

- Aufgrund dieser Beobachtungen werden im folgenden nur Algorithmen für das Problem mit festem Startknoten sowie solche für alle Knotenpaare betrachtet.

5.6.3 Hilfsmittel für das Problem mit festem Startknoten

- Für jeden Knoten $v \in V$ wird das Gewicht $\delta(v)$ des kürzesten bis jetzt gefundenen Wegs vom Startknoten s zu v sowie der Vorgänger $\pi(v)$ von v auf diesem Weg gespeichert.

- Solange noch kein Weg von s nach v gefunden wurde, ist $\delta(v) = \infty$ und $\pi(v) = \perp$.

- Initialisierung:
  - Für alle Knoten $v \in V$: Setze $\delta(v) = \infty$ und $\pi(v) = \perp$.
  - Setze dann $\delta(s) = 0$.

- Verwerten einer Kante von u nach v:

  Wenn $\delta(u) + \rho(u, v) < \delta(v)$ ist,
  d. h. wenn der Weg von s nach v über u kürzer als der kürzeste bis jetzt gefundene Weg von s nach v ist:

  Setze $\delta(v) = \delta(u) + \rho(u, v)$ und $\pi(v) = u$,
  d. h. speichere den Weg über u als neuen kürzesten Weg nach v.

5.6.4 Algorithmus von Bellman und Ford

Gegeben

- Gewichteter Graph $G = (V, E)$ mit Gewichtsfunktion $\rho: E \to \mathbb{R}$.
- Startknoten $s \in V$.
  (Das heißt, der Algorithmus löst das Problem mit festem Startknoten.)
- Einschränkung:
  Der Graph darf keine *negativen Zyklen* enthalten (d. h. Zyklen $w_0, \ldots, w_n, w_0$, deren Gewicht $\sum_{i=1}^{n} \rho(w_{i-1}, w_i) + \rho(w_n, w_0)$ negativ ist), die vom Startknoten s aus erreichbar sind.
- Die Einhaltung dieser Einschränkung wird vom Algorithmus selbst überprüft.
  Wenn sie verletzt ist, bricht der Algorithmus ab.
- Abgesehen davon, sind Kanten mit negativem Gewicht erlaubt.

Algorithmus

1 Für alle Knoten $v \in V$: Setze $\delta(v) = \infty$ und $\pi(v) = \perp$.
Setze dann $\delta(s) = 0$.

2 Wiederhole $(|V| - 1)$-mal:
Für jede Kante $(u, v) \in E$: Verwerte die Kante (vgl. § 5.6.3).

3 Für jede Kante $(u, v) \in E$:
Wenn $\delta(u) + \rho(u, v) < \delta(v)$:
Abbruch, weil der Graph einen von s aus erreichbaren negativen Zyklus enthält.

Ergebnis

- Wenn der Graph einen von s aus erreichbaren negativen Zyklus enthält, bricht der Algorithmus am Ende ab.

- Andernfalls gilt nach Ausführung des Algorithmus für jeden Knoten $v \in V$:
  - $\delta(v) = \delta(s, v)$
  - Wenn dieser Wert kleiner als ∞ ist, ist $\pi(v)$ der Vorgänger von v auf einem kürzesten Weg von s nach v.

Laufzeit

- Initialisierung (Schritt 1): $O(|V|)$
- Eigentlicher Algorithmus (Schritt 2): $O(|V| \cdot |E|)$
- Überprüfung auf negative Zyklen (Schritt 3): $O(|E|)$
- Gesamtlaufzeit also: $O(|V| \cdot |E|)$

5.6.5 Algorithmus von Dijkstra

Gegeben

- Gewichteter Graph $G = (V, E)$ mit Gewichtsfunktion $\rho: E \to \mathbb{R}$.
- Startknoten $s \in V$.
  (Das heißt, der Algorithmus löst das Problem mit festem Startknoten.)
- Einschränkung:
  Der Graph darf keine Kanten mit negativem Gewicht enthalten.
- Die Einhaltung dieser Einschränkung wird vom Algorithmus *nicht* überprüft.
  Wenn sie verletzt ist, ist das Ergebnis des Algorithmus undefiniert.

Algorithmus

1 Für alle Knoten $v \in V$: Setze $\delta(v) = \infty$ und $\pi(v) = \perp$.
Setze dann $\delta(s) = 0$.

2 Für alle Knoten $v \in V$:
Füge v mit Priorität $\delta(v)$ in eine Minimum-Vorrangwarteschlange ein.

3 Solange die Warteschlange nicht leer ist:

   1 Entnimm einen Knoten u mit minimaler Priorität.

   2 Für jeden Nachfolger v von u, der sich noch in der Warteschlange befindet:

      1 Verwerte die Kante (u, v) (vgl. § 5.6.3).

      2 Wenn $\delta(v)$ dadurch erniedrigt wurde:

         Erniedrige die Priorität von v entsprechend.

Ergebnis

- Wenn der Graph keine Kanten mit negativem Gewicht enthält, gilt nach Ausführung des Algorithmus für alle Knoten $v \in V$:
  - $\delta(v) = \delta(s, v)$
  - Wenn dieser Wert kleiner als ∞ ist, ist $\pi(v)$ der Vorgänger von v auf einem kürzesten Weg von s nach v.
- Andernfalls ist das Ergebnis des Algorithmus undefiniert.

Laufzeit

- Initialisierung (Schritt 1): $O(|V|)$
- Operationen auf der Vorrangwarteschlange:
  - $|V|$-mal Einfügen eines Knotens
  - $|V|$-mal Test, ob die Warteschlange leer ist
  - $|V|$-mal Entnehmen eines Knotens mit minimaler Priorität
  - $|E|$-mal Test, ob ein Knoten enthalten ist
  - Maximal $|E|$-mal Erniedrigen der Priorität eines Knotens
    (Der Rumpf der inneren Schleife wird höchstens $|E|$-mal ausgeführt.)

  Insgesamt $O(|V| + |E|)$
- Laufzeit jeder solchen Operation: $O(\log |V|)$,
  da die Warteschlange maximal $|V|$ Einträge enthält.
- Gesamtlaufzeit somit: $O((|V| + |E|) \log |V|)$

5.6.6 Algorithmus von Floyd und Warshall

Gegeben

- Gewichteter Graph $G = (V, E)$ mit Gewichtsfunktion $\rho: E \to \mathbb{R}$.
  (Das heißt, der Algorithmus löst das Problem für alle Knotenpaare.)

- Einschränkung: Der Graph darf keine negativen Zyklen enthalten.

- Die Einhaltung dieser Einschränkung wird vom Algorithmus *nicht* überprüft.
  Wenn sie verletzt ist, ist das Ergebnis des Algorithmus undefiniert.

- Abgesehen davon, sind Kanten mit negativem Gewicht erlaubt.

Definitionen

- Zur Vereinfachung der Notation sei die Knotenmenge des Graphen $V = \{1, \ldots, m\}$.

- Für $k = 0, \ldots, m$ sei ein Weg von u nach v *via* k ein Weg $w_0, \ldots, w_n$ mit $w_0 = u$, $w_n = v$ und $w_1, \ldots, w_{n-1} \leq k$, d. h. alle *Zwischenknoten* (sofern es welche gibt) gehören zur Menge $\{1, \ldots, k\}$ (die für $k = 0$ leer ist).

- Für $k = 0, \ldots, m$ und $u, v \in V$ sei
  - $\Delta_k(u, v)$ entweder das Gewicht eines kürzesten Wegs von u nach v via k oder ∞ (falls es keinen solchen Weg gibt)
  - $\Pi_k(u, v)$ entweder der Vorgänger von v auf diesem Weg oder $\perp$.

Rekursionsgleichungen

- Für $k = 0$ gilt:

$\Delta_0(u, v) =$	$\Pi_0(u, v) =$	wenn
0	$\perp$	$u = v$
$\rho(u, v)$	u	$u \neq v$ und $(u, v) \in E$ bzw. $\{u, v\} \in E$
∞	$\perp$	sonst

- Für $k = 1, \ldots, m$ gilt:

$\Delta_k(u, v) =$	$\Pi_k(u, v) =$	wenn
$\Delta_{k-1}(u, v)$	$\Pi_{k-1}(u, v)$	$\Delta_{k-1}(u, v) \leq \Delta_{k-1}(u, k) + \Delta_{k-1}(k, v)$
$\Delta_{k-1}(u, k) + \Delta_{k-1}(k, v)$	$\Pi_{k-1}(k, v)$	$\Delta_{k-1}(u, v) > \Delta_{k-1}(u, k) + \Delta_{k-1}(k, v)$

Begründung

Mit den Bezeichnungen $d = \Delta_k(u, v)$, $d_1 = \Delta_{k-1}(u, v)$ und $d_2 = \Delta_{k-1}(u, k) + \Delta_{k-1}(k, v)$ gelten folgende Aussagen:

1. $d = d_1$ oder $d = d_2$

   Beweis:

   - Wenn es keinen Weg von u nach v via k gibt, ist $d = \infty$.
     In diesem Fall gibt es auch keinen Weg von u nach v via $k - 1$, d. h. es ist auch $d_1 = \infty$ und somit $d = d_1$.
   - Wenn es einen kürzesten Weg von u nach v via k (mit Gewicht d) gibt und dieser den Knoten k *nicht* enthält, stimmt er mit einem kürzesten Weg von u nach v via $k - 1$ (mit Gewicht d_1) überein, d. h. es gilt wiederum $d = d_1$.
   - Andernfalls besteht dieser Weg (mit Gewicht d) aus einem (eventuell leeren) kürzesten Teilweg von u nach k via $k - 1$ (mit Gewicht $\Delta_{k-1}(u, k)$) und einem (eventuell leeren) kürzesten Teilweg von k nach v via $k - 1$ (mit Gewicht $\Delta_{k-1}(k, v)$), d. h. es gilt $d = d_2$.
     (Beachte: Jeder Teilweg eines kürzesten Wegs ist ebenfalls ein kürzester Weg.)

2. $d = \min(d_1, d_2)$

   Anmerkung:

   - Diese Aussage folgt *nicht* unmittelbar aus der vorigen Aussage 1!
   - Wenn ein Graph einen negativen Zyklus enthält, kann $d = d_1$ gelten, obwohl $d_1 > d_2$ ist.
   - Deshalb verwendet der folgende Beweis an einer entscheidenden Stelle die Voraussetzung, dass der Graph *keinen* negativen Zyklus enthält.

   Beweis:

   - Wenn $d_1 = d_2$ ist (insbesondere auch, wenn $d_1 = d_2 = \infty$ ist), folgt die Behauptung unmittelbar aus der vorigen Aussage 1.
   - Wenn $d_1 < d_2$ ist (woraus insbesondere $d_1 < \infty$ folgt), dann gibt es einen kürzesten Weg von u nach v via $k-1$ mit Gewicht d_1, der auch ein Weg von u nach v via k ist.
     Daraus folgt $d \leq d_1$, und zusammen mit $d_1 < d_2$ und Aussage 1:
     $d = d_1 = \min(d_1, d_2)$.

- Wenn $d_2 < d_1$ ist (woraus insbesondere $d_2 < \infty$ folgt), dann gibt es einen kürzesten Weg von u nach k via $k-1$ mit Gewicht $\Delta_{k-1}(u, k)$ sowie einen kürzesten Weg von k nach v via $k-1$ mit Gewicht $\Delta_{k-1}(k, v)$.
  - Wenn man diese Wege zusammensetzt, entsteht eine *Knotenfolge* von u nach v via k mit Gewicht d_2.
  - Allerdings kann der Weg von u nach k prinzipiell den Knoten v und der Weg von k nach v prinzipiell den Knoten u enthalten, sodass die resultierende Knotenfolge u. U. kein Weg ist, weil sie einen Zyklus von v nach v oder von u nach u enthält.
  - Annahme: Der Weg von u nach k enthält tatsächlich den Knoten v.
  - Wenn man dann den daraus resultierenden Zyklus von v über k nach v aus der o. g. Knotenfolge entfernt, entsteht ein Weg von u nach v via $k-1$ mit Gewicht $\leq d_2$, weil das Gewicht des entfernten Zyklus ≥ 0 ist. (Negative Zyklen sind ausgeschlossen.)
  - Zusammen mit $d_2 < d_1$ ist dies ein Widerspruch dazu, dass d_1 das Gewicht eines kürzesten solchen Wegs ist.
  - Also kann der Weg von u nach k den Knoten v *nicht* enthalten.
  - Analog zeigt man, dass der Weg von k nach v den Knoten u *nicht* enthalten kann.
  - Daraus folgt, dass die o. g. Knotenfolge doch immer ein *Weg* von u nach v via k mit Gewicht d_2 ist.
  - Daraus folgt $d \leq d_2$, und zusammen mit $d_2 < d_1$ und Aussage 1: $d = d_2 = \min(d_1, d_2)$.

Praktische Berechnung

- Zur Berechnung des Werts $\Delta_k(u, v)$ in Zeile u und Spalte v der Matrix Δ_k werden neben dem korrespondierenden Wert $\Delta_{k-1}(u, v)$ der „vorigen“ Matrix Δ_{k-1} noch die Werte $\Delta_{k-1}(u, k)$ und $\Delta_{k-1}(k, v)$ benötigt, die sich in Spalte bzw. Zeile k dieser Matrix befinden.

- Diese Werte in Spalte und Zeile k bleiben beim Übergang von Δ_{k-1} zu Δ_k unverändert, denn es gilt:

  - Für $v = k$ (d. h. Spalte k):
    $$\begin{aligned}\Delta_k(u, v) &= \min(\Delta_{k-1}(u, v), \Delta_{k-1}(u, k) + \Delta_{k-1}(k, v)) = \\ &= \min(\Delta_{k-1}(u, k), \Delta_{k-1}(u, k) + \Delta_{k-1}(k, k)) = \\ &= \min(\Delta_{k-1}(u, k), \Delta_{k-1}(u, k) + 0) = \Delta_{k-1}(u, k) = \Delta_{k-1}(u, v)\end{aligned}$$

  - Für $u = k$ (d. h. Zeile k):
    $$\begin{aligned}\Delta_k(u, v) &= \min(\Delta_{k-1}(u, v), \Delta_{k-1}(u, k) + \Delta_{k-1}(k, v)) = \\ &= \min(\Delta_{k-1}(k, v), \Delta_{k-1}(k, k) + \Delta_{k-1}(k, v)) = \\ &= \min(\Delta_{k-1}(k, v), 0 + \Delta_{k-1}(k, v)) = \Delta_{k-1}(k, v) = \Delta_{k-1}(u, v)\end{aligned}$$

  (Beachte: $\Delta_{k-1}(k, k) = 0$, weil ein kürzester Weg von k nach k immer Gewicht 0 besitzt.)

- Somit können die Werte der Matrix Δ_{k-1} (und analog Π_{k-1}) jeweils gefahrlos durch die korrespondierenden Werte der Matrix Δ_k (und analog Π_k) überschrieben werden.

Algorithmus

1 Für $u = 1, \ldots, m$:

  1 Für $v = 1, \ldots, m$: Setze $\Delta(u, v) = \infty$ und $\Pi(u, v) = \perp$.

  2 Für jeden Nachfolger v von u: Setze $\Delta(u, v) = \rho(u, v)$ und $\Pi(u, v) = u$.

  3 Setze $\Delta(u, u) = 0$ und $\Pi(u, u) = \perp$.

2 Für $k = 1, \ldots, m$:

  Für $u = 1, \ldots, m$ und $v = 1, \ldots, m$:

  Wenn $\Delta(u, v) > \Delta(u, k) + \Delta(k, v)$:

  Setze $\Delta(u, v) = \Delta(u, k) + \Delta(k, v)$ und $\Pi(u, v) = \Pi(k, v)$.

Ergebnis

❒ Nach Ausführung des Algorithmus gilt für alle Knoten $u, v \in V$:

  ❍ $\Delta(u, v) = \Delta_m(u, v)$ = Gewicht eines kürzesten Wegs von u nach v via m = $\delta(u, v)$ = Gewicht eines beliebigen kürzesten Wegs von u nach v, falls ein solcher Weg existiert, andernfalls ∞

  ❍ $\Pi(u, v) = \Pi_m(u, v)$ = Vorgänger von v auf diesem Weg bzw. $\perp$

Laufzeit

- Offensichtlich $O(m^3) = O(|V|^3)$

5.6.7 Laufzeitvergleich

Fester Startknoten

- Das Problem mit festem Startknoten kann mit folgenden Algorithmen gelöst werden, sofern die jeweilige Voraussetzung erfüllt ist:
  - Dijkstra (D), wenn es keine negativen Kantengewichte gibt
  - Bellman-Ford (BF),
    wenn es keinen vom Startknoten aus erreichbaren negativen Zyklus gibt
  - Floyd-Warshall (FW), wenn es überhaupt keinen negativen Zyklus gibt
- Die nachfolgende Tabelle zeigt die jeweiligen Laufzeiten im Vergleich

Algorithmus	*Laufzeit*		
	allgemein	wenn $\|E\| \approx \|V\|$	wenn $\|E\| \approx \|V\|^2$
D	$O((\|V\| + \|E\|) \log \|V\|)$	$O(\|V\| \log \|V\|)$	$O\left(\|V\|^2 \log \|V\|\right)$
BF	$O(\|V\| \cdot \|E\|)$	$O\left(\|V\|^2\right)$	$O\left(\|V\|^3\right)$
FW	$O\left(\|V\|^3\right)$	$O\left(\|V\|^3\right)$	$O\left(\|V\|^3\right)$

Alle Knotenpaare

- Das Problem für alle Knotenpaare kann mit folgenden Algorithmen gelöst werden, sofern die jeweilige Voraussetzung erfüllt ist:
  - $|V|$-mal Dijkstra (D), wenn es keine negativen Kantengewichte gibt
  - $|V|$-mal Bellman-Ford (BF), wenn es keinen negativen Zyklus gibt
  - 1-mal Floyd-Warshall (FW), wenn es keinen negativen Zyklus gibt
- Die nachfolgende Tabelle zeigt die jeweiligen Gesamtlaufzeiten im Vergleich

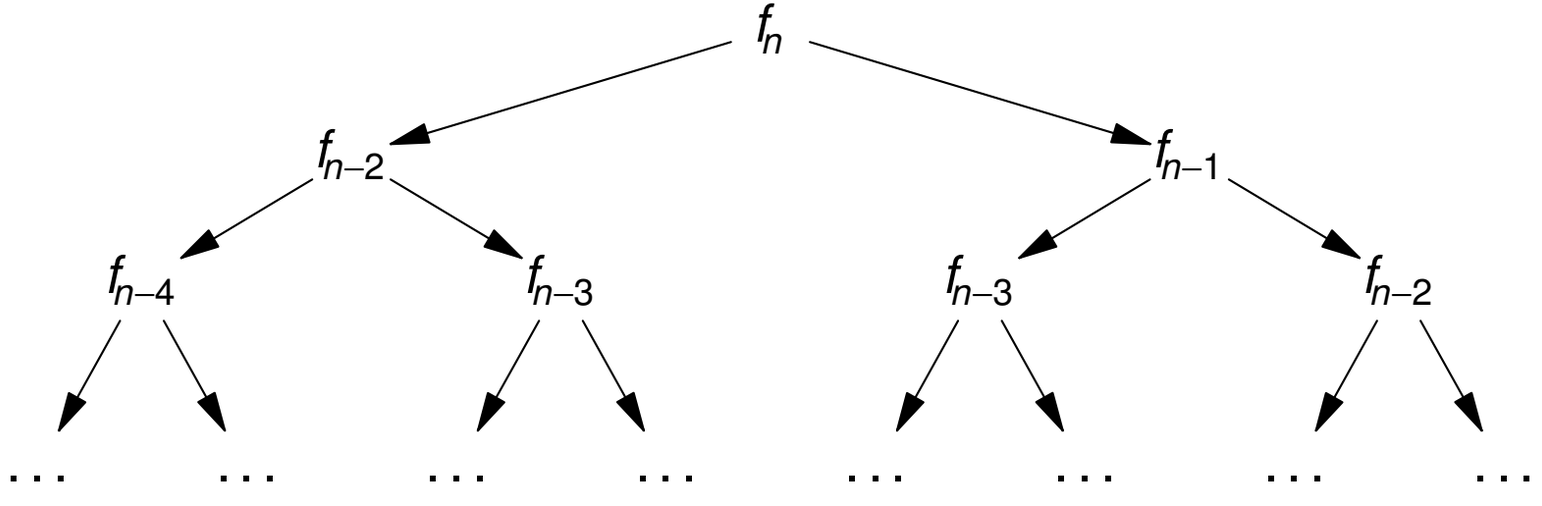
Algorithmus	*Laufzeit*		
	allgemein	wenn $\|E\| \approx \|V\|$	wenn $\|E\| \approx \|V\|^2$
D	$O(\|V\|\,(\|V\| + \|E\|)\log\|V\|)$	$O\left(\|V\|^2 \log\|V\|\right)$	$O\left(\|V\|^3 \log\|V\|\right)$
BF	$O\left(\|V\|^2 \cdot \|E\|\right)$	$O\left(\|V\|^3\right)$	$O\left(\|V\|^4\right)$
FW	$O\left(\|V\|^3\right)$	$O\left(\|V\|^3\right)$	$O\left(\|V\|^3\right)$

6 Tabellengestützte Programmierung (dynamic programming)

6.1 Einführende Beispiele

6.1.1 Fibonacci-Zahlen

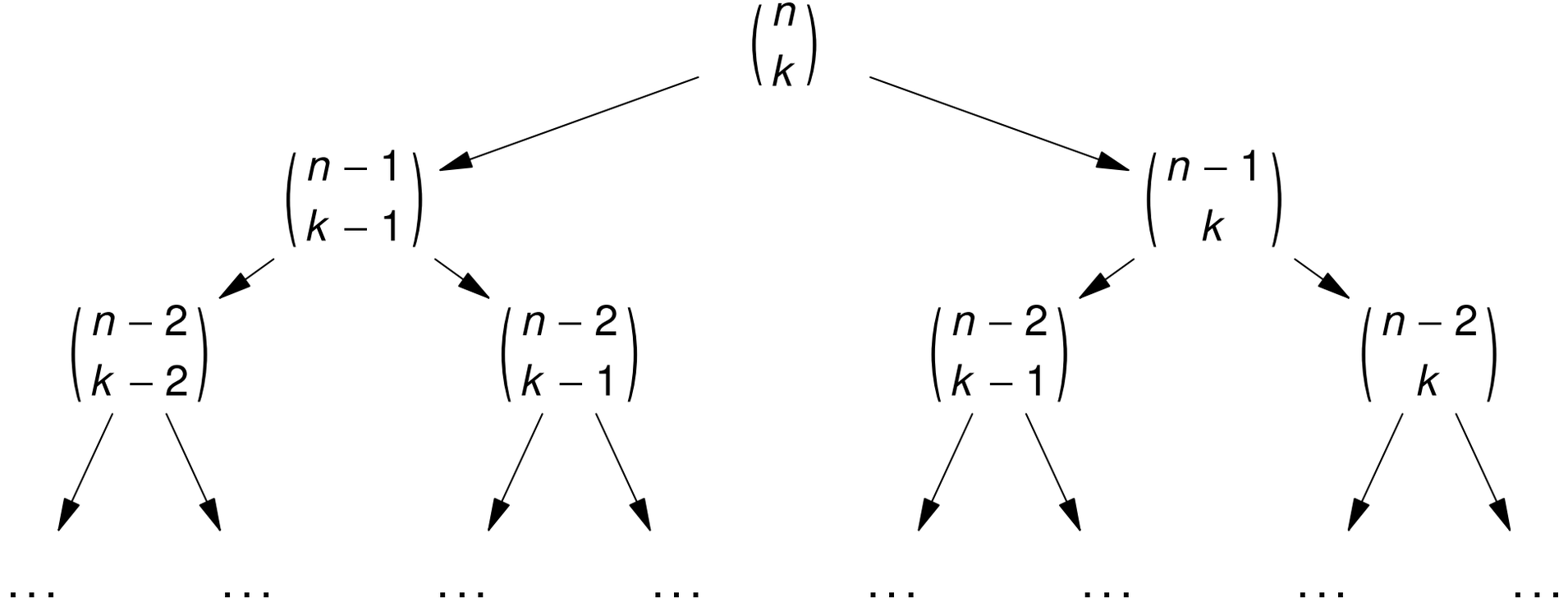
❒ Rekursive Definition für $n \in \mathbb{N}_0$: $f_n = \begin{cases} n & \text{für } n \leq 1 \\ f_{n-2} + f_{n-1} & \text{für } n \geq 2 \end{cases}$



6.1.2 Binomialkoeffizienten

❒ Rekursive Berechnung (vgl. Pascalsches Dreieck):

$$\binom{n}{k} = \begin{cases} 1 & \text{für } k = 0 \text{ oder } k = n \\ \binom{n-1}{k-1} + \binom{n-1}{k} & \text{sonst} \end{cases}$$



6.1.3 Allgemeines Prinzip

Problem

- Bei der rekursiven Berechnung werden Teilergebnisse immer wieder – mit sehr hohem Aufwand – neu berechnet.

Lösungsidee

- Einmal berechnete Teilergebnisse werden in einer Tabelle (beispielsweise in einer Streuwerttabelle) gespeichert.

- Vor der Berechnung eines Teilergebnisses wird anhand der Tabelle überprüft, ob es bereits vorhanden ist.

Effekt

- Berechnungen, die ohne diese Optimierung extrem hohe (oft exponentielle) Laufzeit besitzen, können wesentlich effizienter (normalerweise mit polynomieller Laufzeit) durchgeführt werden.

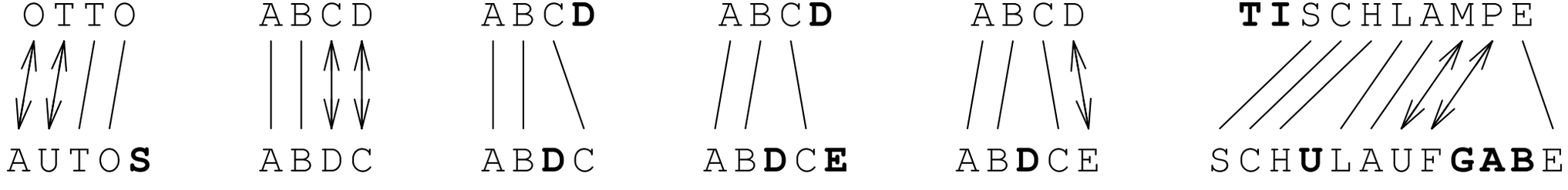
6.2 Editierdistanz

Definition

- Die *Editierdistanz* (oder Levenshtein-Distanz) $D(s, t)$ zweier Zeichenketten s und t ist die minimale Anzahl elementarer *Editieroperationen*, mit denen s in t überführt werden kann.

- Elementare Editieroperationen sind:
  - Entferne das Zeichen ... an Position ...
  - Füge nach Position ... das Zeichen ... ein
  - Ersetze das Zeichen ... an Position ... durch das Zeichen ...

Beispiele



Beobachtungen

- Die Editierdistanz ist offenbar symmetrisch, d. h. es gilt $D(s, t) = D(t, s)$ für alle Zeichenketten s und t.

- Folgende Operationen sind offensichtlich unnötig:
  - Löschen eines zuvor eingefügten Zeichens
    $\rightarrow$ Zeichen gar nicht einfügen
  - Löschen eines zuvor ersetzten Zeichens
    $\rightarrow$ Gleich das ursprüngliche Zeichen löschen
  - Ersetzen eines zuvor eingefügten Zeichens
    $\rightarrow$ Gleich das endgültige Zeichen einfügen
  - Mehrmaliges Ersetzen eines Zeichens
    $\rightarrow$ Zeichen einmalig durch das endgültige Zeichen ersetzen

- Ohne offensichtlich unnötige Operationen gibt es für jedes Zeichen aus *s* genau drei Möglichkeiten:
  - Es bleibt unverändert.
  - Es wird durch ein anderes Zeichen ersetzt, das anschließend unverändert bleibt.
  - Es wird entfernt.
- Umgekehrt gibt es für jedes Zeichen aus *t* genau drei Möglichkeiten:
  - Es wurde unverändert aus *s* übernommen.
  - Es ist durch Ersetzung eines Zeichens aus *s* entstanden.
  - Es wurde neu eingefügt.

Satz 1

- Für eine beliebige Zeichenkette s und die leere Zeichenkette ε gilt:
  $D(s, \varepsilon) = D(\varepsilon, s) = |s|$ = Länge von s.

Beweis:

- Um s in die leere Zeichenkette zu überführen, sind offenbar genau $|s|$ Löschoperationen nötig.
- Um die leere Zeichenkette in s zu überführen, sind offenbar genau $|s|$ Einfügeoperationen nötig.

Satz 2

- Für nichtleere Zeichenketten s und t gilt: $D(s, t) = \min \left\{ \begin{array}{l} D(s', t) + 1 \\ D(s, t') + 1 \\ D(s', t') + \delta \end{array} \right\}$.
- Dabei bezeichne s' bzw. t' die Zeichenkette s bzw. t ohne ihr letztes Zeichen.
- δ ist 0, wenn die letzten Zeichen von s und t gleich sind, sonst 1.

Praktische Berechnung

- Für zwei Zeichenketten s und t sei $D_{i,\,j} = D_{i,\,j}(s, t)$ die Editierdistanz zwischen dem Präfix der Länge i von s und dem Präfix der Länge j von t.

- Aufgrund der obigen Sätze können die Werte $D_{i,\,j}$ wie folgt berechnet werden:
  - $D_{0,\,0} = 0$
  - $D_{i,\,0} = i$ für $i = 1, \ldots, |s|$
  - $D_{0,\,j} = j$ für $j = 1, \ldots, |t|$
  - $$D_{i,\,j} = \min \left\{ \begin{array}{l} D_{i-1,\,j} + 1 \\ D_{i,\,j-1} + 1 \\ D_{i-1,\,j-1} + \delta \end{array} \right\} \text{ für } i = 1, \ldots, |s| \text{ und } j = 1, \ldots, |t|$$

- $D(s, t)$ ist gleich $D_{|s|,\,|t|}(s, t)$.

Ermittlung der tatsächlichen Editieroperationen

- Bei der Berechnung eines Werts $D_{i,\,j}$ kann man notieren, aus welchem seiner drei „Nachbarn“ $D_{i-1,\,j}$, $D_{i,\,j-1}$ oder $D_{i-1,\,j-1}$ er „entstanden“ ist bzw. entstanden sein kann.

- Diese Information kann aber auch nachträglich durch Vergleich eines Werts mit seinen drei Nachbarn ermittelt werden.

- Wenn $D_{i,\,j}$ aus $D_{i-1,\,j}$ entstanden ist (oben), dann muss an dieser Stelle die Operation „Entferne das Zeichen an Position i“ ausgeführt werden.

- Wenn $D_{i,\,j}$ aus $D_{i,\,j-1}$ entstanden ist (links), dann muss an dieser Stelle die Operation „Füge nach Position i das Zeichen t_j ein“ ausgeführt werden.

- Wenn $D_{i,\,j}$ aus $D_{i-1,\,j-1}$ entstanden ist (diagonal), dann muss an dieser Stelle entweder nichts gemacht werden (wenn $s_i = t_j$) oder die Operation „Ersetze das Zeichen an Position i durch das Zeichen t_j“ ausgeführt werden (wenn $s_i \neq t_j$).

- Um die Folge aller Editieroperationen auszugeben, beginnt man mit $D_{|s|,\,|t|}$, ermittelt den passenden Nachbarn, gibt die zugehörige Operation aus und wiederholt den Vorgang mit diesem Nachbarn, bis man bei $D_{0,\,0}$ angekommen ist.

- Auf diese Weise entsteht die Folge der Editieroperationen automatisch von hinten nach vorn.
  Will man die Operationen in umgekehrter Reihenfolge ausführen, muss man beachten, dass Einfügungen und Entfernungen die Positionen der nachfolgenden Zeichen bzw. Operationen verändern.

Laufzeit

- $O(|s| \cdot |t|)$

Beispiel

- s = ABCD, t = ABDCE

	j	0	1	2	3	4	5
i		t	A	B	D	C	E
0	s	**0**	1	2	3	4	5
1	A	1	**0**	1	2	3	4
2	B	2	1	**0**	**1**	2	3
3	C	3	2	1	1	**1**	2
4	D	4	3	2	1	2	**2**

- Ergebnis: $D(s, t) = D_{4,5} = 2$
- Die fettgedruckten Zahlen zeigen den „Weg“ von $D_{4,5}$ zurück zu $D_{0,0}$.
- Die Editieroperationen zur Überführung von s in t lauten demnach:
  - Ersetze das Zeichen an Position 4 durch das Zeichen E.
  - Füge nach Position 2 das Zeichen D ein.

6.3 Blocksatz

6.3.1 Problemstellung

- Gegeben sei eine Folge von Wörtern $w_1, \ldots, w_n$ mit Breiten $\lambda_1, \ldots, \lambda_n$, die in dieser Reihenfolge auf Zeilen der Breite λ verteilt werden sollen, sodass der zum Auffüllen der Zeilen zusätzlich benötigte Zwischenraum möglichst gleichmäßig verteilt ist (vgl. § 4.1 und § 4.2).

- Frage: Was bedeutet „möglichst gleichmäßig verteilt“, d. h. wie lautet eine sinnvolle Bewertungsfunktion für das Optimierungsproblem?

- Mögliche Antwort: Um einen großen Zwischenraum härter zu „bestrafen“ als mehrere kleine, soll die Summe der *Quadrate* aller Zwischenraumbreiten möglichst klein sein.

6.3.2 Malus einer einzelnen Zeile

- Wenn eine Zeile der Breite λ die Wörter $w_i, \ldots, w_j$ enthält und zwischen je zwei Wörtern ein Mindestabstand σ_0 ist, ist die Gesamtbreite des zusätzlich vorhandenen Zwischenraums in dieser Zeile: $\sigma = \lambda - \sum_{k=i}^{j} \lambda_k - m\,\sigma_0$ mit $m = j - i$ = Anzahl der Wortzwischenräume in dieser Zeile (d. h. 1 weniger als die Anzahl der Wörter).

- Wenn dieser Zwischenraum gleichmäßig verteilt wird, ergibt sich als Summe der Quadrate der Einzelzwischenräume: $\mu(i, j) = \begin{cases} m\left(\frac{\sigma}{m}\right)^2 = \frac{\sigma^2}{m} & \text{für } m > 0 \quad (*) \\ \sigma^2 & \text{für } m = 0 \quad (**) \end{cases}$

  (*) Bei ganzzahliger Rechnung: $(m - r) \cdot q^2 + r \cdot (q + 1)^2$ mit $q = \left\lfloor \frac{\sigma}{m} \right\rfloor$ und $r = \sigma \bmod m$

  (**) Wenn die Zeile nur ein Wort enthält ($i = j \Leftrightarrow m = 0$), befindet sich der gesamte Zwischenraum σ am Ende der Zeile.

- Sonderfall: Übervolle Zeile
  - Wenn $\sigma < 0$ ist, ist die Zeile *übervoll*.
  - Im Fall $i = j$ lässt sich dies nicht vermeiden, weil die Breite λ_i des einzigen Worts auf der Zeile dann größer als die Zeilenbreite λ ist. In diesem Fall sei $\mu(i, j) = 0$.
  - Im Fall $i < j$ ist die Zeile *unnötig übervoll*, d. h. die Anzahl ihrer Wörter sollte reduziert werden. In diesem Fall sei $\mu(i, j) = \infty$.

- Sonderfall: Letzte Zeile
  Da Zwischenraum in der letzten Zeile nicht bestraft werden soll,
  sei $\mu(i, j) = 0$ für $j = n$, sofern $\sigma \geq 0$ ist.

- $\mu(i, j)$ heißt *Malus* der Zeile mit den Wörtern $w_i, \ldots, w_j$.

6.3.3 Malus eines gesamten Absatzes

- Für $0 < i_1 < \ldots < i_k = j \leq n$ ist $\mu(\{ i_1, \ldots, i_k \}) = \mu(1, i_1) + \mu(i_1 + 1, i_2) + \ldots + \mu(i_{k-1} + 1, i_k)$ der Gesamtmalus aller Zeilen, der sich ergibt, wenn man die Wörter $w_1, \ldots, w_j$ so auf Zeilen verteilt, dass nach den Wörtern $i_1, \ldots, i_k$ jeweils ein Zeilenumbruch erfolgt.

- Für $j = 1, \ldots, n$ sei $\mu(j) = \min \left\{ \mu(\{ i_1, \ldots, i_k \}) \;\middle|\; 0 < i_1 < \ldots < i_k = j \right\}$,
d. h. $\mu(j)$ ist der kleinste Malus, den man erreichen kann, wenn man die Wörter $w_1, \ldots, w_j$ irgendwie auf Zeilen verteilt.

- Zusätzlich sei $\mu(0) = 0$.

- Gesucht ist somit $\mu(n)$ sowie die Indizes $0 < i_1 < \ldots < i_k = n$ der Wörter, nach denen jeweils ein Zeilenumbruch erfolgen soll, um diesen minimalen Malus zu erreichen.

6.3.4 Rekursionsgleichung

- Um die ersten j Wörter $w_1, \ldots, w_j$ beliebig auf Zeilen zu verteilen,
  - wählt man eine beliebige Stelle $i \in \{0, \ldots, j-1\}$ für den letzten Zeilenumbruch (d. h. dieser soll nach Wort i erfolgen),
  - verteilt die ersten i Wörter beliebig auf Zeilen
  - und setzt die restlichen Wörter $i+1, \ldots, j$ auf die letzte Zeile.
- Um die ersten j Wörter *optimal* (d. h. mit minimalem Malus) auf Zeilen zu verteilen,
  - wählt man für die Verteilung der ersten i Wörter jeweils eine Verteilung mit minimalem Malus $\mu(i)$,
  - addiert dazu den Malus $\mu(i+1, j)$ der resultierenden letzten Zeile
  - und wählt von diesen Möglichkeiten mit Gesamtmalus $\mu(i) + \mu(i+1, j)$ für $i = 0, \ldots, j-1$ das Minimum.
- Somit gilt für $j = 1, \ldots, n$:
  $\mu(j) = \min\{\mu(i) + \mu(i+1, j) \mid i = 0, \ldots, j-1\}$.

6.3.5 Praktische Berechnung

- Für die praktische Berechnung des Minimums $\mu(j)$ lässt man i rückwärts von $j-1$ bis 0 laufen und beendet die Schleife, sobald $\mu(i+1,\ j) = \infty$ ist, d. h. wenn die letzte Zeile unnötig übervoll wäre, weil $\mu(i+1,\ j)$ dann für alle weiteren Werte von i ebenfalls ∞ wäre und sich somit kein kleinerer Gesamtwert mehr ergeben würde.

- Damit kann $\mu(j)$ nacheinander für $j = 0, \ldots, n$ wie folgt berechnet und in einer Tabelle gespeichert werden:

  1 Setze $\mu(0) = 0$.

  2 Für $j = 1, \ldots, n$:

    1 Setze $\mu(j) = \infty$.

    2 Für $i = j-1, \ldots, 0$:

      1 Berechne $\mu = \mu(i+1,\ j)$.

      2 Wenn $\mu = \infty$ ist, beende die Schleife.

      3 Setze $\mu = \mu(i) + \mu$.

      4 Wenn $\mu < \mu(j)$ ist: Setze $\mu(j) = \mu$ und $\pi(j) = i$.

- Die optimalen Umbruchstellen $i_k, \ldots, i_1$ erhält man „rückwärts“ als n, $\pi(n)$, $\pi(\pi(n))$, ...

6.3.6 Beispiel

- Wenn man den Text `a b c d e f ghij` in „Schreibmaschinenschrift“ (alle Zeichen einschließlich Leerzeichen besitzen Breite 1) bei Zeilenbreite 7 mit dem in § 4.2 beschriebenen Nächstbest-Algorithmus formatiert, ergibt sich:

```
a b c d
e     f
ghij
```

- Die Anwendung des zuvor beschriebenen Algorithmus ergibt:

j	i $\pi(j)$	Letzte Zeile (Wort $i+1$ bis j)	$\mu(i+1,\ j)$	$\mu(i)$	$\mu(i)+\mu(i+1,\ j)$ $\mu(j)$
0					**0**
1	**0**	`a++++++`	$6^2 = 36$	0	**36**
2	1	`b++++++`	$6^2 = 36$	36	72
	0	`a-++++b`	$4^2 = 16$	0	**16**
3	2	`c++++++`	$6^2 = 36$	16	52
	1	`b-++++c`	$4^2 = 16$	36	52
	0	`a-+b-+c`	$1^2 + 1^2 = 2$	0	**2**

j	i $\pi(j)$	Letzte Zeile (Wort $i+1$ bis j)	$\mu(i+1,\ j)$	$\mu(i)$	$\mu(i)+\mu(i+1,\ j)$ $\mu(j)$
4	3	d++++++	$6^2 = 36$	2	38
	2	c-++++d	$4^2 = 16$	16	32
	1	b-+c-+d	$1^2 + 1^2 = 2$	36	38
	0	a-b-c-d	0	0	**0**
5	4	e++++++	$6^2 = 36$	0	36
	3	d-++++e	$4^2 = 16$	2	**18**
	2	c-+d-+e	$1^2 + 1^2 = 2$	16	18
	1	b-c-d-e	0	36	36
	0	a-b-c-d-e	∞		
6	5	f++++++	$6^2 = 36$	18	54
	4	e-++++f	$4^2 = 16$	0	16
	3	d-+e-+f	$1^2 + 1^2 = 2$	2	**4**
	2	c-d-e-f	0	16	16
	1	b-c-d-e-f	∞		
7	**6**	ghij	0	4	**4**
	5	f-ghij	0	18	18
	4	e-f-ghij	∞		

- Erläuterung zu den Tabellen:
  - Für jeden Wert von j läuft i rückwärts von $j-1$ bis 0, solange $\mu(i+1,\ j) < \infty$ ist.
  - Die fettgedruckten Werte in der zweiten bzw. letzten Spalte entsprechen $\pi(j)$ bzw. $\mu(j)$.
  - In der dritten Spalte symbolisieren Minuszeichen den Mindestabstand zwischen zwei Wörtern und Pluszeichen den zusätzlich benötigten Zwischenraum, der für die Berechnung von $\mu(i+1,\ j)$ verwendet wird.
- Die optimalen Umbruchstellen sind: $n = 7$, $\pi(7) = 6$, $\pi(6) = 3$, $\pi(3) = 0$
- Damit ergibt sich folgende optimale Formatierung:

```
a  b  c
d  e  f
ghij
```

6.3.7 Laufzeit

- Da zwischen je zwei Wörtern ein Mindestabstand der Breite σ_0 sein soll, haben auf einer Zeile der Breite λ maximal $m = \left\lfloor \frac{\lambda}{\sigma_0} \right\rfloor + 1$ Wörter Platz.

- Deshalb wird die innere Schleife zur Berechnung von $\mu(j)$ nach höchstens $m = \mathrm{O}(1)$ Durchläufen beendet.

- Somit ist die Gesamtlaufzeit zur Berechnung von $\mu(0), \ldots, \mu(n)$ gleich $\mathrm{O}(n)$ (und nicht $\mathrm{O}(n^2)$, wie in https://en.wikipedia.org/wiki/Line_wrap_and_word_wrap behauptet wird).

- Zum Vergleich: Die Gesamtzahl der Möglichkeiten, n Wörter auf Zeilen zu verteilen, ist 2^{n-1}: Nach jedem Wort außer dem letzten kann entweder ein Zeilenumbruch erfolgen oder nicht.

- Also führt die tabellengestützte Programmierung zu einer immensen Laufzeitverbesserung.

6.3.8 Erweiterungsmöglichkeiten

- Trennung langer Wörter
  - Silbentrennung (mit unterschiedlich „guten“ Trennstellen)
  - Trennung vor oder nach bestimmten Zeichen (z. B. nach Schrägstrichen in URLs)
  - Trennung mathematischer Formeln
- Zusätzliche Strafpunkte für einzelne Trennungen
  oder mehrere aufeinanderfolgende Zeilen mit Trennungen
- Zeilen mit einem einzigen Wort noch „härter bestrafen“
- Verbotene und bevorzugte Zeilenumbrüche
- Einen Absatz künstlich um eine oder mehrere Zeilen verlängern, um
  - „Schusterjungen“ und „Hurenkinder“ zu vermeiden
  - alle Spalten auf der letzten Seite eines mehrspaltigen Texts gleich lang zu machen
- Aber: Auch der beste Algorithmus kann nicht „zaubern“.
  Manchmal muss man einen Text einfach umformulieren,
  um einen störenden Umbruch zu vermeiden.