



3) Il problema della ricerca

Sommario: In questo capitolo si affronta un problema basilare, quello della ricerca, e vengono proposte due soluzioni classiche: la ricerca sequenziale (nel caso in cui i dati non siano ordinati) e la ricerca binaria o dicotomica (nel caso in cui i dati siano ordinati).

Nell'informatica esistono alcuni problemi particolarmente rilevanti, poiché essi:

- si incontrano in una grande varietà di situazioni reali;
- appaiono come sottoproblemi da risolvere nell'ambito di problemi più complessi.

Uno di questi problemi è la ricerca di un elemento in un insieme di dati (ad es. numeri, cognomi, ecc.).

Iniziamo a definire un po' più formalmente tale problema descrivendone l'input e l'output:

- **Input:** un vettore A di n valori (interi, stringhe, ecc.) ed un valore v ;
- **Output:** un indice i tale che $A[i] = v$, oppure un particolare valore **null** se il valore v non è presente nel vettore.

3.1 Ricerca sequenziale

Un primo semplice algoritmo che viene in mente consiste nell'ispezionare uno alla volta gli elementi del vettore, confrontarli con v e alla fine restituire il risultato. Ci si interrompe appena si trova v :



Funzione Ricerca (A: vettore; v: intero)

```
i ← 1                                O(1)
while ((i ≤ n) and (A[i] ≠ v))       O(1)+al più n volte
    i ← i + 1                         O(1)
if (i ≤ n)                            O(1)
    return i                           O(1)
else
    return null                         O(1)
Tot. O(n)
```

Oppure:

Funzione Ricerca (A: vettore; v: intero)

```
i ← 1                                O(1)
for (i = 1 to n)                       O(1)+al più n volte
    if (A[i] = v) return i              O(1)
return null                             O(1)
Tot. O(n)
```

Questo algoritmo ha un costo computazionale di $\Theta(n)$ nel caso peggiore (quando, cioè, v non è contenuto nel vettore) e di $\Theta(1)$ nel caso migliore (quando v viene incontrato per primo), quindi non abbiamo trovato una stima del costo che sia valida per tutti i casi. In queste situazioni diremo che il costo computazionale dell'algoritmo (in generale, non nel caso peggiore) è un $O(n)$, per evidenziare il fatto che ci sono input in cui questo valore viene raggiunto, ma ci sono anche input in cui il costo è minore.

Nei casi, come questo, in cui non sia possibile determinare un valore stretto per il costo computazionale, ed in cui il caso migliore e quello peggiore si discostano, è naturale domandarsi quale sia il costo computazionale dell'algoritmo nel caso medio.

Facciamo l'ipotesi che v possa apparire con uguale probabilità in qualunque posizione, ossia che

$$P(v \text{ si trova in } i\text{-esima posizione}) = \frac{1}{n}$$

Allora il numero medio di iterazioni del ciclo è dato da:



$$\sum_{i=1}^n i \frac{1}{n} = \frac{1}{n} \frac{n(n+1)}{2} = \frac{n+1}{2}$$

Un'ipotesi alternativa è la seguente: supponiamo che tutte le possibili $n!$ permutazioni della sequenza di n numeri siano equiprobabili. Di queste, ve ne saranno un certo numero nelle quali v appare in prima posizione, un certo numero nelle quali v appare in seconda posizione, ecc.

Il numero medio di iterazioni del ciclo sarà di conseguenza:

$$\text{numero medio di iterazioni} = \sum_{i=1}^n i \frac{\text{numero di permutazioni in cui } v \text{ è in posizione } i}{\text{numero totale di permutazioni}}$$

Ora, il numero di permutazioni nelle quali v appare nella i -esima posizione è uguale al numero delle permutazioni di $(n-1)$ elementi, dato che fissiamo solo la posizione di uno degli n elementi, cioè $(n-1)!$. Quindi:

$$\text{numero di iterazioni} = \sum_{i=1}^n i \frac{(n-1)!}{n!} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n i = \frac{n+1}{2}$$

Facendo due ipotesi di equiprobabilità diverse, abbiamo trovato lo stesso risultato. Dunque, possiamo ragionevolmente pensare che il costo computazionale del caso medio sia un $\Theta(n)$.

3.2 Ricerca binaria

E' possibile progettare un algoritmo più efficiente nel caso in cui la sequenza degli elementi sia ordinata (come sono, ad esempio, i cognomi degli abbonati nell'elenco telefonico).

Come cerchiamo un nome nell'elenco telefonico? Iniziamo sempre e comunque dalla prima lettera dell'alfabeto? Ovviamente no... andiamo direttamente a una pagina dove pensiamo di trovare cognomi che iniziano con la lettera giusta; se siamo precisi troviamo il nome nella pagina, altrimenti ci spostiamo in avanti o indietro (di un congruo numero di pagine) a seconda che la lettera del cognome che cerchiamo venga prima o, rispettivamente, dopo quelle delle iniziali dei cognomi contenuti nella pagina.

Un algoritmo che sfrutta questa idea è la ricerca binaria, mostrata nel seguito. Si ispeziona l'elemento centrale della sequenza. Se esso è uguale al valore



cercato ci si ferma; se il valore cercato è più piccolo si prosegue nella sola metà inferiore della sequenza, altrimenti nella sola metà superiore.

Funzione Ricerca_binaria (A: vettore; v: intero)

```
a ← 1
b ← |A|
m ← ⌊ $\frac{a+b}{2}$ ⌋
while (A[m] ≠ v)
    if (A[m] > v)
        b ← m - 1
    else
        a ← m + 1
    if (a > b) return null
    m ← ⌊ $\frac{a+b}{2}$ ⌋
return m
```

Una prima considerazione: ad ogni iterazione si dimezza il numero degli elementi su cui proseguire l'indagine. Questo ci permette di comprendere dove stia la grande efficienza della ricerca binaria: il numero di iterazioni cresce come $\log n$. Il che significa, ad esempio, che per trovare (o sapere che non c'è) un elemento in una sequenza ordinata di un miliardo di valori bastano circa 30 iterazioni!

Per quanto sopra detto, abbiamo che il ciclo `while` viene eseguito al più $\Theta(\log n)$ volte; pertanto il costo computazionale è:

- $\Theta(\log n)$ nel caso peggiore (l'elemento non c'è);
- $\Theta(1)$ nel caso migliore (l'elemento si trova al primo colpo).

Poiché caso migliore e caso peggiore non hanno lo stesso costo, valutiamo il costo computazionale del caso medio, facendo le seguenti assunzioni:

- il numero di elementi è una potenza di 2 (per semplicità dei calcoli, ma è facile vedere che questa assunzione non modifica in alcun modo il risultato finale);
- v è presente nella sequenza (altrimenti si ricade nel caso peggiore);
- tutte le posizioni di v fra 1 e n sono equiprobabili.



Domandiamoci ora quante siano le posizioni $n(i)$ raggiungibili alla i -esima iterazione:

- con una iterazione si raggiunge la sola posizione $n/2$, cioè $n(1)=2^0=1$;
- con due iterazioni si raggiungono le due posizioni $\frac{n}{4}$ e $3\frac{n}{4}$, cioè $n(2)=2^1=2$;
- con tre iterazioni si raggiungono le quattro posizioni $\frac{n}{8}$, $3\frac{n}{8}$, $5\frac{n}{8}$, $7\frac{n}{8}$, cioè $n(3)=2^2=4$;
- e così via.

In generale, l'algoritmo di ricerca binaria esegue i iterazioni se e solo se v si trova in una delle $n(i)=2^{i-1}$ posizioni raggiungibili con tale numero di iterazioni.

Ricordando che la probabilità che l'elemento da trovare si trovi su una delle $n(i)$ posizioni toccate dalla i -esima iterazione è $n(i)/n$, il numero medio di iterazioni è:

$$\text{numero medio di iterazioni} = \sum_{i=1}^{\log n} i \frac{n(i)}{n} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{\log n} i 2^{i-1}$$

Ma ricordando che:

$$\sum_{i=1}^k i 2^{i-1} = (k-1)2^k + 1$$

otteniamo:

$$\frac{1}{n} \left((\log n - 1) 2^{\log n} + 1 \right) = \log n - 1 + \frac{1}{n}$$

Ossia, il numero medio di iterazioni si discosta per meno di un confronto dal numero massimo di iterazioni!

3.3 Una curiosità: ricerca in tempo costante

Abbiamo detto in questo capitolo che occorre tempo $O(n)$ per eseguire una ricerca di un elemento tra n se essi non sono ordinati, e tempo $O(\log n)$ se essi sono invece ordinati.

Spostiamoci ora in un campo completamente diverso. Sia data una lunga sequenza di DNA, e ci chiediamo se un certo frammento sia presente in esso o no. Questo può essere fatto usando la così detta *ibridizzazione*, cioè il processo che unisce due eliche singole di DNA in un'unica elica doppia. E' noto infatti che frammenti di singole eliche si attraggono e formano un'elica doppia se essi sono uno il complementare dell'altro (cioè, molto semplicisticamente, se ad ogni nucleotide A corrisponde un nucleotide T e viceversa, e ad ogni nucleotide C



corrisponde un nucleotide *G* e viceversa). Per questo scopo, i biologi usano le *sonde*, piccoli frammenti di eliche singole di DNA che hanno una sequenza nota e sono fluorescenti. L'avvenuta ibridizzazione di una sonda in un frammento di DNA sconosciuto evidenzia la presenza della sequenza complementare a quella della sonda nel frammento. Considerando l'ibridizzazione come un singolo passo computazionale su una sorta di ipotetica macchina molecolare, potremmo dire che questo è un algoritmo di ricerca che si può eseguire con costo costante...