

# Algorithmen und Datenstrukturen

## Teil 4: Graphen (II): Bäume

DHBW Stuttgart Campus Horb  
Fakultät Technik  
Studiengang Informatik  
Dozent: Olaf Herden  
Stand: 01/2019

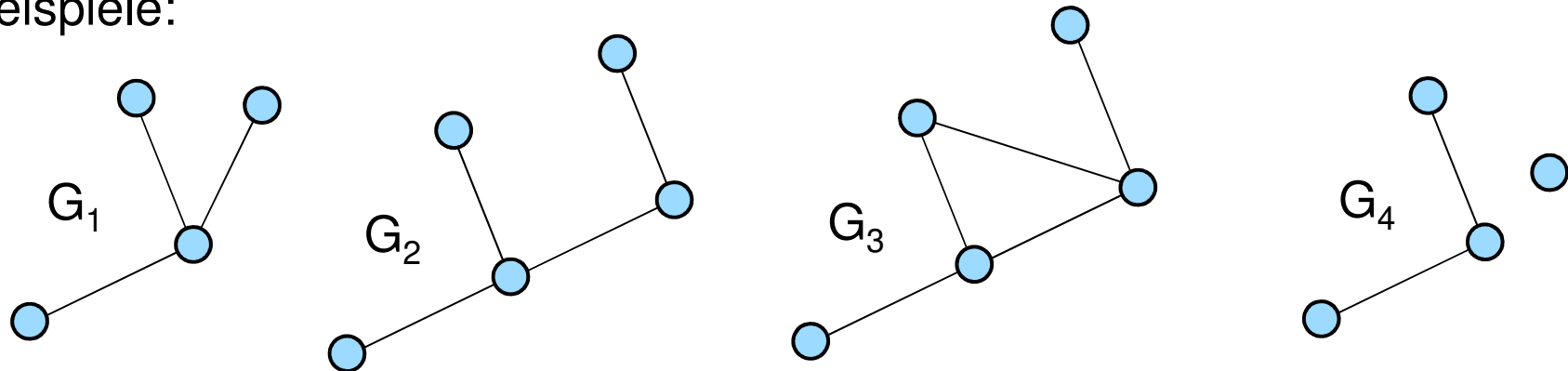
# Gliederung

---

- Definitionen und Eigenschaften
- Datenstrukturen für Bäume
- Anwendungen
- Algorithmen

# Bäume

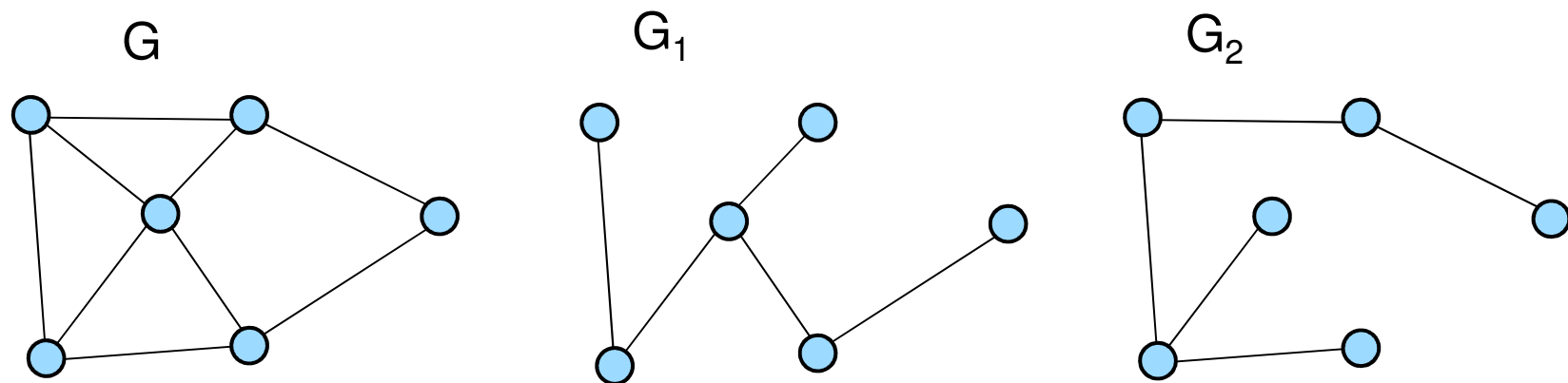
- Ungerichteter Graph ohne geschlossenen Weg heißt Wald
- Zusammenhangskomponenten eines Waldes heißen (ungerichtete) Bäume
- Anders ausgedrückt: (Ungerichteter) Baum ist zusammenhängender ungerichteter Graph, der keinen Zyklus enthält
- Beispiele:



- G<sub>1</sub> und G<sub>2</sub> sind Bäume
- G<sub>3</sub> ist kein Baum (enthält Zyklus)
- G<sub>4</sub> ist Wald mit zwei Bäumen

# Aufspannende Bäume

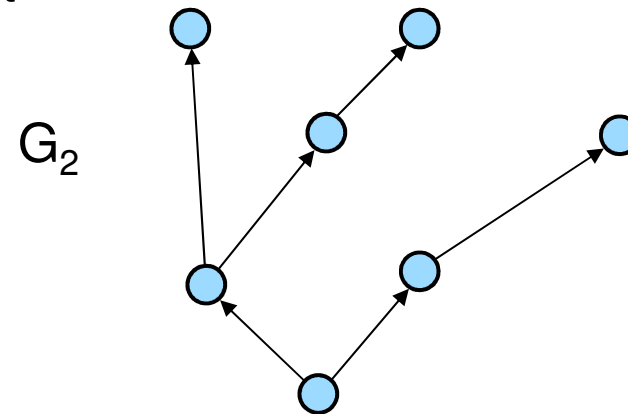
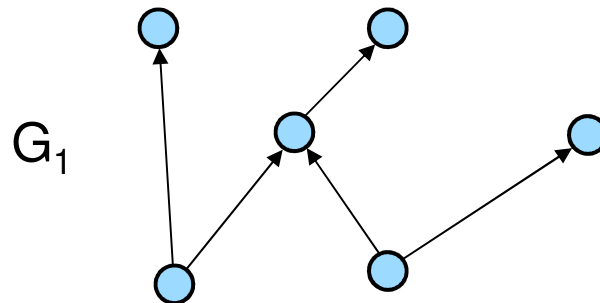
- Wenn  $G$  ein Graph ist, dann heißt  $G'$  aufspannender Baum von  $G$ , wenn
  - $G'$  hat die gleiche Knotenmenge wie  $G$
  - $G'$  enthält Teilmenge der Kantenmenge von  $G$
  - $G'$  ist ein Baum
- Beispiel:



- $G_1$  und  $G_2$  sind aufspannende Bäume von  $G$

# Gerichtete Bäume und Wurzelbäume (I)

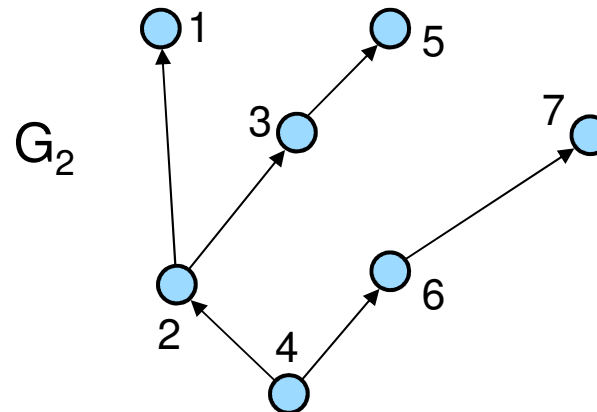
- Gerichteter Graph heißt gerichteter Baum, wenn der zugrundeliegende ungerichtete Graph Baum ist
- Sind  $v_1$  und  $v_2$  Knoten eines gerichteten Baumes und  $v_1$  ist von  $v_2$  aus erreichbar, dann heißt  $v_2$  Vorgänger von  $v_1$  und  $v_1$  Nachfolger von  $v_2$ .
- Knoten  $v$  heißt Wurzel eines gerichteten Baumes, wenn von  $v$  aus jeder andere Knoten erreichbar
- Gerichteter Graph  $G$  heißt Wurzelbaum oder Baum, wenn  $G$  gerichteter Baum ist und genau eine Wurzel besitzt
- Beispiele:



- $G_1$  ist ein Baum, aber kein Wurzelbaum
- $G_2$  ist ein Wurzelbaum

# Gerichtete Bäume und Wurzelbäume (II)

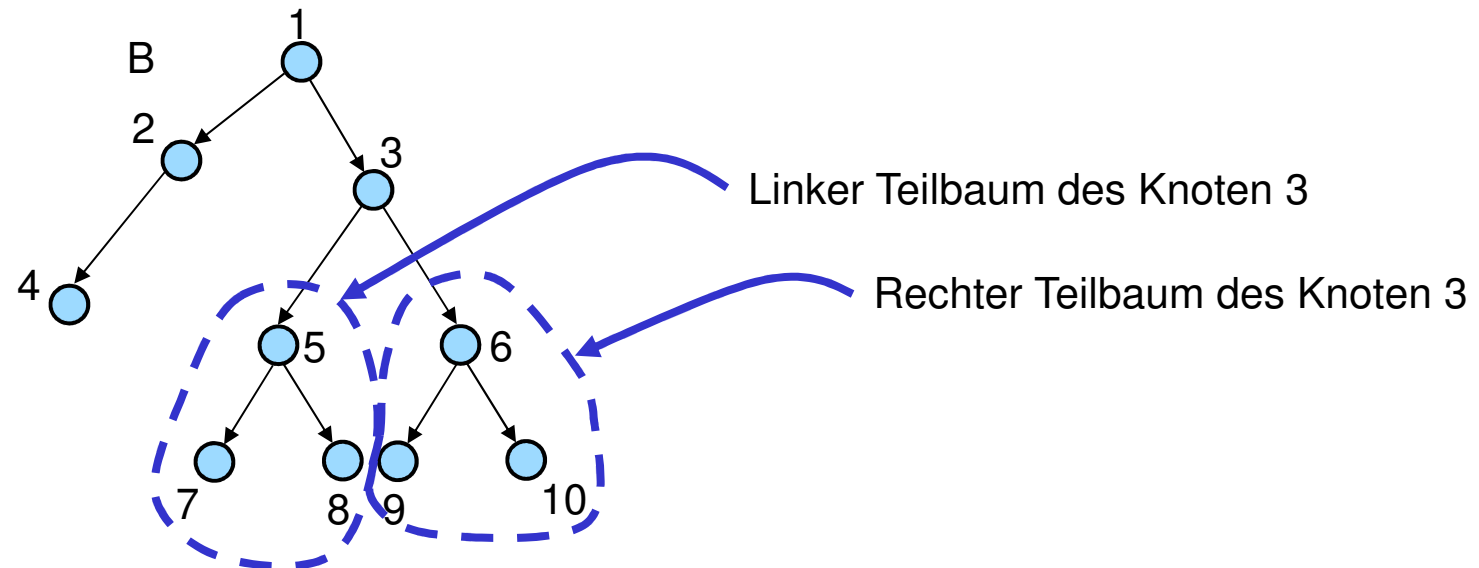
- Knoten eines gerichteten Baumes mit Ausgangsgrad 0 heißt Blatt.
- Andere Knoten des Baumes heißen innere Knoten.
- Niveau (oder Ebene) eines Knotens ist die Entfernung von der Wurzel in Anzahl Kanten + 1.
- Höhe eines Wurzelbaums ist das maximale Niveau eines Knotens.
- Beispiel:



- Knoten 4 ist Wurzel, Knoten 1,5 und 7 sind Blätter, restliche Knoten innere Knoten
  - Niveau von Knoten 2 und 6 ist 2, Knoten 1, 3 und 7 haben Niveau 3 und der Knoten 5 Niveau 4
  - $G_2$  besitzt die Höhe 4
- Anmerkung: Häufig wird nicht zwischen Wurzelbaum und Baum unterschieden

# Binärbäume

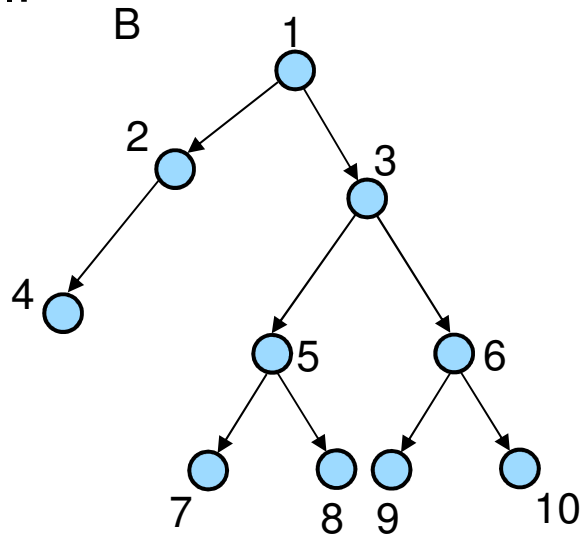
- Wurzelbaum heißt Binärbaum, wenn maximaler Ausgangsgrad eines Knotens 2 ist.
- Nachfolger eines Knoten  $v$  bilden Wurzeln des linken und rechten Teilbaums von  $v$ .
- Beispiel:



- B ist Binärbaum

# Namenskonzvention

- Statt Nachfolger und Vorgänger wird bei Bäumen häufig von Eltern- und Kindknoten gesprochen
- Benachbarte Knoten heißen dann auch Geschwister
- Beispiel:

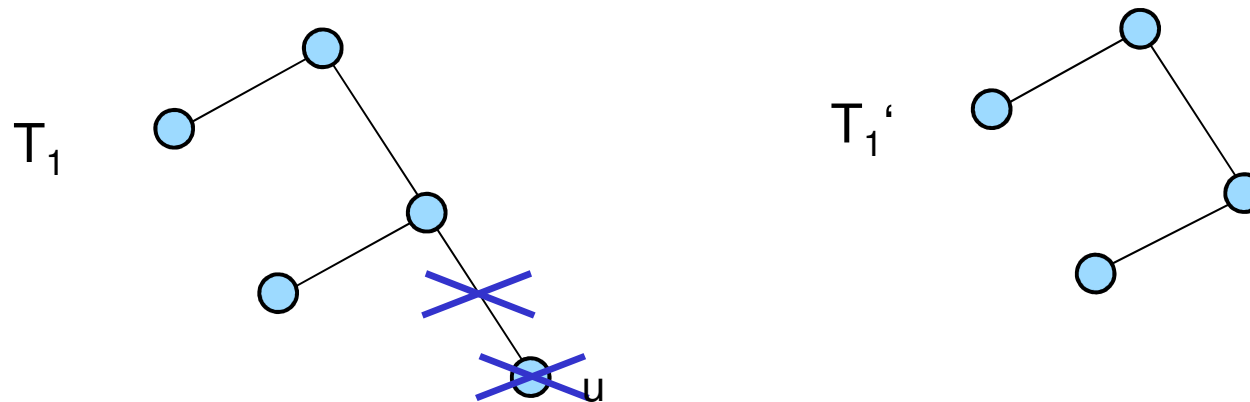


- 3 ist Elternknoten (oder Vorgänger) von 5 und 6
- 5 und 6 sind Kindknoten (oder Nachfolger) von 3
- 5 und 6 sind Geschwisterknoten



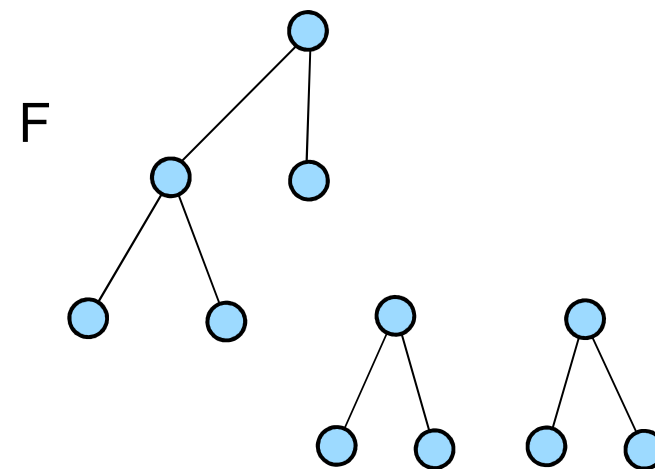
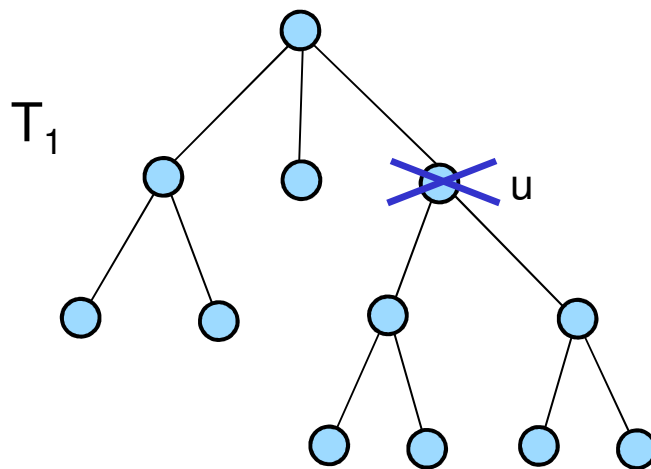
# Eigenschaften (I)

- Sei  $T=(V,E)$  Baum. Dann gilt:
  - $T$  hat genau eine Kante weniger als Knoten (Kantenzahl = Knotenzahl  $- 1$ ,  $|E| = |V| - 1$ )
  - Wenn  $|V| \geq 2$  und  $u \in V$  Blatt, so bleibt  $T$  nach Entfernen von  $u$  und seinen ausgehenden Kanten ein Baum
  - Beispiel:



# Eigenschaften (II)

- Wenn  $u \in V$  beliebiger Knoten, so entstehen nach Entfernen von  $u$  und seinen ausgehenden Kanten  $\deg(u)$  Bäume
- Beispiel: Durch Entfernen von  $u$  aus  $T_1$  entsteht Wald  $F$  mit drei Bäumen, weil  $\deg(u) = 3$



# Anzahl Binärbäume mit n Knoten

- Unterscheidung:
  - Knotennamen relevant (markierte Bäume)
  - Knotennamen irrelevant, nur Form zählt (Strukturell verschiedene Bäume)
- Es gilt:

Knoten	2	3	4	5	6	7	8
Markierte Bäume	1	3	16	125	1296	16807	262144
Knoten-namen irrelevant	2	5	14	42	132	429	1430

- Für markierte Bäume gilt (Satz von Cayley):  
 Für  $n \geq 2$  Knoten gibt es genau  $n^{n-2}$  markierte Bäume.
- Für strukturell verschiedene Bäume gilt (Catalan-Zahlen):

$$b_n = \frac{1}{n+1} \binom{2n}{n} = \begin{cases} 1, & \text{falls } n = 0, \\ \sum_{k=0}^{n-1} b_k b_{n-1-k}, & \text{falls } n > 0. \end{cases}$$

# Übersicht

---

- Definitionen und Eigenschaften
- Datenstrukturen für Bäume
- Anwendungen
- Algorithmen

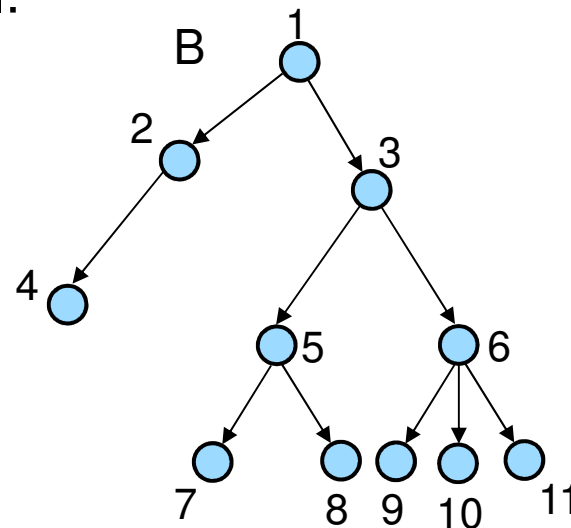
# Motivation

---

- Bäume sind spezielle Form von Graphen
- Für Graphen bekannte Datenstrukturen auch für Bäume verwendbar
- Aber: Spezialfall lässt Optimierungen zu
- Im Folgenden:
  - Effiziente Strukturen für Wurzelbäume
  - Spezielle Strukturen für Binärbäume
  - Beliebige Bäume als Binärbäume

# Wurzelbaum als Feld (I)

- Wurzelbaum: Jeder Knoten (außer Wurzel) hat genau einen Vorgänger
- D.h. durch Angabe der Vorgänger ist Baum eindeutig bestimmt
- D.h. Feld der Vorgänger ist einfache, kompakte Datenstruktur
- Beispiel:




<b>Index</b>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
<b>Vorgänger</b>	0	1	1	2	3	3	5	5	6	6	6

# Wurzelbaum als Feld (II)

- Vorteil:
  - Abfrage nach Vorgänger (bzw. gesamter Weg zurück zur Wurzel) effizient
  - Beispiel:

Index	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Vorgänger	0	1	1	2	3	3	5	5	6	6	6

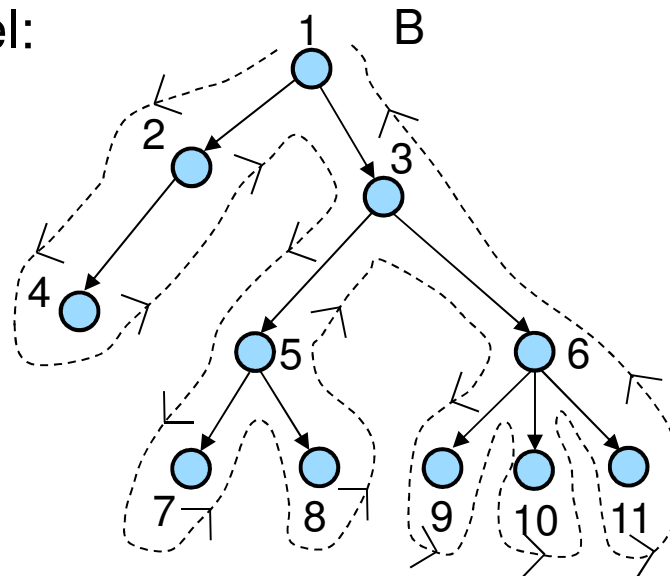


- Nachteil:
  - Weg von Wurzel zu einem bestimmten Knoten ineffizient (ganzes Feld muss durchsucht werden)
  - Keine Ordnungsbäume darstellbar (später in VL mehr)

# Wurzelbaum als Binärkode (I)

- Bijektion zwischen Wurzelbaum mit  $n$  Knoten und Binärkode der Länge  $2 \cdot n - 2$
- Von B zum Binärkode:
  - Starte an Wurzel
  - Umwandere Baum nach links unten (Gestrichelte Linie in Pfeilrichtung)
  - Bei Schritt zu tiefer gelegenem Knoten: Notiere 1
  - Bei Schritt zu höher gelegenem Knoten: Notiere 0

• Beispiel:

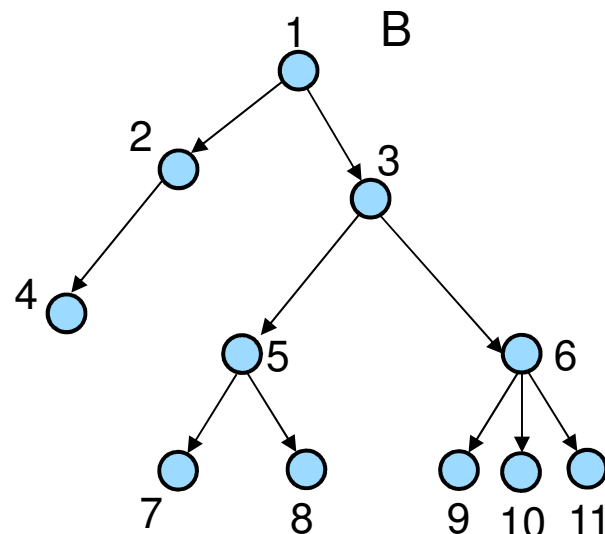


Binärkode: 11001110100110101000



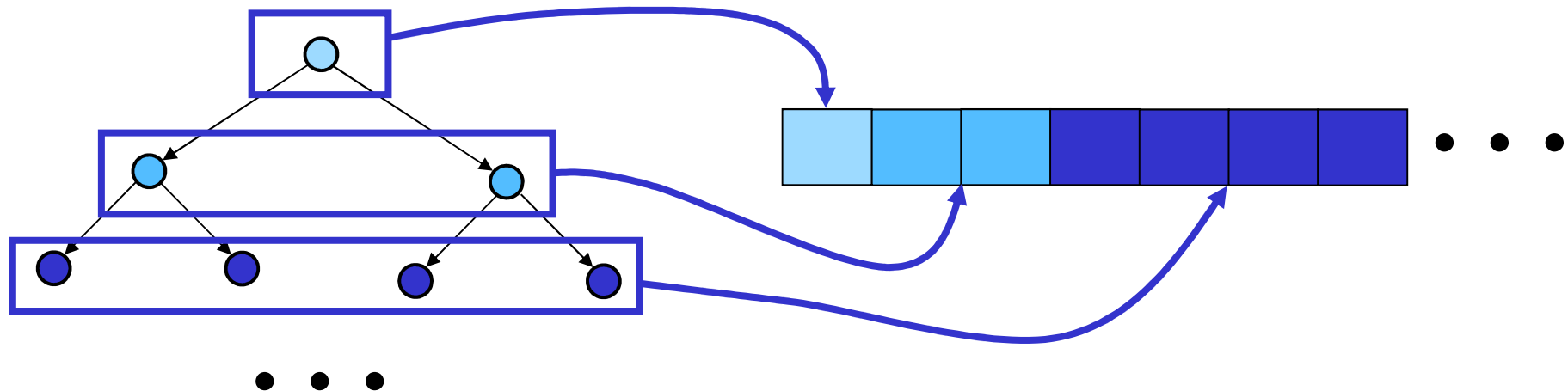
# Wurzelbaum als Binärkode (II)

- Vom Binärkode zu B:
  - Starte an Wurzel
  - Gehe Binärkode von links nach rechts durch
  - Bei 1: Zeichne Knoten als Nachfolger von aktuellem Knoten
  - Bei 0: Gehe Schritt zu höher gelegenem Knoten
- Beispiel: Binärkode: 11001110100110101000



# Binärbaum als Feld (I)

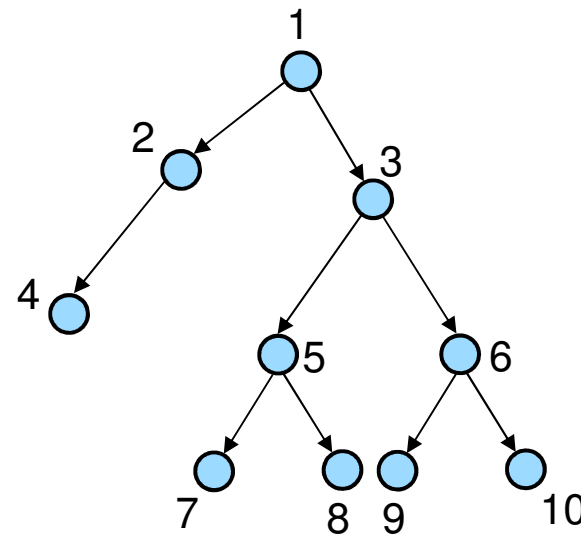
- Binärbäume lassen sich gut als Feld darstellen:
  - Baum der Höhe  $h$  hat max.  $2^h - 1$  Knoten
  - $i$ -te Element bei reihenweiser Traversierung wird an Position  $i$  gespeichert



- Vorteil: Leichte Navigation in beide Richtungen:
  - Vorgänger( $\text{Feld}[i]$ ) =  $\text{Feld}[i \text{ div } 2]$
  - Linker Nachfolger( $\text{Feld}[i]$ ) =  $\text{Feld}[2i]$
  - Rechter Nachfolger( $\text{Feld}[i]$ ) =  $\text{Feld}[2i+1]$

# Binärbaum als Feld (II)

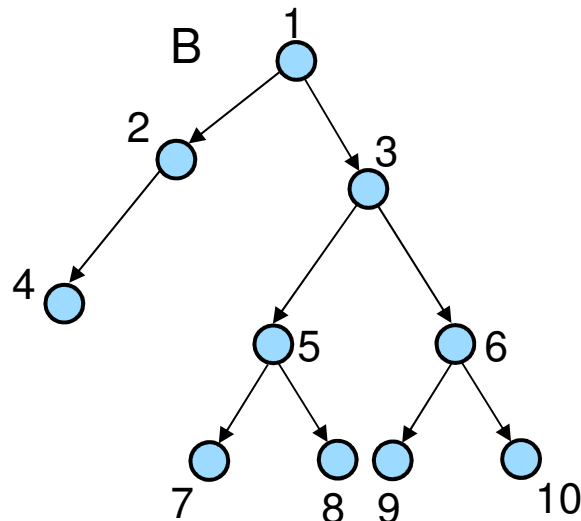
- Unvollständiger Binärbaum:
  - Nehme auch Feld der Länge  $2^h-1$
  - Trage für nicht vorhandene Knoten Sondersymbol (z.B. #) ein:
    - Feld[1] = Wurzel
    - Feld[2i] = linker Nachfolger von Feld[i], falls vorhanden, sonst #
    - Feld[2i+1] = rechter Nachfolger von Feld[i], falls vorhanden, sonst #
  - Beispiel:



Index	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Eintrag	1	2	3	4	#	5	6	#	#	#	#	7	8	9	10

# Adjazenzliste als Feld

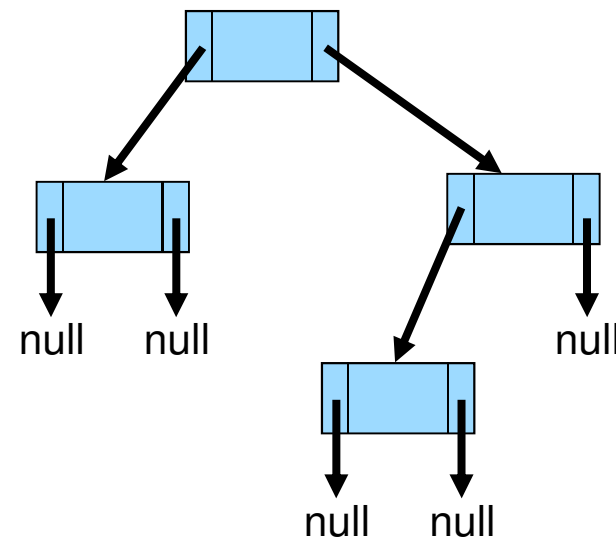
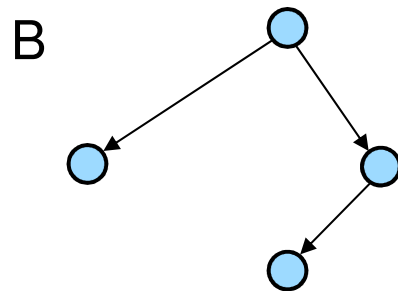
- Da bei Binärbäumen die Listen maximal die Länge 2 haben können, können diese gut als Feld realisiert werden
- Für Binärbäume sehr effiziente Struktur (Navigation in beide Richtungen schnell, ebenso Abfrage nach Wurzel bzw. Blatt)
- Bei jedem Knoten werden die eigentlichen Knoteninformationen (Name und Markierung), Vorgänger und die beiden Nachfolger gespeichert
- Beispiel:



Index	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Vorgänger	0	1	1	2	3	3	5	5	6	6
Linker Nachfolger	2	4	5	0	7	9	0	0	0	0
Rechter Nachfolger	3	0	6	0	8	10	0	0	0	0

# Binärbaum mit Verzeigerungen

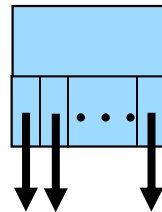
- Für Binärbäume:
  - Jeder Knoten besteht aus Schlüssel und Daten sowie zwei Zeigern, die auf den linken bzw. rechten Nachfolger verweisen
  - Beispiel:



- Variante/Erweiterung: Auch Rückverweise, wenn Navigation von Blättern zur Wurzel notwendig

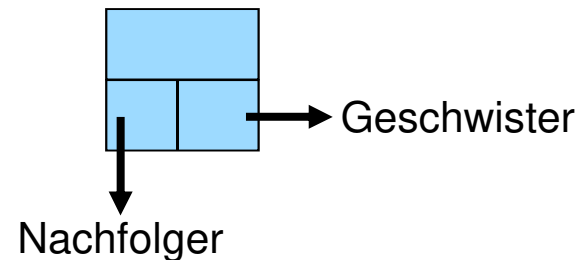
# Beliebige Bäume als Binärbäume

- Erste Idee:
  - Obergrenze an Nachfolgerknoten festlegen ( $k$ )
  - Jeder Knoten damit folgende Struktur:

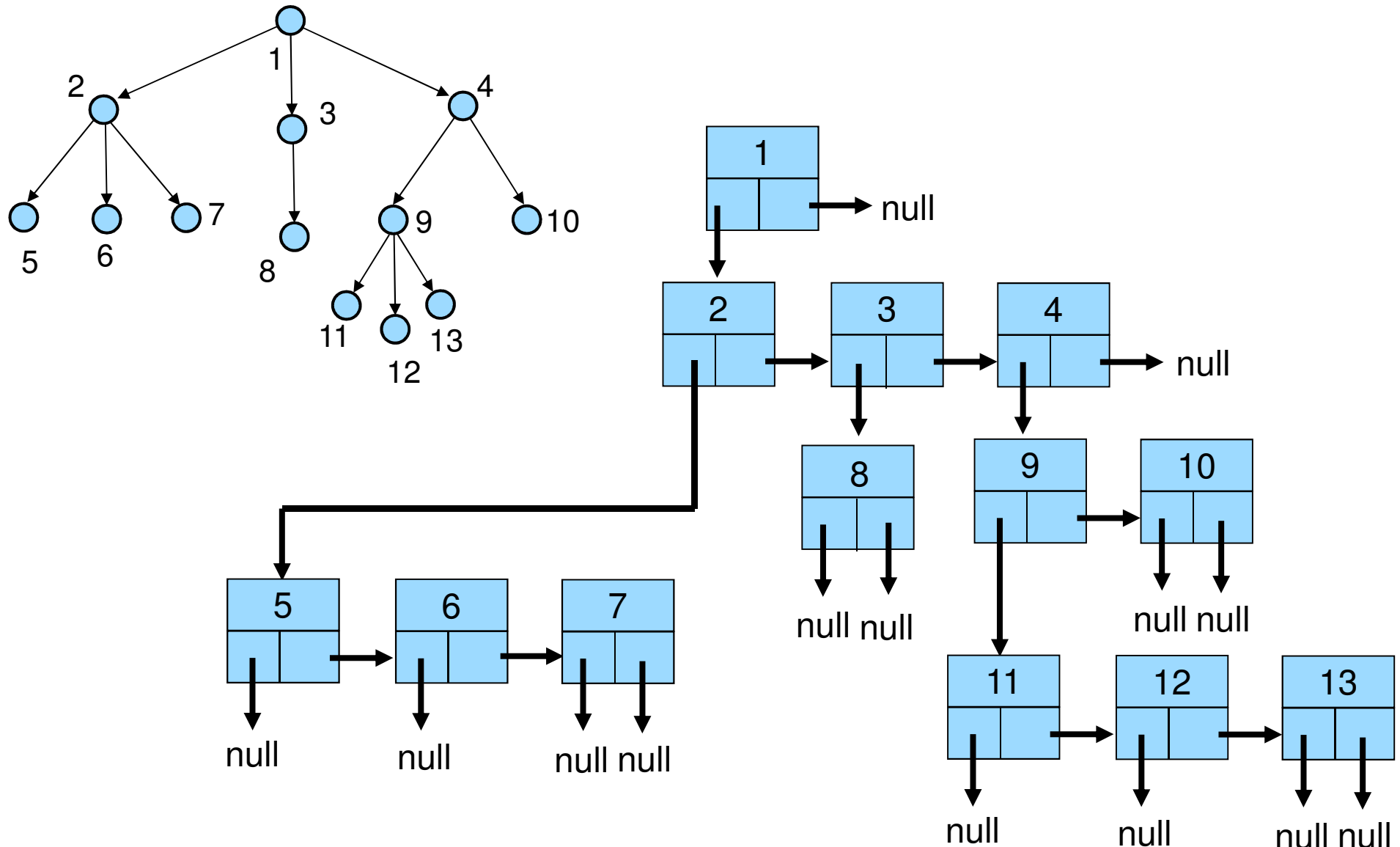


- Lösung unschön:
  - Feste Obergrenze
  - Speicherplatzverschwendung

- Daher:
  - Stelle Baum als Binärbaum dar
  - Knotenstruktur:



# Beispiel



# Übersicht

---

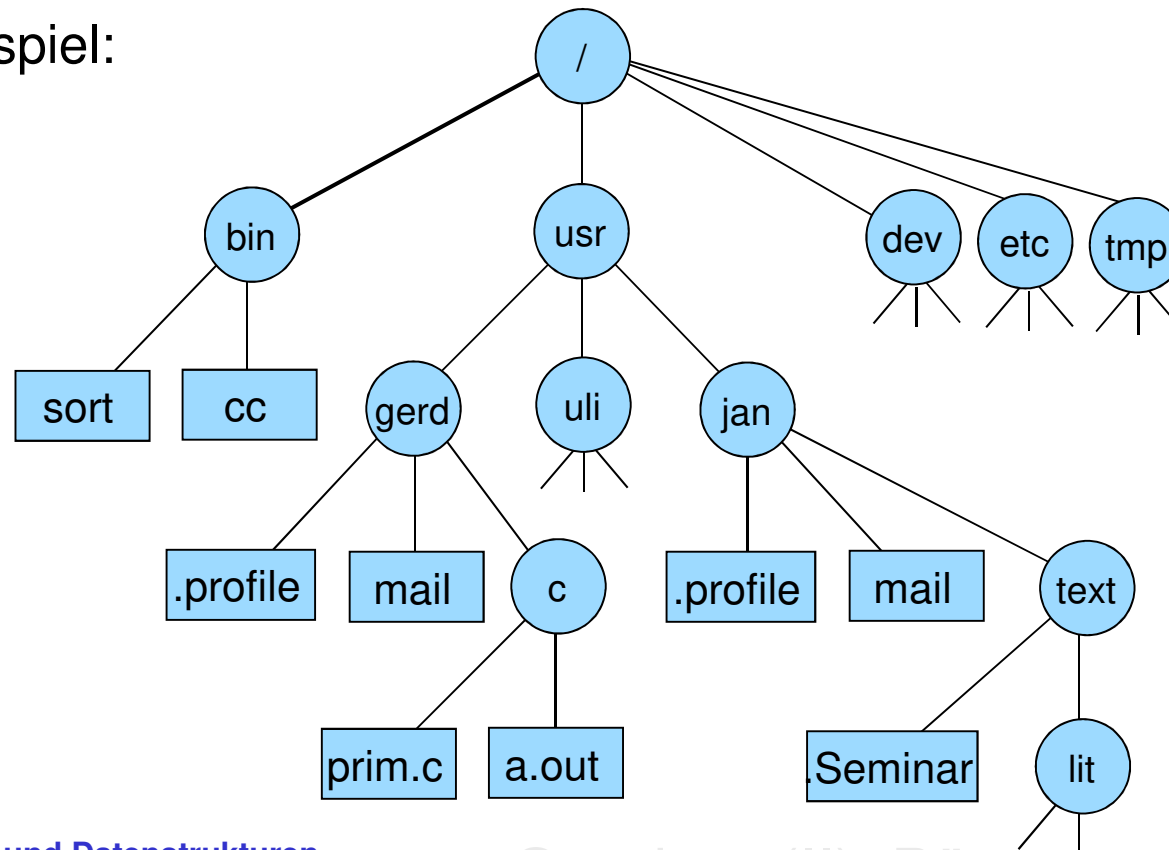
- Definitionen und Eigenschaften
- Datenstrukturen für Bäume
- Anwendungen
- Algorithmen



# Dateisysteme

- Dateisysteme in Betriebssystemen sind hierarchisch organisiert:
  - Jeder Knoten entspricht einem Verzeichnis/einer Datei
  - Die in einem Verzeichnis enthaltenen Verzeichnisse/Dateien sind seine Nachfolger
  - Leere Verzeichnisse und Dateien sind Blätter des Baumes

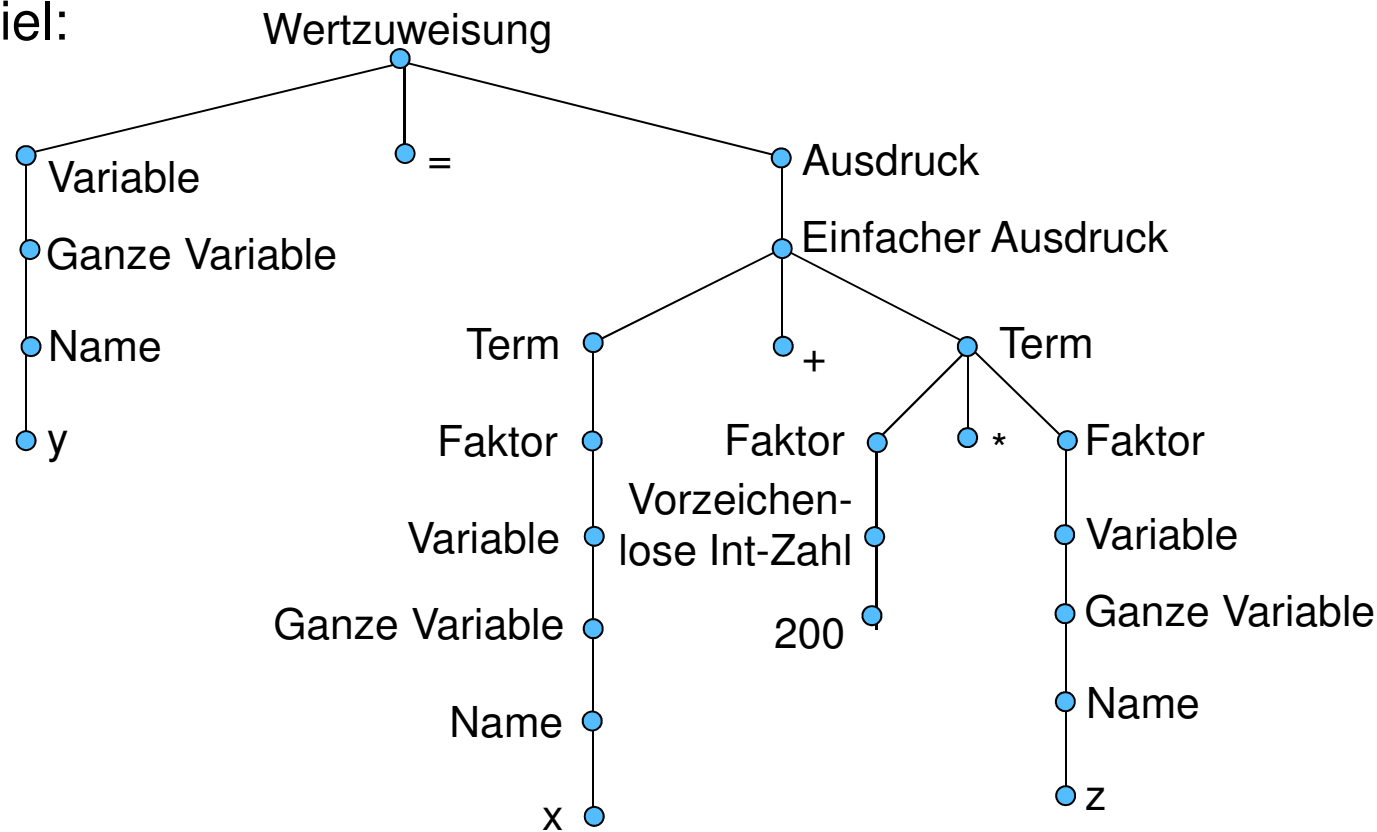
- Beispiel:



[Tura04]

# Compilerbau: Ableitungsbäume

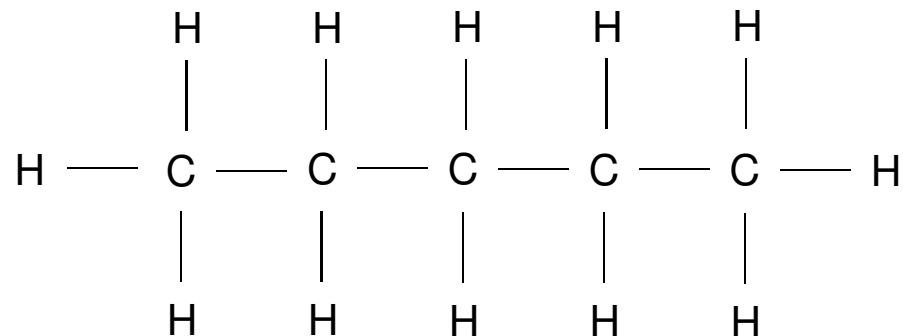
- Compiler-Teilschritt des Parsens: Ist Ausdruck (z.B.  $y=x+200*z$ ) syntaktisch korrekt?
- Knoten sind Symbole, Kanten ihr Zusammenhang
- Innere Knoten sind Nichtterminalsymbole, Blätter sind Terminalsymbole
- Beispiel:



[Tura04]

# Chemie: Darstellung Alkane

- Alkane (Kohlenstoff-Wasserstoff-Verbindungen) lassen sich als Baum darstellen
- Beispiel Pentan:



- Fragestellung: Wie viele verschiedene Pentane gibt es?
- Bzw.: Wie viele nichtisomorphe Bäume mit 5 Knoten von Grad 4 und 12 Knoten vom Grad 1 gibt es?
- Lösung: 3 (Beweis siehe Übung)

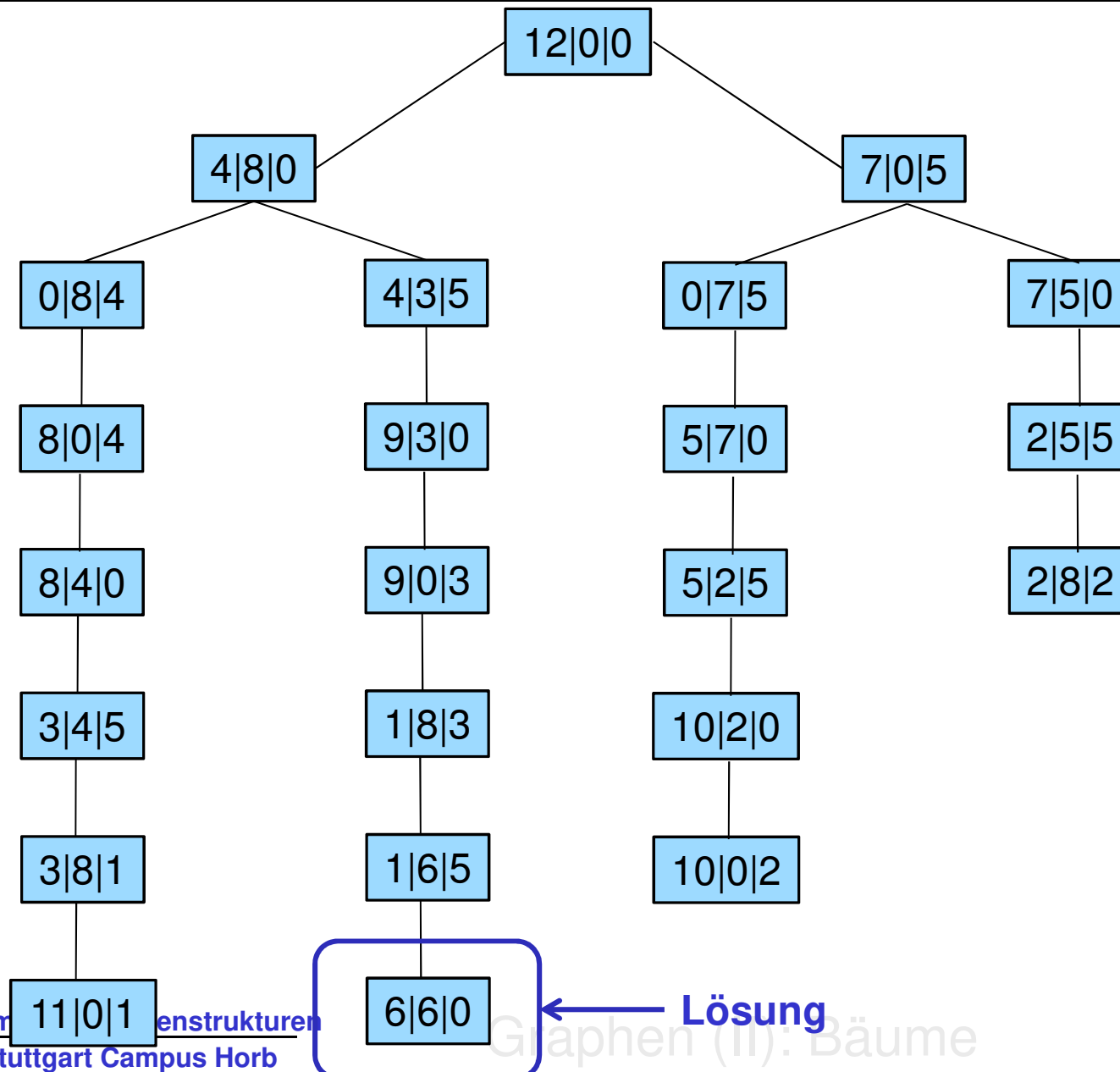
# Entscheidungsbäume (I)

---

- Beispiel:
  - Behälter mit 12 l Wasser in zwei gleiche Teile aufteilen
  - Hilfsmittel: Zwei Behälter mit 8 bzw. 5 l Fassungsvermögen
  - Frage: Wie oft muss man mindestens umfüllen?
- Vorgehen:
  - Wasserverteilungen der drei Behälter bilden Knoten:
    - Von links nach rechts: 12l-, 8l- und 5l-Gefäß
  - Wurzelknoten: 

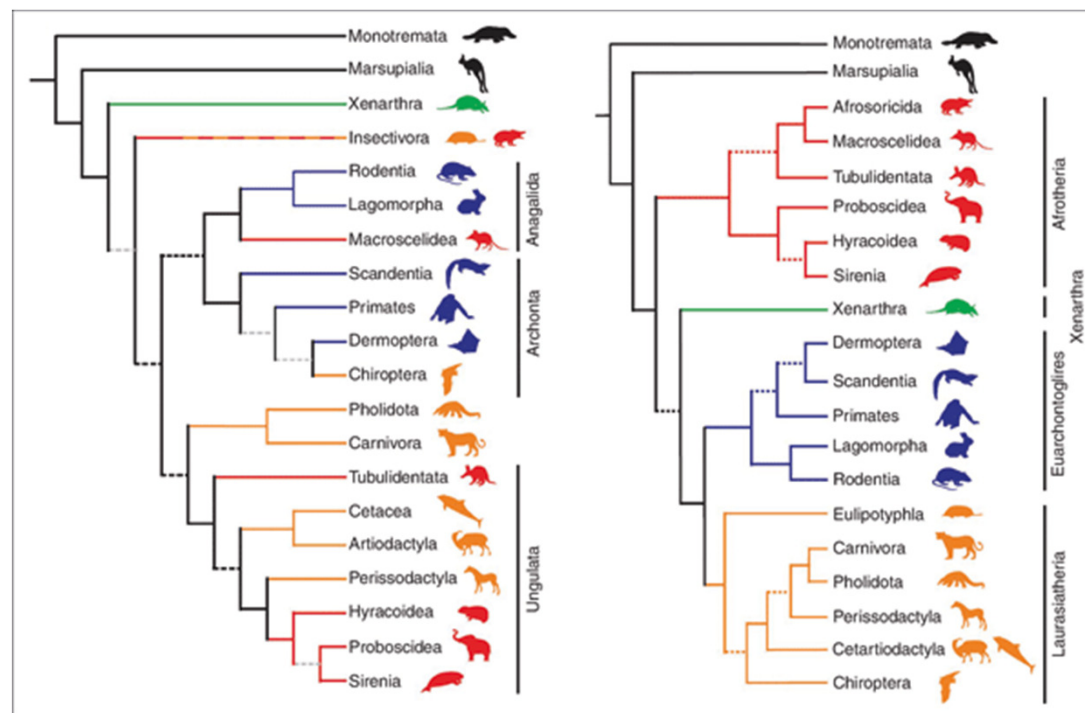
12 0 0
--------
  - Nachfolger:
    - Mögliche Verteilungen durch Umschütten
    - Nur Knoten, die bisher nicht Bestandteil des Baums

# Entscheidungsbäume (II)



# Phylogenetischer Baum

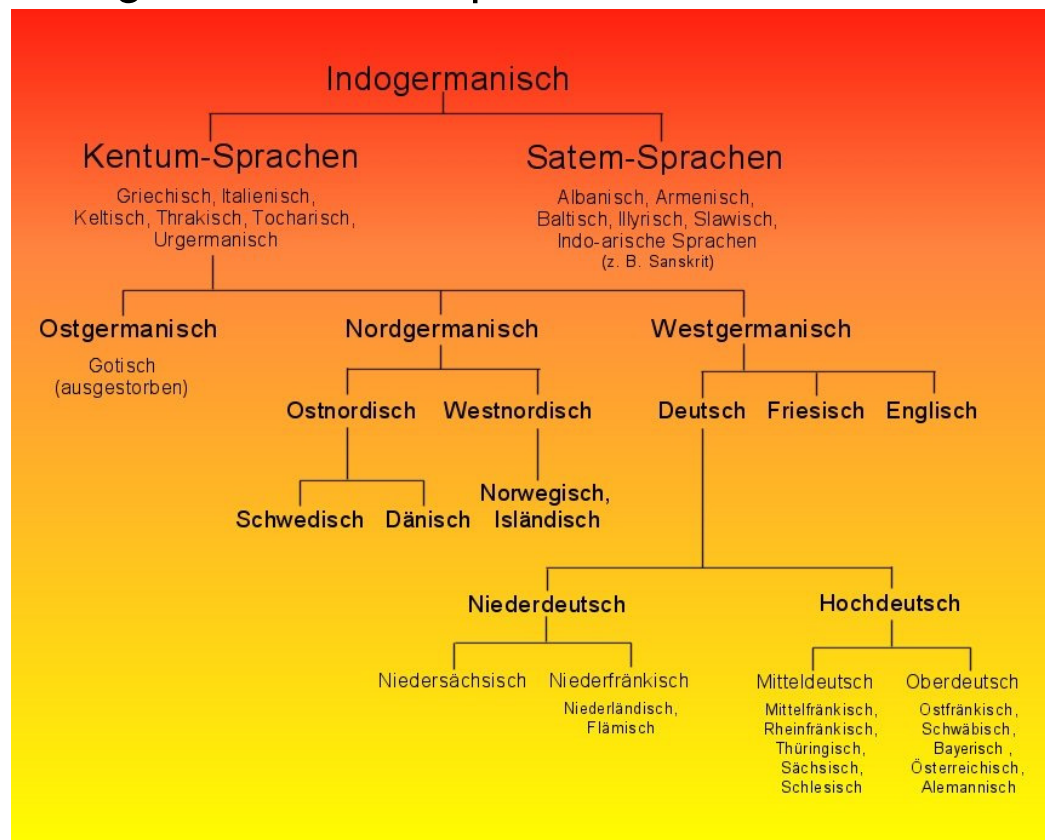
- Geben evolutionäre Entwicklung wieder
- Binäre Verzweigung
- Objekte an Blättern
- Innere Knoten mit oder ohne Label
- Kanten können beschriftet sein (z.B. zeitliche Distanz)
- Beispiel:



[<http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg20/heft2/sij202-s.html>]

# Entwicklung natürlicher Sprachen

- Binäre oder n-äre Verzweigung
- Innere Knoten Sprachgruppen/-familien
- Blätter aktuelle Sprachen
- Beispiel: Indogermanische Sprachen



# Übersicht

---

- Definitionen und Eigenschaften
- Datenstrukturen für Bäume
- Anwendungen
- **Algorithmen**



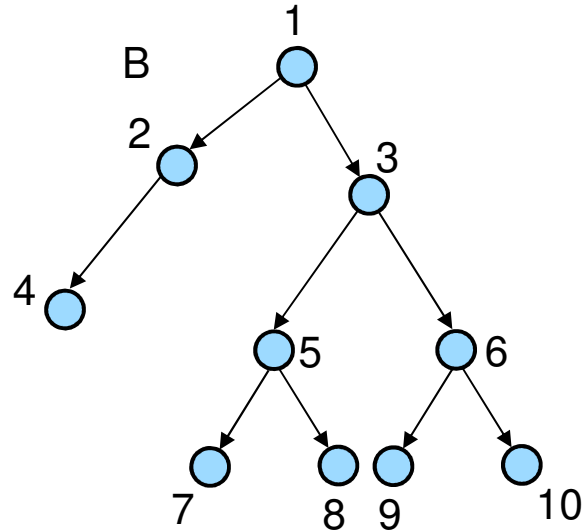
# Traversierung Binärbaum (I)

---

- Traversierung: Systematisches Abarbeiten aller Knoten
- Drei mögliche Varianten (Einstieg jeweils über Wurzel)
  - Inorder-Durchlauf:
    - Gehe in linken Teilbaum des aktuellen Knoten, führe Inorder rekursiv aus
    - Bearbeite aktuellen Knoten
    - Gehe in rechten Teilbaum des aktuellen Knoten , führe Inorder rekursiv aus
  - Präorder-Durchlauf:
    - Bearbeite aktuellen Knoten
    - Gehe in linken Teilbaum des aktuellen Knoten, führe Präorder rekursiv aus
    - Gehe in rechten Teilbaum des aktuellen Knoten , führe Präorder rekursiv aus
  - Postorder-Durchlauf:
    - Gehe in linken Teilbaum des aktuellen Knoten, führe Postorder rekursiv aus
    - Gehe in rechten Teilbaum des aktuellen Knoten , führe Postorder rekursiv aus
    - Bearbeite aktuellen Knoten

# Traversierung Binärbaum (II)

- Beispiel:



- Inorder-Durchlauf: 4 2 1 7 5 8 3 9 6 10
- Präorder-Durchlauf: 1 2 4 3 5 7 8 6 9 10
- Postorder-Durchlauf: 4 2 7 8 5 9 10 6 3 1

# Erstellung Phylogenetischer Baum (I)

---

- Gegeben: Gene von sechs Lebewesen

A    ATCGTGGTACTG

B    CCGGAGAACTAG

C    AACGTGCTACTG

D    ATGGTGAAAGTG

E    CCGGAAAAC TTG

F    TGGCCCTGTATC

- Beispiel entnommen aus  
[[https://www.youtube.com/watch?v=09eD4A\\_HxVQ](https://www.youtube.com/watch?v=09eD4A_HxVQ)]

# Erstellung Phylogenetischer Baum (II)

- Vorverarbeitung:
  - Schritt 1: Ähnlichkeit feststellen: Ausrichtung (Alignment)

```
A   ATCGTGGTACTG
B   CCGGAGAACTAG
C   AACGTGCTACTG
D   ATGGTGAAAGTG
E   CCGGAAAACCTG
F   TGGCCCTGTATC
```

- Schritt 2:
  - Sequenzen vergleichen
  - Metrik: Anzahl Unterschiede
  - Beispiel: A und B vergleichen

```
A   ATCGTGGTACTG
B   CCGGAGAACTAG
```

- Differenz (A,B) = 9

- Quelle: Beispiel entnommen aus [[https://www.youtube.com/watch?v=09eD4A\\_HxVQ](https://www.youtube.com/watch?v=09eD4A_HxVQ)]

# Erstellung Phylogenetischer Baum (III)

- Schritt 3: Erstellen Differenzmatrix

	A	B	C	D	E	F
A		9	2	4	9	10
B			9	6	2	10
C				5	9	10
D					6	10
E						10
F						

# Erstellung Phylogenetischer Baum (IV)

- Algorithmus:
  - Finde zwei ähnlichste Einträge  $E_1$  und  $E_2$
  - Bilde Baum aus neuem Knoten und Nachfolgern  $E_1$  und  $E_2$
  - Berechne neue Distanzmatrix mit  $\{E_1, E_2\}$  als ein Eintrag
  - Dabei:  $\forall x \in E$  mit  $x \neq E_1$  und  $x \neq E_2$ :  
$$Diff(x, \{E_1, E_2\}) := \frac{Diff(x, E_1) + Diff(x, E_2)}{2}$$
  - Fahre fort, bis Baum erreicht

# Erstellung Phylogenetischer Baum (V)

- Erstellen Sie den phylogenetischen Baum!

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	A	
1																															
2		a	b	c	d	e	f			a/c	b	d	e	f			a/c	b/e	d	f			a/c/d	b/e	f			a/b/c/d/e	f		
3	a	x	9,0	2,0	4,0	9,0	10,0		a/c	x	9,0	4,5	9,0	10,0		a/c	x	9,0	4,5	10,0		a/c/d	x	6,75	10,0		a/b/c/d/e	x	8,375		
4	b	x	x	9,0	6,0	2,0	10,0		b	x	x	6,0	2,0	10,0		b/e	x	x	6,0	10,0		b/e	x	x	10,0		f	x	x		
5	c	x	x	x	5,0	9,0	10,0		d	x	x	x	6,0	10,0		d	x	x	x	10,0		f	x	x	x						
6	d	x	x	x	x	6,0	10,0		e	x	x	x	x	10,0		f	x	x	x	x											
7	e	x	x	x	x	x	10,0		f	x	x	x	x	x																	
8	f	x	x	x	x	x	x																								
9																															
10																															
11																															
12																															
13																															
14																															
15																															
16																															
17																															
18																															
19																															

"C:\Users\dh10mbo\OneDrive - Durr Group\Documents\Uni\S2\Algos\PhylogenetischerBaum.xlsx"

# Datenkompression (I)

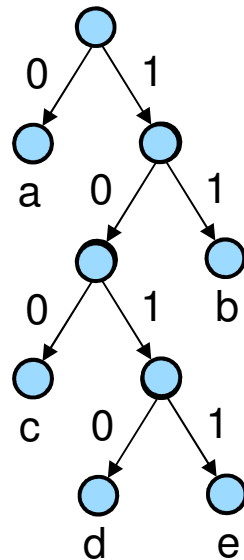
---

- Verlustfreie Kompression:
  - Reduzierung der Datenmenge unter Beibehaltung des Informationsgehaltes
  - Ursprüngliche Daten müssen sich aus komprimierten Daten wieder rekonstruieren lassen
- Gegenteil: Verlustbehaftete Kompression
- Idee: Einzelne Zeichen nicht durch Codes konstanter Länge darstellen (wie z.B. im ASCII-Code oder Unicode), sondern die Häufigkeit der Zeichen berücksichtigen
- Häufiger vorkommende Zeichen erhalten dann einen kürzeren Code als die weniger häufig vorkommenden
- Also: Zeichen nach ihrer Häufigkeit sortieren und dann Binärwerte zuordnen, erstes Zeichen erhält 0, zweites 1, drittes 00, viertes 01, ...
- Problem: Rekonstruktion unmöglich (Was bedeutet „00“?)
- Lösung bietet sog. Präfix-Code: Die Darstellung eines Zeichens ist niemals der Anfang der Darstellung eines anderen Zeichens



# Datenkompression (II)

- Darstellung Präfix-Code als Binärbaum:
  - Zeichen Blätter, Codierung Weg von Wurzel zum Blatt
  - Kante zu linkem Nachfolger wird mit 0 markiert, Kante zu rechtem Nachfolger mit 1
- Beispiel: Zeichen {a,b,c,d,e}



Zeichen	Code
a	0
b	11
c	100
d	1010
e	1011

- Code(„bade“) = 11010101011
- Decode(010101010111010) = „addbd“

# Datenkompression (III)

- Für gegebene Zeichenmenge Präfix-Code nicht eindeutig
- Bewertung: Was ist „guter“ Code?
  - Erste Idee: Maximale Länge eines Codeworts
  - Besser: Mittlere Codewortlänge  $l = \sum_{i=1}^n p_i \cdot l_i$
  - $l_i$  ist die Länge des i-ten Codeworts,  $p_i$  die Häufigkeit seines Auftretens
- Gesucht: Algorithmus, der Präfix-Code mit minimaler mittlerer Wortlänge systematisch konstruiert
- Huffman-Algorithmus:
  - Erzeugt Huffman-Code
  - Aufwand  $O(n \cdot \log n)$
  - Vorgeschlagen von David A. Huffman (1952)
- Anmerkung: (Noch) besserer Komprimierungsgrad wird erreicht, wenn nicht einzelne Zeichen, sondern Paare, Tripel oder größere Gruppen von Zeichen der Ausgangsmenge zusammen codiert werden

# Huffman-Algorithmus: Prinzip

---

- Voraussetzungen:
  - Gegeben ist ein Text mit  $n$  unterschiedlichen Zeichen
  - Zeichen  $a_1, a_2, \dots, a_n$  bilden das Alphabet  $A$  des Textes
  - Relative Häufigkeit des Auftretens des Zeichens  $a_i$  wird mit  $h_i$  bezeichnet
  - Dabei gilt:  $h_1 + h_2 + \dots + h_n = 1$
- Vorgehen:
  - Erzeuge für jedes Zeichen einen Wurzelbaum, der aus nur einem Knoten besteht, markiere diesen mit dem Zeichen und der relativen Häufigkeit
  - Die beiden Wurzelbäume mit den geringsten relativen Häufigkeiten werden zu einem neuen Baum vereint, wobei die Wurzel des neuen Baums die summierte relative Häufigkeit der beiden zusammengefassten Bäume bekommt
  - Fahre mit diesem Schritt solange fort, bis nur noch ein Baum existiert
  - Beschrifte jeweils die linke Kante mit 0 und die rechte mit 1
  - Präfix-Code kann nun direkt abgelesen werden
  - Anm. zu Schritt 2: Gibt es mehrere Auswahlmöglichkeiten für die Bäume mit geringster relativer Häufigkeit, können beliebige dieser Bäume genommen werden

# Huffman-Algorithmus: Aufgabe (I)

- Gegeben sei der folgende Text, für den ein Präfix-Code mit minimaler mittlerer Codewortlänge konstruiert werden soll:

AGNES HAT ANGST.

- Daraus ergibt sich:

Zeichen	A	E	G	H	N	S	T	<Leer>	.
Absolute Häufigkeit	3	1	2	1	2	2	2	2	1
Relative Häufigkeit	$\frac{3}{16}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{2}{16}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{2}{16}$	$\frac{2}{16}$	$\frac{2}{16}$	$\frac{2}{16}$	$\frac{1}{16}$

- Führen Sie den Huffman-Algorithmus aus!

# Huffman-Algorithmus: Aufgabe (VIII)

---

- Codieren:
  - Codiere(AGNES HAT ANGST) =  
0101001100110111001011101000001010110100111000101
- Decodieren:
  - Decodiere(010110110011000111100001100111000101) = ???

# Zusammenfassung (I)

---

- Definitionen:
  - Wald, Baum, Wurzelbaum
  - Wurzel, Blätter, Innere Knoten
  - Niveau, Höhe
- Datenstrukturen für Bäume:
  - Wurzelbaum als Feld
  - Binärbäume mit zwei Verweisen
  - Binärbaum: Adjazenzliste als Feld
  - Binärbaum mit Verzeigerungen
  - Beliebige Bäume als Binärbäume

# Zusammenfassung (II)

---

- Anwendungen:
  - Dateisysteme
  - Compiler
  - Alkane
  - Entscheidungsbäume
  - Präfix-Code
  
- Algorithmen:
  - Traversierung:
    - Präorder, Inorder, Postorder
  - Konstruktion Phylogenetischer Baum
  - Kompression:
    - Huffman-Algorithmus: Auffinden optimaler Präfix-Code

- Aufgabe 1**

Finden Sie im folgenden Rätsel fünf Begriffe aus diesem Vorlesungsabschnitt!

N R A T L L J P I L S V W D Z H R Z O R  
T E I O E S S L K X C T M R X B E J Y S  
Z Y T Z L E D O C N A M F F U H D T U E  
A Q R O P P L J O O J I M J N V R T T A  
M U H U N I L W U B G W R B L X O E Y Y  
W O R H T K X I K K D O I A N Z T P Z U  
A F E C V Y D P E R M F A E D A S N D W  
H Q L H F L I N B W U S Q Z C C O B O G  
G B I Y R P M E I W K A B E W T P T Q F  
C U D V B L A T T K Y P D Z M F Z S T I  
E W E N L Q H W E C A Q G C U H T M F T  
M I X Z C V P R B Y J I N R I M K J J E  
A M H W S I D H U J S V R L L Y N N N A  
U P B I E S X H Y N H B H U X F A I K U  
P E S O E W E N J I J T N K N I C I D N  
N Y T P X J B G O X F U B D L L K L U U  
M M I L S D K J D T D S N J K U T L W M  
T U H J D P Z B T Y Y S U I O P S Q I L  
F H A K H P X S T I O L Y U F N T U O X  
P C F I E C F T Z Q Y Q H G A B I K Y I



- **Aufgabe 2**

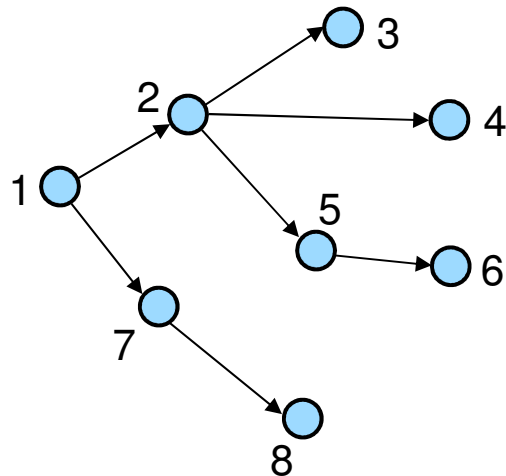
Für den Zeichenvorrat {v, w, x, y, z} liegen die folgenden Präfix-Codes und die angegebenen Häufigkeiten des Auftretens vor:

Zeichen	Code 1	Code 2	Häufigkeit
v	0	00	35%
w	11	01	20%
x	100	10	30%
y	1010	110	10%
z	1011	111	5%

- a) Geben Sie die mittlere Codewortlänge der beiden Codierungen an. Was besagen die Werte?
- b) Zeichnen Sie Binärbäume der beiden Codes!
- c) Durch welche Idee lassen sich Codes mit höherem Komprimierungsgrad erreichen?

- **Aufgabe 3**

Gegeben sei der folgende Baum B.



- Welcher Knoten bildet die Wurzel?
- Wie viele Blätter hat B?
- Welches Niveau hat Knoten 4?
- Ist B ein Binärbaum? Warum (nicht)?
- Welche Höhe hat B?

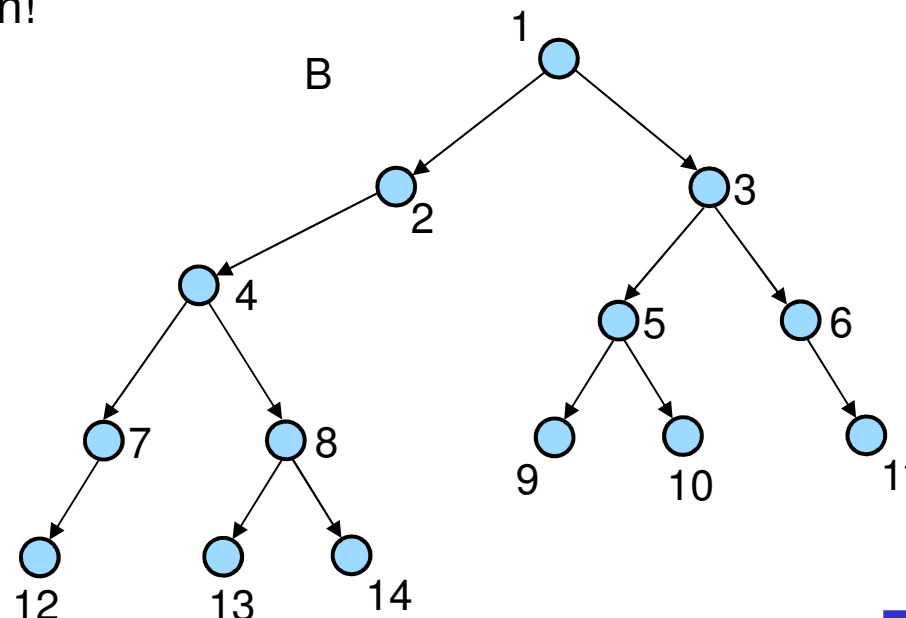
# Übungen (IV)

- **Aufgabe 4**

- Welche Aussagen lassen sich über die Adjazenzmatrix eines Wurzelbaums treffen?
- Welche Aussagen lassen sich über die Adjazenzmatrix eines Baums treffen?
- Welche Aussagen lassen sich über die Adjazenzmatrix eines Binärbaums treffen?

- **Aufgabe 5**

Geben Sie für den folgenden Binärbaum B die Knotenfolge von Prä-, In- und Postorder-Durchlauf an!



- **Aufgabe 6**

Bestimmen Sie durch Anwendung des Huffman-Algorithmus einen Präfix-Code für die Zeichen a, b, c, d, e und f mit den Häufigkeiten 0.12, 0.32, 0.04, 0.2, 0.16 und 0.16.

Bestimmen Sie die mittlere Codewortlänge!

- **Aufgabe 7**

a) Geben Sie die drei unterschiedlichen Pentane an!

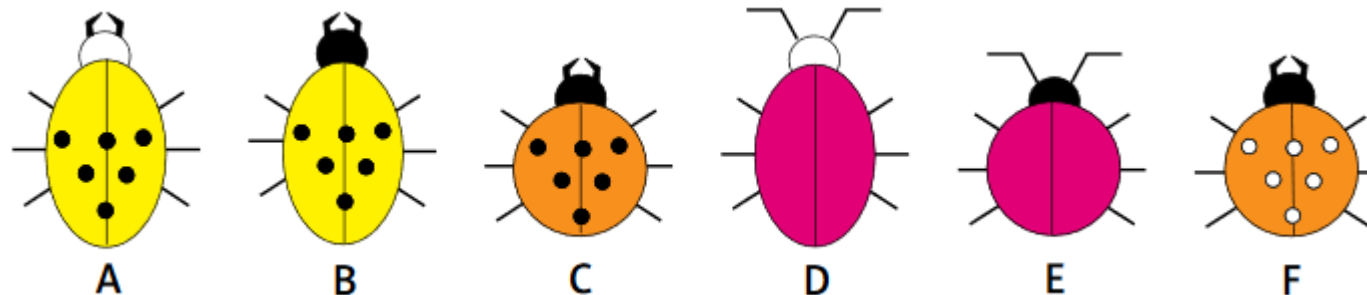
b) Wie viele unterschiedliche Hexane gibt es? Geben Sie diese an!

- Aufgabe 8**

	Wahr	Falsch
In einem Binärbaum hat jeder Knoten zwei ausgehende Kanten.		
Bei der Ausgabe von Dateien aus aktuellem Verzeichnis und allen Unterverzeichnissen kann das Postorder-Verfahren angewendet werden.		
Für einen gegebenen Zeichenvorrat ist der Präfix-Code immer eindeutig.		
Bei einem Postorder-Durchlauf in einem Binärbaum wird die Wurzel stets zuletzt besucht.		
Bäume können keine isolierten Knoten haben.		
Ein Baum ist immer zyklensfrei.		
Schlingen können in Bäumen vorkommen.		
Der Huffman-Algorithmus berechnet einen Präfix-Code mit minimaler Codewortlänge.		

- **Aufgabe 9**

Gegeben seien die folgenden sechs Käfer:



Erstellen Sie einen Phylogenetischen Baum!

Gehen Sie folgendermaßen vor:

- Erstellen Sie eine Tabelle mit den Merkmalen „Körperform“, „Farbe“, „Kopffarbe“, „Fühler vorhanden“, „Kiefer sichtbar“, „Punkte auf Rücken“, „Punktfarbe“
- Erstellen Sie basierend hierauf eine Differenzmatrix
- Erstellen Sie den Baum

- **Aufgabe 10**
  - a) Wie viele markierte und wie viele strukturell unterschiedliche Binärbäume mit 4 Knoten gibt es?
  - b) Zeichnen Sie die strukturell unterschiedlichen Bäume aus Aufgabe a)!
  - c) Erläutern Sie die Formel für die Anzahl strukturell unterschiedlicher Binärbäume!