



## 6) Il problema dell'ordinamento

Il problema dell'ordinamento degli elementi di un insieme è un problema molto ricorrente in informatica poiché ha un'importanza fondamentale per le applicazioni: lo si ritrova molto frequentemente come sottoproblema nell'ambito dei problemi reali. In effetti si stima che una parte rilevante del tempo di calcolo complessivo consumato nel mondo sia relativa all'esecuzione di algoritmi di ordinamento.

Un algoritmo di ordinamento è un algoritmo capace di ordinare gli elementi di un insieme sulla base di una certa relazione d'ordine, definita sull'insieme stesso (maggiore/minore, precede/segue, ecc.).

Tutti gli algoritmi che vedremo hanno alcuni aspetti in comune. Si basano su due tipi fondamentali di operazioni: il confronto fra due elementi e lo scambio di due elementi. Questa ipotesi di lavoro è necessaria per non costruire soluzioni irrealistiche (ad esempio, definendo una operazione che in un sol passo ordina un numero di elementi non limitato da una costante). Inoltre, per semplicità di trattazione, si suppone che gli  $n$  elementi da ordinare siano numeri interi e siano contenuti in un vettore i cui indici vanno da 1 a  $n$ .

Tuttavia, nei problemi reali, i dati da ordinare sono ben più complessi: in generale essi sono strutturati in **record**, cioè in gruppi di informazioni non sempre omogenee relative allo stesso soggetto (ad esempio, l'archivio studenti ha moltissimi record, ciascuno contenente molte informazioni relative ad un singolo studente), e si vuole ordinarli rispetto ad una di tali informazioni (ad esempio il cognome, oppure il numero di matricola, ecc.).

### 6.1 Algoritmi semplici

Di algoritmi di ordinamento ne esistono diversi e di diversi tipi. In un'ottica di progetto di algoritmi efficienti, illustreremo dapprima algoritmi di ordinamento concettualmente semplici ma non molto efficienti, per renderci conto poi che volendo migliorare l'efficienza sarà necessario mettere in campo idee meno banali.

#### 6.1.1 Insertion sort

L'algoritmo **insertion sort (ordinamento per inserzione)** si può intuitivamente assimilare al modo in cui una persona ordina un mazzo di carte. Partendo da un mazzo vuoto inseriamo una carta alla volta, cercando il punto giusto dove inserirla. Alla fine il mazzo di carte risulta ordinato.

Nel caso dell'algoritmo insertion sort gli elementi da ordinare sono contenuti nel vettore quindi non si parte da un insieme vuoto ma si deve trovare la posizione giusta di ogni elemento (è come se si volessero ordinare le carte tenendole in mano, anziché appoggiandole e



prendendole poi una per una). Ciò si effettua “estraendo” l’elemento così da liberare la sua posizione corrente, spostando poi verso destra tutti gli elementi alla sua sinistra (già ordinati) che sono maggiori di esso ed, infine, inserendo l’elemento nella posizione che si è liberata. Alla fine del procedimento il vettore risulterà ordinato.

La formulazione dell’algoritmo è la seguente:

|   | Pseudocodice                              | Costo             | Numero di esecuzioni     |
|---|---|-------------------|--------------------------|
| 1 | for $j = 2$ to $n$ do                     | $c_1 = \Theta(1)$ | $n$                      |
| 2 | $x \leftarrow A[j]$                       | $c_2 = \Theta(1)$ | $n - 1$                  |
| 3 | $i \leftarrow j - 1$                      | $c_3 = \Theta(1)$ | $n - 1$                  |
| 4 | while $((i > 0) \text{ and } (A[i] > x))$ | $c_4 = \Theta(1)$ | $\sum_{j=2}^n t_j$       |
| 5 | $A[i+1] \leftarrow A[i]$                  | $c_5 = \Theta(1)$ | $\sum_{j=2}^n (t_j - 1)$ |
| 6 | $i \leftarrow i - 1$                      | $c_6 = \Theta(1)$ | $\sum_{j=2}^n (t_j - 1)$ |
| 7 | $A[i+1] \leftarrow x$                     | $c_7 = \Theta(1)$ | $n - 1$                  |

Nella terza colonna,  $t_j$  denota il numero di volte che il test del `while` viene eseguito per quel valore di  $j$ .

Valutiamo la complessità dell’algoritmo insertion sort.

### Caso migliore

Esso si verifica quando il numero di spostamenti da effettuare è minimo e cioè quando il vettore è già ordinato. In tal caso la condizione del `while` non è mai verificata e quindi  $t_j = 1$  per tutti i valori di  $j$ , quindi la complessità è:

$$T(n) = c_1n + c_2(n - 1) + c_3(n - 1) + c_4(n - 1) + c_7(n - 1) = \Theta(n)$$

### Caso peggiore

Esso si verifica quando il numero di spostamenti da effettuare è massimo e cioè quando il vettore in partenza è ordinato all’incontrario. In tal caso  $t_j = j$  per tutti i valori di  $j$ , quindi la complessità è:

$$T(n) = c_1n + c_2(n - 1) + c_3(n - 1) + c_4\sum_{j=2}^n j + c_5\sum_{j=2}^n (j - 1) + c_6\sum_{j=2}^n (j - 1) + c_7(n - 1) =$$



$$= \Theta(n) + \Theta(n^2) = \Theta(n^2)$$

Si noti che a causa della presenza dei vari fattori costanti e dei termini di ordine inferiore l'analisi potrebbe essere errata per piccoli valori di  $n$ , ma è accurata per  $n$  abbastanza grande il che, come già esposto, è quello che ci interessa veramente.

Inoltre, questo algoritmo ci permette di evidenziare un aspetto interessante: le complessità asintotiche nel caso migliore e nel caso peggiore non risultano uguali, e questo si indica dicendo che l'algoritmo è *input sensitive*.

In casi come questo, poiché vogliamo avere una stima di quanto tempo serve per eseguire l'algoritmo in questione, ci concentriamo sul caso peggiore, certi che l'algoritmo non potrà impiegare un tempo maggiore.

### 6.1.2 Selection sort

L'algoritmo **selection sort** (**ordinamento per selezione**) funziona nel seguente modo: cerca il minimo dell'intero vettore e lo mette in prima posizione (con uno scambio, fatto anche se inutile); quindi cerca il nuovo minimo nel vettore restante, cioè nelle posizioni dalla seconda all'ultima incluse, e lo mette in seconda posizione (con uno scambio), poi cerca il minimo nelle posizioni dalla terza all'ultima incluse e lo mette in terza posizione, e così via.

Rispetto all'insertion sort, la principale differenza è che, per sistemare definitivamente un singolo elemento, si fa un solo scambio. Quindi, se lo scambio è una operazione costosa, selection sort è meglio di insertion sort.

La formulazione dell'algoritmo è la seguente:

|   | Pseudocodice                | Costo             | Numero di esecuzioni           |
|---|-----------------------------|-------------------|--------------------------------|
| 1 | for $i = 0$ to $n - 2$ do   | $c_1 = \Theta(1)$ | $n$                            |
| 2 | $m \leftarrow i + 1$        | $c_2 = \Theta(1)$ | $n - 1$                        |
| 3 | for $j = i + 2$ to $n$ do   | $c_3 = \Theta(1)$ | $\sum_{i=0}^{n-2} (n - i)$     |
| 4 | if ( $A[j] < A[m]$ )        | $c_4 = \Theta(1)$ | $\sum_{i=0}^{n-2} (n - i - 1)$ |
| 5 | $m \leftarrow j$            | $c_5 = O(1)$      | $\sum_{i=0}^{n-2} (n - i - 1)$ |
| 6 | Scambia $A[m]$ e $A[i + 1]$ | $c_6 = \Theta(1)$ | $n - 1$                        |



La complessità di questo algoritmo non dipende in alcun modo dalla distribuzione iniziale dei dati nel vettore, cioè resta la stessa sia che il vettore sia inizialmente ordinato o no. Essa è:

$$\begin{aligned} T(n) &= c_1 n + (c_2 + c_6)(n - 1) + c_3 \sum_{i=0}^{n-2} (n - i) + (c_4 + c_5) \sum_{i=0}^{n-2} (n - i - 1) = \\ &= c_1 n + (c_2 + c_6)(n - 1) + c_3 (n - 1) + (c_3 + c_4 + c_5) \sum_{i=0}^{n-2} (n - i - 1) = \\ &= c_1 n + (c_2 + c_3 + c_6)(n - 1) + (c_3 + c_4 + c_5) \sum_{i=0}^{n-2} (n - i - 1) \end{aligned}$$

Ora, ponendo  $k = n - i - 1$  abbiamo  $\sum_{i=0}^{n-2} (n - i - 1) = \sum_{k=1}^{n-1} k = \frac{(n-1)n}{2} = \Theta(n^2)$  per cui

$$T(n) = c_1 n + (c_2 + c_3 + c_6)(n - 1) + (c_3 + c_4 + c_5)\Theta(n^2) = \Theta(n) + \Theta(n^2) = \Theta(n^2).$$

### 6.1.3 Bubble sort

L'algoritmo **bubble sort (ordinamento a bolle)** ha un funzionamento molto semplice: l'algoritmo ispeziona una dopo l'altra ogni coppia di elementi adiacenti e, se l'ordine dei due elementi non è quello giusto, essi vengono scambiati. L'algoritmo prosegue fino a che non vi sono più coppie di elementi adiacenti nell'ordine sbagliato.

La formulazione dell'algoritmo è la seguente:

|   | Pseudocodice              | Costo             | Numero di esecuzioni       |
|---|---------------------------|-------------------|----------------------------|
| 1 | for i = 1 to n do         | $c_1 = \Theta(1)$ | $n + 1$                    |
| 2 | for j = n downto i + 1 do | $c_2 = \Theta(1)$ | $\sum_{i=1}^n (n - i + 1)$ |
| 4 | if (A[j] < A[j - 1])      | $c_3 = \Theta(1)$ | $\sum_{i=1}^n (n - i)$     |
| 6 | Scambia A[j] e A[j - 1]   | $c_4 = O(1)$      | $\sum_{i=1}^n (n - i)$     |

In questo caso abbiamo:

$$\begin{aligned} T(n) &= c_1 (n + 1) + c_2 \sum_{i=1}^n (n - i + 1) + (c_3 + c_4) \sum_{i=1}^n (n - i) = \\ &= c_1 (n + 1) + c_2 n + (c_2 + c_3 + c_4) \sum_{i=1}^n (n - i) = \\ &= c_1 (n + 1) + c_2 n + (c_2 + c_3 + c_4) \sum_{k=0}^{n-1} k = \\ &= c_1 (n + 1) + c_2 n + (c_2 + c_3 + c_4) \frac{(n-1)n}{2} = \Theta(n) + \Theta(n^2) = \Theta(n^2). \end{aligned}$$



## 6.2 La complessità del problema dell'ordinamento

Abbiamo visto che i tre algoritmi di ordinamento precedenti hanno tutti una complessità asintotica che cresce come il quadrato del numero di elementi da ordinare.

Una domanda sorge spontanea: si può fare di meglio? E se sì, quanto meglio si può fare?

Una risposta alla prima domanda viene data non appena si riesce a progettare un algoritmo di ordinamento che esibisca una complessità asintotica inferiore a quella quadratica, ma rispondere alla seconda domanda è più difficile: chi ci assicura che non si possa fare meglio anche di questo ipotetico nuovo algoritmo?

In altre parole, come si fa a stabilire un limite di complessità **al di sotto del quale nessun algoritmo di ordinamento basato su confronti fra coppie di elementi possa andare?**

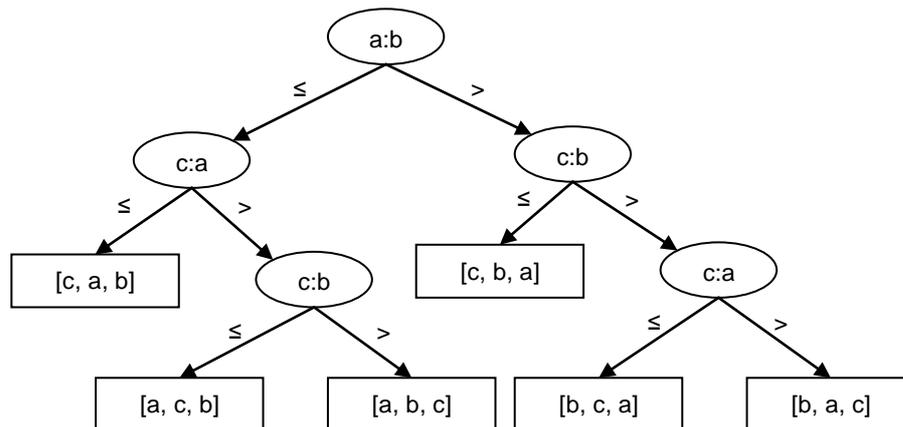
Esiste uno strumento adatto allo scopo, l'**albero di decisione**. Esso permette di rappresentare tutte le strade che la computazione di uno specifico algoritmo può intraprendere, sulla base dei possibili esiti dei test previsti dall'algoritmo stesso.

Nel caso degli algoritmi di ordinamento basati su confronti, ogni test effettuato ha due soli possibili esiti (ad es.: minore/uguale oppure no). Quindi l'albero di decisione relativo a un qualunque algoritmo di ordinamento basato su confronti ha queste proprietà:

- è un albero binario che rappresenta tutti i possibili confronti che vengono effettuati dall'algoritmo; ogni nodo interno (ossia un nodo che non è una foglia) ha esattamente due figli;
- ogni nodo interno rappresenta un singolo confronto, ed i due figli del nodo sono relativi ai due possibili esiti di tale confronto;
- ogni foglia rappresenta una possibile soluzione del problema, la quale è una specifica permutazione della sequenza in ingresso;
- gli altri aspetti dell'algoritmo (ad es. lo spostamento dei dati) vengono ignorati.



Ad esempio, l'albero di decisione relativo all'algoritmo di insertion sort applicato a un vettore di tre elementi [a, b, c] è il seguente (la notazione  $a:b$  rappresenta l'operazione di confronto fra  $a$  e  $b$ ):



Eeguire l'algoritmo corrisponde a scendere dalla radice dell'albero alla foglia che contiene la permutazione che costituisce la soluzione; la discesa è governata dagli esiti dei confronti che vengono via via effettuati. La lunghezza (ossia il numero degli archi) di tale cammino rappresenta il numero di confronti necessari per trovare la soluzione.

Dunque, la lunghezza del percorso più lungo dalla radice ad una foglia (**altezza** dell'albero binario) rappresenta il numero di confronti che l'algoritmo deve effettuare nel caso peggiore.

Questo significa che determinare una limitazione inferiore all'altezza dell'albero di decisione relativo a **qualunque** algoritmo di ordinamento basato su confronti equivale a trovare una limitazione inferiore al tempo di esecuzione nel caso peggiore di qualunque algoritmo di ordinamento basato su confronti.

Ora, dato che la sequenza di ingresso può avere una qualunque delle sue permutazioni come soluzione, l'albero di decisione deve contenere nelle foglie tutte le permutazioni della sequenza in ingresso, che sono  $n!$  per un problema di dimensione  $n$ . D'altra parte, un albero binario di altezza  $h$  non può contenere più di  $2^h$  foglie (per questo risultato, si consulti il capitolo sugli alberi). Quindi l'altezza  $h$  dell'albero di decisione di qualunque algoritmo di ordinamento basato su confronti deve essere tale per cui:

$$2^h \geq n! \text{ ossia } h \geq \log n!$$

Grazie all'approssimazione di Stirling abbiamo:

$$n! \approx \sqrt{2\pi n} \left(\frac{n}{e}\right)^n = \Theta(\sqrt{n} n^n)$$



e quindi:

$$\log n! = \Theta(\log \sqrt{n} n^n) = \Theta(\log n^{n+\frac{1}{2}}) = \Theta((n + \frac{1}{2}) \log n) = \Theta(n \log n)$$

Dunque  $h \geq \Theta(n \log n)$ , per cui si deduce il seguente

**Teorema:**

La complessità di qualunque algoritmo di ordinamento basato su confronti è  $\Omega(n \log n)$ .

## 6.3 Algoritmi efficienti

Studieremo nel seguito tre algoritmi di ordinamento molto più efficienti dei precedenti: essi infatti raggiungono il limite inferiore teorico. Per due degli algoritmi (mergesort ed heapsort) ciò avviene anche nel caso peggiore, per il terzo (quicksort) solo nel caso medio.

### 6.3.1 Mergesort

L'algoritmo **mergesort** (**ordinamento per fusione**) è un algoritmo ricorsivo che adotta una tecnica algoritmica detta **divide et impera**. Essa può essere descritta come segue:

- il problema complessivo si suddivide in sottoproblemi di dimensione inferiore (**divide**);
- i sottoproblemi si risolvono ricorsivamente (**impera**);
- le soluzioni dei sottoproblemi si compongono per ottenere la soluzione al problema complessivo (**combina**).

Intuitivamente il mergesort funziona in questo modo:

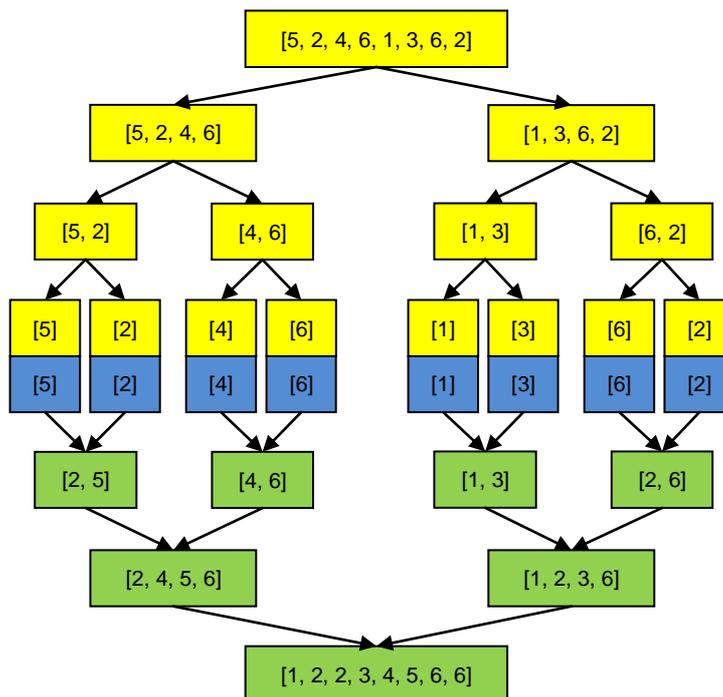
- **divide**: la sequenza di  $n$  elementi viene divisa in due sottosequenze di  $n/2$  elementi ciascuna;
- **impera**: le due sottosequenze di  $n/2$  elementi vengono ordinate ricorsivamente;
- **passo base**: la ricorsione termina quando la sottosequenza è costituita di un solo elemento, per cui è già ordinata;
- **combina**: le due sottosequenze – ormai ordinate – di  $n/2$  elementi ciascuna vengono “fuse” in un'unica sequenza ordinata di  $n$  elementi.



Lo pseudocodice dell'algoritmo mergesort è il seguente:

```
Funzione Merge_sort (A: vettore; indice_primo, indice_ultimo: intero)
  if (indice_primo < indice_ultimo)
    indice_medio ←  $\left\lfloor \frac{\text{indice\_primo} + \text{indice\_ultimo}}{2} \right\rfloor$ 
    Merge_sort (A, indice_primo, indice_medio)
    Merge_sort (A, indice_medio + 1, indice_ultimo)
    Fondi (A, indice_primo, indice_medio, indice_ultimo)
  return
```

Vediamone il funzionamento su un problema costituito di 8 elementi, dando per scontato (solo per il momento) il funzionamento della funzione `Fondi`:



Si osservi che le caselle gialle del disegno corrispondono alle operazioni di suddivisione del vettore in sottovettori, cosa che avviene solo tramite le varie chiamate ricorsive. Le caselle azzurre del disegno invece indicano i casi base e quelle verdi corrispondono alle chiamate della funzione `Fondi`, le quali restituiscono porzioni di vettore ordinate sempre più grandi.



Illustriamo ora il funzionamento della fase di fusione. Essa sfrutta il fatto che le due sottosequenze sono ordinate, cosa che rende facile sfruttare una proprietà molto importante:

- il minimo della sequenza complessiva non può che essere il più piccolo fra i minimi delle due sottosequenze (se essi sono uguali, scegliere l'uno o l'altro non fa differenza);
- dopo aver eliminato da una delle due sottosequenze tale minimo, la proprietà rimane: il prossimo minimo non può che essere il più piccolo fra i minimi delle due parti rimanenti delle due sottosequenze.

L'ordinamento delle due porzioni di vettore permette di scandire ciascun elemento delle sequenze una volta sola, garantendo come vedremo una complessità lineare. Lo pseudocodice è il seguente:

Funzione Fondi (A: vettore; indice\_primo, indice\_medio, indice\_ultimo: intero)

```
1   i ← indice_primo;
2   j ← indice_medio + 1;
3   k ← 1;
4   while ((i ≤ indice_medio) and (j ≤ indice_ultimo))
5       if (A[i] < A[j])
6           B[k] ← A[i]
7           i ← i + 1
8       else
9           B[k] ← A[j]
10          j ← j + 1
11          k ← k + 1
12  while (i ≤ indice_medio) //il primo sottovettore non è terminato
13      B[k] ← A[i]
14      i ← i + 1
15      k ← k + 1
16  while (j ≤ indice_ultimo) //il secondo sottovettore non è terminato
17      B[k] ← A[j]
18      j ← j + 1
19      k ← k + 1
```



```
20   ricopia B[1..k-1] su A[indice_primo..indice_ultimo]
21   return
```

Analizziamo la complessità dell'operazione di fusione e poi quella dell'algoritmo mergesort.

Nella fusione si effettuano:

- linee 1-3: un numero costante di operazioni preliminari (assegnazione dei valori a  $i$ ,  $j$ ,  $k$ ),  $\Theta(1)$ ;
- linee 4-11: un ciclo while, nel quale per ogni elemento di ciascuna delle due sottosequenze si compie un numero costante di operazioni. Si osservi che le istruzioni all'interno del ciclo while sono tutte operazioni costanti, perciò la complessità del while è individuata dal numero di iterazioni: poiché si scorre almeno un vettore di dimensione  $n/2$  (nel caso in cui uno dei due vettori contenga elementi tutti minori del primo elemento dell'altro vettore) ed al più due vettori di dimensioni  $n/2$  (ad esempio nel caso in cui gli elementi del primo e del secondo vettore si alternano nell'ordinamento), in ogni caso questo ciclo while verrà eseguito un numero di volte proporzionale ad  $n/2$ , cioè  $\Theta(n)$ .
- linee 12-15 o, in alternativa, linee 16-19: un altro ciclo while, nel quale si ricopia nel vettore B l'eventuale "coda" di una delle due sottosequenze,  $O(n)$ ;
- linea 20: la copia del vettore B nell'opportuna porzione del vettore A,  $\Theta(n)$ .

Dunque la complessità della fusione è  $\Theta(n)$ .

L'equazione di ricorrenza del mergesort è di conseguenza:

- $T(n) = 2T(n/2) + \Theta(n)$
- $T(1) = \Theta(1)$

Essa ricade nel caso 2 del teorema principale, quindi la soluzione è  $T(n) = \Theta(n \log n)$ .

Un'ultima osservazione a proposito del mergesort è che l'operazione di fusione non si può fare "in loco", cioè aggiornando direttamente il vettore A, senza incorrere in un aggravio della complessità. Infatti, in A bisognerebbe fare spazio via via al prossimo minimo, ma questo costringerebbe a spostare di una posizione tutta la sottosequenza rimanente per ogni nuovo minimo, il che costerebbe  $\Theta(n)$  operazioni elementari per ciascun elemento da inserire facendo lievitare quindi la complessità della fusione da  $\Theta(n)$  a  $\Theta(n^2)$ .



### 6.3.2 Quicksort

L'algoritmo **quicksort** (**ordinamento veloce**) è un algoritmo che ha una caratteristica molto interessante: nonostante abbia una complessità che nel caso peggiore è  $O(n^2)$ , nella pratica si rivela spesso la soluzione migliore per grandi valori di  $n$  perché:

- il suo tempo di esecuzione atteso è  $\Theta(n \log n)$ ;
- i fattori costanti nascosti sono molto piccoli;
- permette l'ordinamento "in loco".

Esso quindi riunisce i vantaggi del selection sort (ordinamento in loco) e del merge sort (ridotto tempo di esecuzione). Ha però lo svantaggio della elevata complessità nel caso peggiore.

Anche il quicksort sfrutta la tecnica algoritmica del divide et impera e può convenientemente essere espresso in forma ricorsiva:

- **divide**: nella sequenza di  $n$  elementi viene selezionato un elemento detto **pivot**. La sequenza viene quindi divisa in due sottosequenze: la prima delle due contiene elementi minori o uguali del pivot, la seconda contiene elementi maggiori o uguali del pivot;
- **passo base**: la ricorsione procede fino a quando le sottosequenze sono costituite da un solo elemento;
- **impera**: le due sottosequenze vengono ordinate ricorsivamente;
- **combina**: non occorre alcuna operazione poiché la sequenza {elementi minori/uguali del pivot, ordinati}{elementi maggiori/uguali del pivot, ordinati} è già ordinata;
- la ricorsione termina quando la sottosequenza è costituita di un solo elemento, per cui è già ordinata.

Lo pseudocodice dell'algoritmo quicksort è il seguente:

```
Funzione Quick_sort (A: vettore; indice_primo, indice_ultimo: intero)
    if (indice_primo < indice_ultimo)
        then
            indice_medio ← Partiziona (A, indice_primo, indice_ultimo)
            Quick_sort (A, indice_primo, indice_medio)
            Quick_sort (A, indice_medio + 1, indice_ultimo)
    return
```



Lo pseudocodice dell'operazione di partizionamento è il seguente:

```
Funzione Partiziona (A: vettore; indice_primo, indice_ultimo: intero)
1   indice_pivot ← indice_primo //scelta arbitraria
2   valore_pivot ← A[indice_pivot]
3   i ← indice_primo - 1;
4   j ← indice_ultimo + 1
5   while true
6       repeat
7           j ← j - 1
8       until A[j] ≤ valore_pivot
9       repeat
10          i ← i + 1
11      until A[i] ≥ valore_pivot
12      if (i < j)
13          scambia A[i] e A[j]
14      else
15          return j
```

Partiziona seleziona il valore dell'elemento più a sinistra e lo usa come pivot per partizionare la sequenza in due regioni: alla fine del procedimento la regione di sinistra conterrà solo elementi minori o uguali al pivot, quella di destra conterrà solo elementi maggiori o uguali al pivot.

All'interno del ciclo `while` l'indice `j` viene decrementato e l'indice `i` viene incrementato fino a che l'elemento puntato da `j` è minore o uguale del pivot e quello puntato da `i` è maggiore o uguale al pivot. In tal caso gli elementi vengono scambiati, le due regioni vengono estese e il procedimento si ripete all'interno del `while` terminando quando gli indici coincidono o l'uno oltrepassa l'altro. Il valore finale di `j` rappresenta l'estremo superiore della regione di sinistra, quella che contiene solo elementi minori o uguali al pivot.

Si noti che il valore finale di `j` è sempre compreso fra 1 ed  $(n - 1)$ . Il caso  $j = n - 1$  si verifica solo se il valore del pivot è maggiore di tutti gli altri elementi del vettore. In questa implementazione è importante che la posizione dell'elemento da usare come pivot sia `indice_primo` e non `indice_ultimo`. Infatti, se si usasse `indice_ultimo` e l'elemento in tale posizione fosse

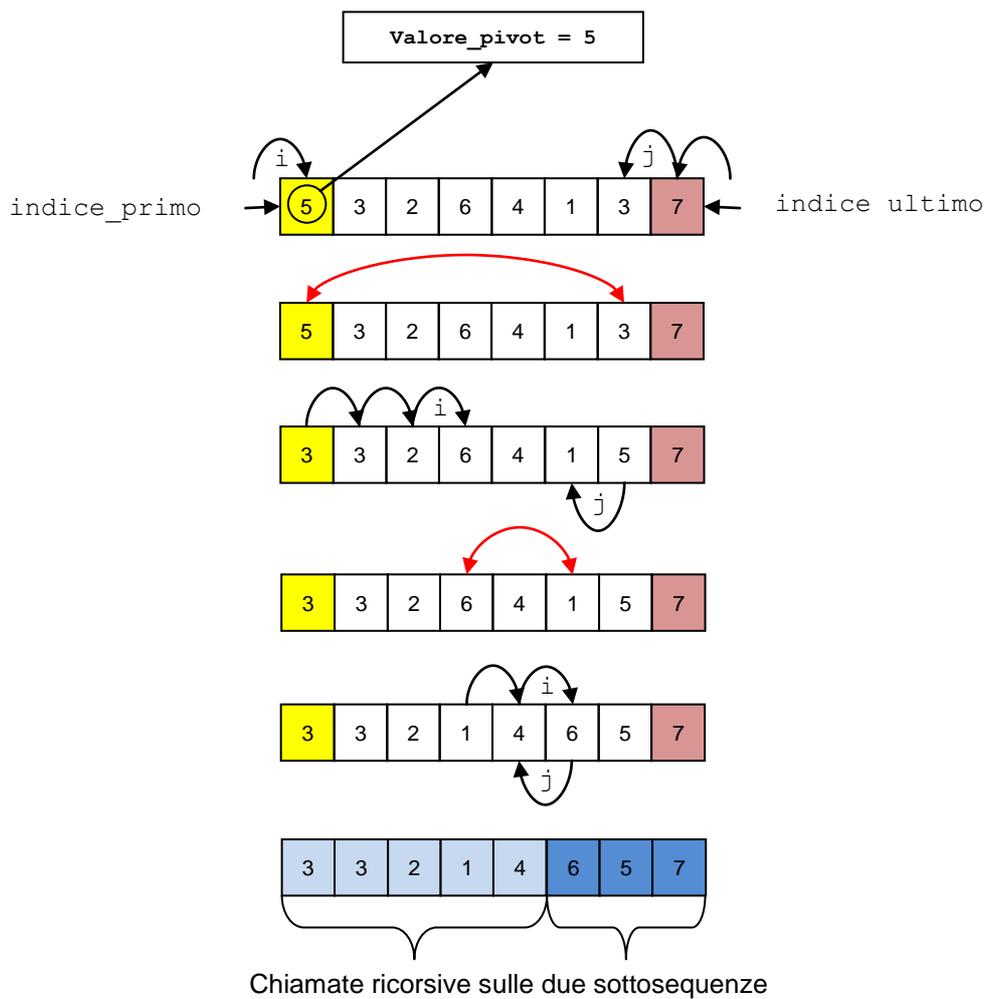


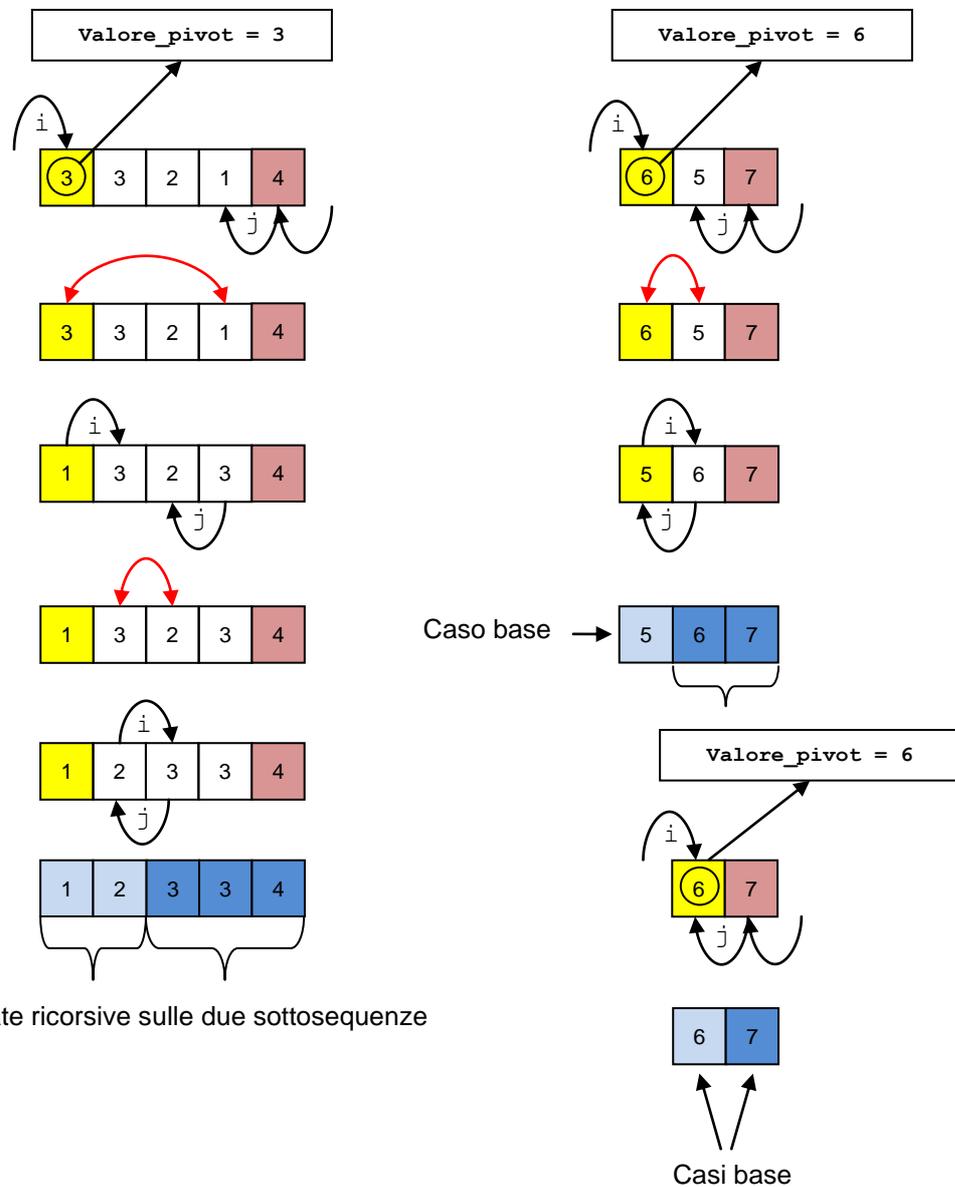
strettamente maggiore di tutti gli altri, `Partiziona` restituirebbe il valore  $j = n$  e la ricorsione non terminerebbe.

Un esempio di funzionamento del quicksort su una sequenza di 8 elementi è il seguente.

Nella figura:

- le caselle gialle sono quelle indirizzate da `indice_primo`;
- le caselle rosa sono quelle indirizzate da `indice_ultimo`;
- le caselle azzurro chiaro costituiscono il sottovettore oggetto della chiamata ricorsiva sugli elementi minori o uguali al pivot;
- le caselle azzurro scuro costituiscono il sottovettore oggetto della chiamata ricorsiva sugli elementi maggiori o uguali al pivot.





Analizziamo la complessità del quicksort. Nel partizionamento si effettuano:

- linee 1-3: un numero costante di operazioni preliminari,  $\Theta(1)$ ;
- linee 6-11: una scansione da destra a sinistra ed un'altra scansione da sinistra a destra della sequenza. Entrambe le scansioni si fermano quando i relativi indici si incrociano, quindi le due scansioni nel loro complesso compiono un numero di operazioni che è pari alla dimensione del vettore:  $\Theta(n)$ ;
- linee 12-15: un'operazione elementare finale,  $\Theta(1)$ .



Dunque la complessità del partizionamento è  $\Theta(n)$ .

Il partizionamento, a seconda del valore del pivot, suddivide la sequenza di  $n$  elementi in due sottosequenze di dimensioni  $k$  e  $(n - k)$  rispettivamente, con  $1 \leq k \leq n - 1$ . In particolare, una delle due sequenze è costituita di un solo elemento ogniqualvolta il valore del pivot è strettamente minore o strettamente maggiore di tutti gli altri elementi della sequenza.

L'equazione di ricorrenza del quicksort va dunque espressa come segue:

- $T(n) = T(k) + T(n - k) + \Theta(n)$ , dove  $1 \leq k \leq n - 1$
- $T(1) = \Theta(1)$

che non sappiamo come risolvere con alcuno dei metodi illustrati precedentemente. Possiamo però valutarla in casi specifici: nel caso peggiore, in quello migliore e in quello medio.

### Caso peggiore

Il caso peggiore è quello in cui, ad ogni passo, la dimensione di uno dei due sottoproblemi da risolvere è 1. In tale situazione l'equazione di ricorrenza è:

$$T(n) = T(n - 1) + \Theta(n)$$

Applicando il metodo iterativo otteniamo:

$$\begin{aligned} T(n) &= T(n - 1) + \Theta(n) = T(n - 2) + \Theta(n - 1) + \Theta(n) = \dots = \\ &= \sum_{i=0}^{n-1} \Theta(n - i) = \Theta\left(\sum_{i=0}^{n-1} (n - i)\right) = \Theta\left(\sum_{i=1}^n i\right) = \Theta(n^2). \end{aligned}$$

Possiamo risolvere la stessa equazione di ricorrenza applicando il metodo dell'albero: otteniamo un albero degenere di  $n$  livelli, in cui ogni nodo ha un solo figlio. Il costo dei nodi decresce linearmente da  $n$  (nella radice) ad 1 (nell'unica foglia).

Quindi la complessità è:

$$T(n) = \Theta\left(\sum_{i=1}^n i\right) = \Theta(n^2).$$



### Caso migliore

Il caso migliore è quello in cui, ad ogni passo, la dimensione dei due sottoproblemi è identica.

In tale situazione l'equazione di ricorrenza è:

$$T(n) = 2T\left(\frac{n}{2}\right) + \Theta(n)$$

che, come già visto per il mergesort, ha soluzione  $T(n) = \Theta(n \log n)$ .

### Caso medio

Valutiamo la complessità del caso medio, nell'ipotesi che il valore del pivot suddivida con uguale probabilità  $1/n$  la sequenza da ordinare in due sottosequenze di dimensioni  $k$  ed  $(n - k)$ , per tutti i valori di  $k$  compresi fra  $1$  ed  $(n - 1)$ . La piccola differenza di probabilità fra  $1/(n-1)$ , che sarebbe il valore corretto, ed  $1/n$ , che si adotta per semplificare i calcoli, è assorbita dal termine  $\Theta(n)$  dell'equazione di ricorrenza e dunque non influenza i risultati.

Sotto tale ipotesi la complessità diviene:

- $T(n) = \frac{1}{n} \left[ \sum_{k=1}^{n-1} (T(k) + T(n - k)) \right] + \Theta(n)$
- $T(1) = \Theta(1)$

Ora, per ogni valore di  $i$  e  $k = 1, 2, \dots, n - 1$  il termine  $T(k)$  compare due volte nella sommatoria, la prima quando  $k = i$  e la seconda quando  $k = n - i$ .

Valutiamo dunque la complessità di:

$$T(n) = \frac{2}{n} \sum_{q=1}^{n-1} T(q) + \Theta(n)$$

Utilizziamo il metodo della sostituzione, ipotizzando la soluzione:

$$T(n) \leq a n \log n + b$$

Sostituiamo la soluzione innanzi tutto nel caso base, ottenendo:

$$T(1) \leq a 1 \log 1 + b = b$$

che è vera per  $b$  opportunamente grande.

Sostituendo, invece, nell'equazione generica, possiamo scrivere:

$$\begin{aligned} T(n) &= \frac{2}{n} \sum_{q=1}^{n-1} T(q) + \Theta(n) \leq \frac{2}{n} \sum_{q=1}^{n-1} (a q \log q + b) + \Theta(n) = \\ (*) &= \frac{2a}{n} \sum_{q=1}^{n-1} q \log q + \frac{2b}{n} (n - 1) + \Theta(n) \end{aligned}$$



Ora, la sommatoria  $\sum_{q=1}^{n-1} q \log q$  può essere riscritta come:

$$\sum_{q=1}^{n-1} q \log q = \sum_{q=1}^{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor - 1} q \log q + \sum_{q=\lfloor \frac{n}{2} \rfloor}^{n-1} q \log q$$

Osserviamo che:

- nella prima delle due sommatorie a destra dell'uguale ogni termine  $\log q$  è minore o uguale di  $\log \frac{n}{2} = \log n - 1$ ;
- nella seconda ogni termine  $\log q$  è minore o uguale di  $\log n$ .

Dunque possiamo scrivere:

$$\begin{aligned} \sum_{q=1}^{n-1} q \log q &\leq \sum_{q=1}^{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor - 1} q (\log n - 1) + \sum_{q=\lfloor \frac{n}{2} \rfloor}^{n-1} q \log n = (\log n - 1) \sum_{q=1}^{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor - 1} q + \log n \sum_{q=\lfloor \frac{n}{2} \rfloor}^{n-1} q = \\ &= \log n \sum_{q=1}^{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor - 1} q - \sum_{q=1}^{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor - 1} q + \log n \sum_{q=\lfloor \frac{n}{2} \rfloor}^{n-1} q = \log n \sum_{q=1}^{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor - 1} q + \log n \sum_{q=\lfloor \frac{n}{2} \rfloor}^{n-1} q - \sum_{q=1}^{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor - 1} q = \\ &= \log n \sum_{q=1}^{n-1} q - \sum_{q=1}^{\lfloor \frac{n}{2} \rfloor - 1} q \leq \log n \sum_{q=1}^{n-1} q - \sum_{q=1}^{\frac{n}{2}-1} q = \\ &= \log n \frac{(n-1)n}{2} - \frac{1}{2} \left( \frac{n}{2} - 1 \right) \left( \frac{n}{2} \right) = \frac{1}{2} n^2 \log n - \frac{1}{8} n^2 - \frac{n}{2} \log n + \frac{1}{8} \leq \frac{1}{2} n^2 \log n - \frac{1}{8} n^2 \end{aligned}$$

Ritorniamo alla relazione (\*) per inserirvi l'espressione trovata:

$$\begin{aligned} T(n) &\leq \frac{2a}{n} \sum_{q=1}^{n-1} q \log q + \frac{2b}{n} (n-1) + \theta(n) \leq \frac{2a}{n} \left( \frac{1}{2} n^2 \log n - \frac{1}{8} n^2 \right) + \frac{2b}{n} (n-1) + \theta(n) = \\ &= an \log n - \frac{a}{4} n + 2b - \frac{2b}{n} + \theta(n) \leq an \log n - \frac{a}{4} n + 2b + \theta(n) = \\ &= an \log n + b + \left[ \theta(n) + b - \frac{a}{4} n \right] \end{aligned}$$

scegliendo  $a$  sufficientemente grande si ha  $\left[ \theta(n) + b - \frac{a}{4} n \right] \leq 0$  e quindi per tale  $a$  si avrà:

$$T(n) \leq an \log n + b + \left[ \theta(n) + b - \frac{a}{4} n \right] \leq an \log n + b$$

ossia:

$$T(n) = O(n \log n)$$

nel caso medio.

Si noti che adottando un approccio più "naïf" non riusciremmo a dimostrare la complessità. Riconsiderando la sommatoria  $\sum_{q=1}^{n-1} q \log q$ , potremmo basarci sul fatto che  $\log q \leq \log n$  per derivare quest'altra disuguaglianza, più semplice della precedente:



$$\sum_{q=1}^{n-1} q \log q \leq \log n \sum_{q=1}^{n-1} q = \log n \frac{(n-1)n}{2}$$

Sostituendo questa disuguaglianza nella relazione (\*) otteniamo:

$$\begin{aligned} T(n) &\leq \frac{2a}{n} \left( \log n \frac{n(n-1)}{2} \right) + \frac{2b}{n} (n-1) + \Theta(n) = \\ &= a(n-1) \log n + 2b - \frac{2b}{n} + \Theta(n) = \\ &= an \log n + b + [b + \Theta(n) - a \log n] \end{aligned}$$

Ma, qualunque sia il valore di  $a$ , per un  $n_0$  sufficientemente grande si avrà:

$$[b + \Theta(n) - a \log n] > 0$$

il che impedisce di dimostrare che  $T(n) \leq an \log n + b$ .

Un'ultima osservazione a proposito del caso medio. L'analisi fin qui sviluppata è valida nell'ipotesi che il valore del pivot sia equiprobabile e, quando questo è il caso, il quicksort è considerato l'algoritmo ideale per input di grandi dimensioni.

A volte però l'ipotesi di equiprobabilità del valore del pivot non è soddisfatta (ad esempio quando i valori in input sono "poco disordinati") e le prestazioni dell'algoritmo degradano.

Per ovviare a tale inconveniente si possono adottare delle tecniche volte a **randomizzare** la sequenza da ordinare, cioè volte a disgregarne l'eventuale regolarità interna. Tali tecniche mirano a rendere l'algoritmo indipendente dall'input, e quindi consentono di ricadere nel caso medio con la stessa probabilità che nel caso di ipotesi di equiprobabilità del pivot:

1. prima di avviare l'algoritmo, alla sequenza da ordinare viene applicata una permutazione degli elementi generata casualmente;
2. l'operazione di partizionamento sceglie casualmente come `valore_pivot` il valore di uno qualunque degli elementi della sequenza anziché sistematicamente il valore di quello più a sinistra.

### 6.3.3 Heapsort

L'algoritmo **heapsort** è un algoritmo di ordinamento piuttosto complesso che esibisce ottime caratteristiche: come mergesort ha una complessità  $O(n \log n)$  anche nel caso peggiore, e come selection sort ordina in loco.

Inoltre, questo algoritmo è l'occasione per iniziare a illustrare un concetto molto importante, quello di **struttura dati**. Essa è una opportuna organizzazione dei dati che garantisce una o più specifiche proprietà, il cui mantenimento è essenziale per il corretto funzionamento dell'algoritmo.



In questo caso la struttura dati utilizzata si chiama **heap** (o **heap binario**). Esso è un albero binario *completo* o *quasi completo*, ossia un albero binario in cui tutti i livelli sono pieni, tranne l'ultimo, i cui nodi sono addensati a sinistra, con la proprietà che la chiave su ogni nodo è maggiore o uguale alla chiave dei suoi figli (proprietà di ordinamento verticale).

Il modo più naturale per memorizzare questa struttura dati è utilizzare un vettore  $A$ , con indici che vanno da 1 fino al numero di nodi dell'heap,  $heap\_size$ , i cui elementi possono essere messi in corrispondenza con i nodi dell'heap:

- il vettore è riempito a partire da sinistra; se contiene più elementi del numero  $heap\_size$  di nodi dell'albero, allora i suoi elementi di indice  $> heap\_size$  non fanno parte dell'heap;
- ogni nodo dell'albero binario corrisponde a uno e un solo elemento del vettore  $A$ ;
- la radice dell'albero corrisponde ad  $A[1]$ ;
- il figlio sinistro del nodo che corrisponde all'elemento  $A[i]$ , se esiste, corrisponde all'elemento  $A[2i]$ :  $left(i) = 2i$ ;
- il figlio destro del nodo che corrisponde all'elemento  $A[i]$ , se esiste, corrisponde all'elemento  $A[2i + 1]$ :  $right(i) = 2i+1$ ;
- il padre del nodo che corrisponde all'elemento  $A[i]$  corrisponde all'elemento  $A[\lfloor \frac{i}{2} \rfloor]$ :  
 $parent(i) = \lfloor \frac{i}{2} \rfloor$ .

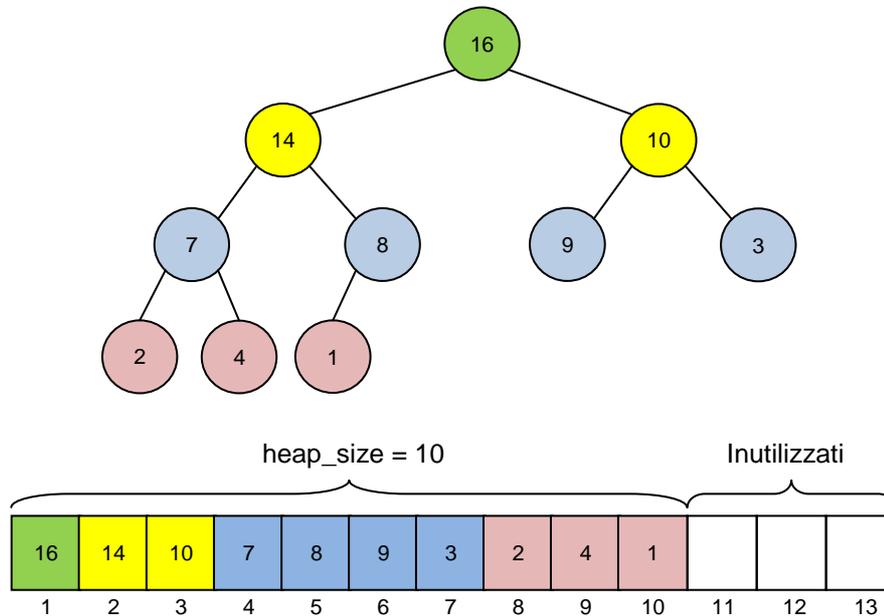
Con questa implementazione, la proprietà di ordinamento verticale implica che per tutti gli elementi tranne  $A[1]$  (poiché esso corrisponde alla radice dell'albero e quindi non ha genitore) vale:

$$A[i] \leq A[parent(i)].$$

Poiché lo heap ha tutti i livelli completamente pieni tranne al più l'ultimo, la sua altezza è  $\Theta(\log n)$ : questa proprietà, come vedremo, è fondamentale ai fini della complessità dell'heapsort.



La figura seguente illustra uno heap, visto sia come albero binario che come vettore:



Si noti che l'elemento massimo risiede nella radice, quindi può essere trovato in tempo  $O(1)$ .

L'algoritmo heapsort si basa su tre componenti distinte:

- **Heapify**: ripristina la proprietà di heap, posto che i due sottoalberi della radice siano ciascuno uno heap; richiede un tempo  $O(\log n)$ ;
- **Build\_heap**: trasforma un vettore disordinato in uno heap, sfruttando Heapify; richiede un tempo  $O(n)$ ;
- **Heapsort**: l'algoritmo di ordinamento vero e proprio; ordina in loco un vettore disordinato, sfruttando Build\_heap ; richiede un tempo  $O(n \log n)$ .

### Heapify

Questa funzione ha lo scopo di mantenere la proprietà di heap, sotto l'ipotesi che nell'albero su cui viene fatta lavorare sia garantita la proprietà di heap per entrambi i sottoalberi (sinistro e destro) della radice. Di conseguenza l'unico nodo che può violare la proprietà di heap è la radice dell'albero, che può essere minore di uno o di entrambi i figli.

In tal caso, la funzione scambia la radice col maggiore dei suoi due figli. Questo scambio può rendere non più soddisfatta la proprietà di heap nel sottoalbero coinvolto nello scambio (ma non nell'altro), per cui è necessario riapplicare ricorsivamente la funzione a tale sottoalbero. In sostanza, la funzione muove il valore della radice lungo un opportuno cammino verso il basso finché tutti i sottoalberi le cui radici si trovano lungo quel cammino risultano avere la proprietà di heap. Lo pseudocodice di Heapify, che lavora su vettore, è il seguente.

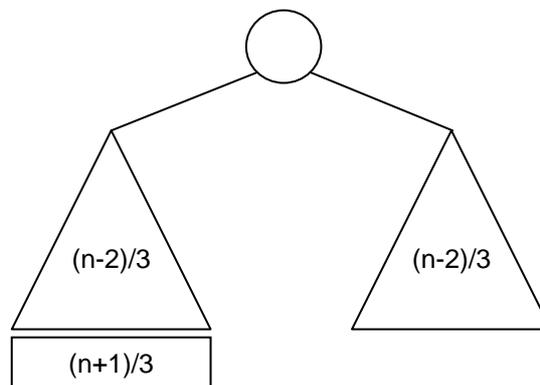


```
Funzione Heapify (A: vettore; i: intero)

  L ← left(i)
  R ← right(i)
  if ((L ≤ heap_size) and (A[L] > A[i]))
    indice_massimo ← L
  else
    indice_massimo ← i
  if ((R ≤ heap_size) and (A[R] > A[indice_massimo]))
    indice_massimo ← R
  if (indice_massimo ≠ i)
    scambia A[i] e A[indice_massimo]
    Heapify (A, indice_massimo)
  return
```

La complessità di Heapify è  $\Theta(1)$  per la sistemazione della radice dell'albero, più il costo della sistemazione (ricorsiva) di uno dei suoi due sottoalberi.

Ora, è facile convincersi che i sottoalberi della radice non possono avere più di  $2n/3$  nodi, situazione che accade quando l'ultimo livello è pieno esattamente a metà:



Dunque, nel caso peggiore, l'equazione di ricorrenza risulta essere (all'incirca):

$$T(n) = T(2n/3) + \Theta(1)$$

che ricade nel caso 2 del teorema principale ed ha soluzione:

$$T(n) = O(\log n).$$

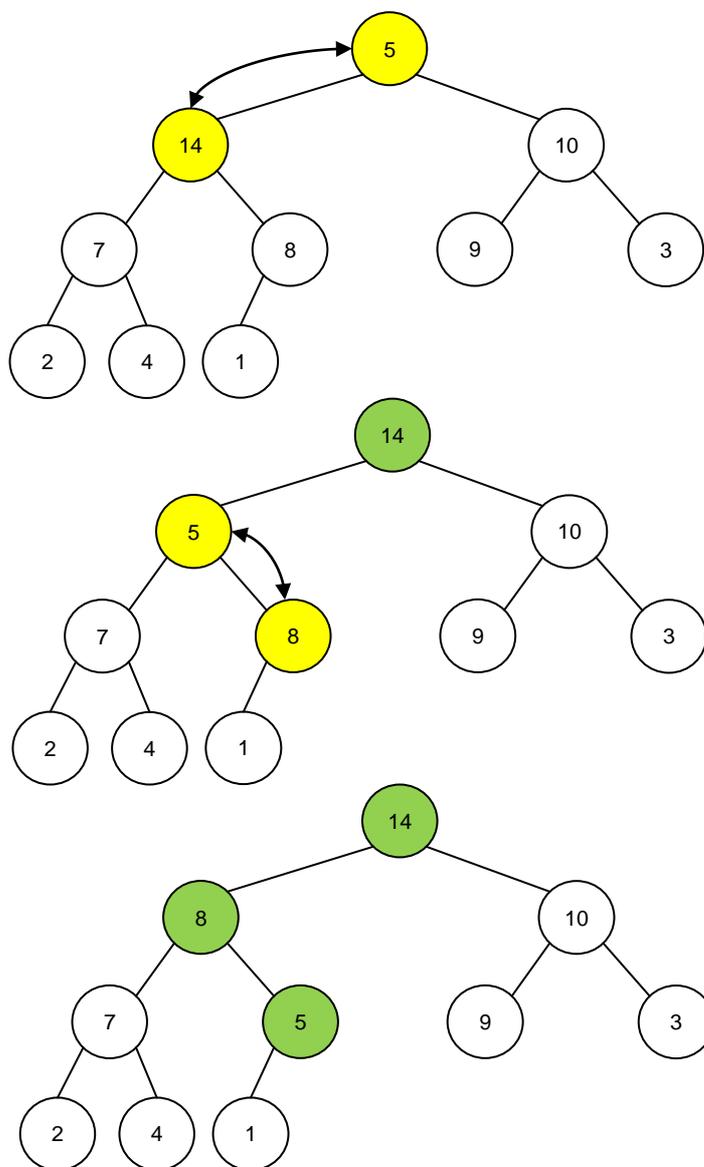
In alternativa, si può considerare che Heapify effettua un lavoro  $\Theta(1)$  su ogni nodo lungo un cammino la cui lunghezza è limitata da  $O(\log n)$ , per cui l'equazione di ricorrenza diviene:



$$T(h) = T(h-1) + \Theta(1)$$

da cui si riottiene lo stesso risultato.

La figura seguente illustra un esempio del funzionamento di Heapify. In giallo sono rappresentati i nodi coinvolti nel mantenimento della proprietà dello heap, mentre in verde i nodi che sono stati sistemati definitivamente dalla funzione.



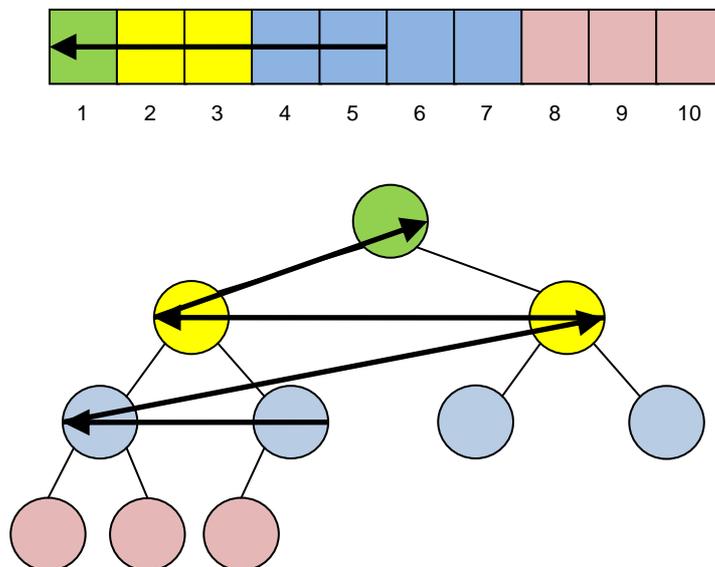


## Build\_heap

Possiamo usare Heapify per trasformare qualunque vettore contenente  $n$  elementi in uno heap.

Poiché tutti gli elementi del vettore dalla posizione di indice  $\lfloor \frac{n}{2} \rfloor + 1$  in poi sono le foglie dell'albero, e quindi ciascuno di essi è uno heap di 1 solo nodo, su di essi non vi è alcuna operazione da fare.

Build\_heap lavora quindi solo sugli altri elementi dell'albero, operando su di essi in un ordine tale (da destra verso sinistra e dal basso verso l'alto, cioè bottom-up) da garantire che i sottoalberi di ogni nodo  $i$  siano heap prima che si lavori sul nodo stesso. In termini di corrispondente lavoro sul vettore, Build\_heap lavora con un approccio da destra verso sinistra.



Lo pseudocodice di Build\_heap è il seguente:

Funzione Build\_heap (A: vettore)

```
for i =  $\lfloor \frac{n}{2} \rfloor$  downto 1
```

```
    Heapify (A, i)
```

```
return
```



Il tempo richiesto da Heapify applicata ad un nodo che è radice di un albero di altezza  $h$  (**nodo di altezza  $h$** ) è  $O(h)$  per quanto già detto; inoltre, il numero di nodi che sono radice di un sottoalbero di altezza  $h$  è al massimo  $\lfloor \frac{n}{2^{h+1}} \rfloor$ , e quindi la complessità totale di Build\_heap è:

$$\sum_{h=0}^{\lfloor \log n \rfloor} \lfloor \frac{n}{2^{h+1}} \rfloor O(h) = O\left(\frac{n}{2} \sum_{h=0}^{\lfloor \log n \rfloor} \frac{h}{2^h}\right)$$

Ora, ricordando che se  $|x| < 1$  allora  $\sum_{h=0}^{\infty} hx^h = \frac{x}{(1-x)^2}$  e ponendo in tale formula  $x = \frac{1}{2}$ , otteniamo

$$\sum_{h=0}^{\infty} \frac{h}{2^h} = \sum_{h=0}^{\infty} h \left(\frac{1}{2}\right)^h = \frac{\frac{1}{2}}{\left(1 - \frac{1}{2}\right)^2} = 2$$

e dunque possiamo scrivere

$$T(n) = O\left(\frac{n}{2} \sum_{h=0}^{\lfloor \log n \rfloor} \frac{h}{2^h}\right) < O\left(\frac{n}{2} \sum_{h=0}^{\infty} \frac{h}{2^h}\right) = O\left(\frac{n}{2} \cdot 2\right) = O(n)$$

Concludiamo con l'osservare che un'analisi meno accurata, ma comunque corretta, della complessità di questo algoritmo può essere condotta come segue: il ciclo viene eseguito  $n/2$  volte, e al suo interno vi è unicamente la chiamata ricorsiva a Heapify che, nel caso peggiore, richiede tempo  $O(h) = O(\log n)$ . Ne segue che Build\_heap ha complessità nel caso peggiore di  $O(n \log n)$ . Ovviamente, questo calcolo non conduce ad un valore stretto, ma sarebbe comunque sufficiente per garantire complessità  $O(n \log n)$  all'algoritmo di heap sort, come vedremo nel seguito.

## Heapsort

L'algoritmo Heapsort inizia trasformando un array di dimensione  $n$  in un heap (di  $n$  nodi), mediante Build\_heap.

Fatto questo, il massimo del vettore è in  $A[1]$  e, per metterlo nella corretta posizione, basta scambiarlo con  $A[n]$ .

Dopo lo scambio, la dimensione dell'heap viene ridotta da  $n$  ad  $(n - 1)$ , e si può osservare che:

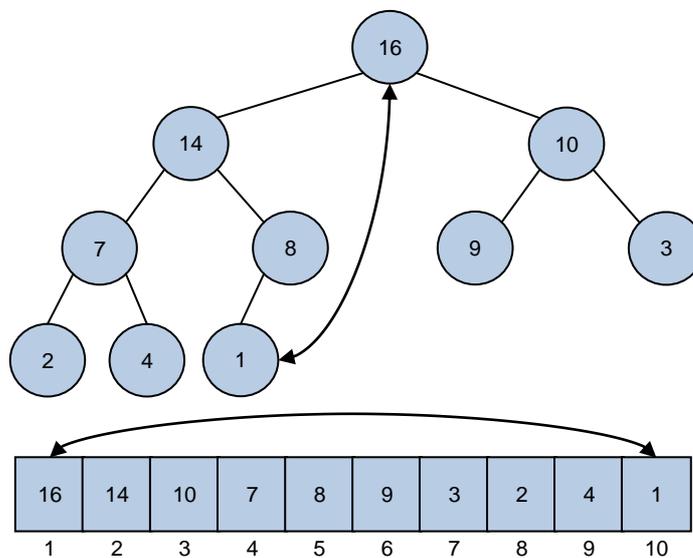
- i due sottoalberi della radice sono ancora degli heap: infatti hanno mantenuto la proprietà dell'ordinamento, sono entrambi alberi binari completi o quasi completi ed è stata tolta la foglia più a destra;
- solo la nuova radice (ex foglia più a destra) può violare la proprietà del nuovo heap di dimensione  $(n - 1)$ .



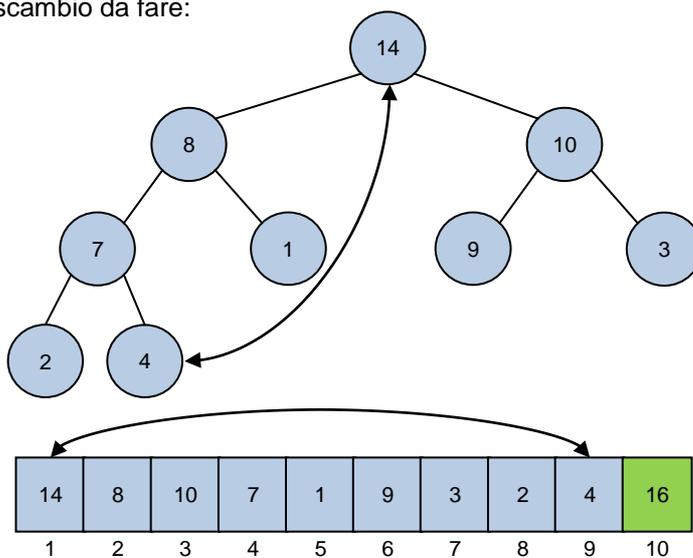
E' quindi sufficiente:

- ripristinare la proprietà di heap sui residui  $(n - 1)$  elementi con Heapify;
- scambiare il nuovo massimo  $A[1]$  col penultimo elemento;
- riapplicare il procedimento riducendo via via la dimensione dell'heap a  $(n - 2)$ ,  $(n - 3)$ , ecc., fino ad arrivare a 2.

Lo scambio da fare per primo:



Fatto lo scambio e dopo l'applicazione di Heapify sull'heap con  $n-1$  elementi, prossimo scambio da fare:





Lo pseudocodice di Heapsort è il seguente:

```
Funzione Heapsort (A: vettore)
    Build_heap(A)
    for i = n downto 2
*       scambia A[1] e A[i] //vedere commento sottostante
        heap_size ← heap_size - 1
        Heapify(A, 1)
    return
```

Commento: nell'istruzione contrassegnata dall'asterisco  $i$  coincide con `heap_size`, quindi scambiamo la radice con l'ultima foglia dell'heap corrente.

La complessità di Heapsort è  $O(n \log n)$ , poiché `Build_heap` ha complessità  $O(n)$  e ciascuna delle  $(n - 1)$  chiamate di `Heapify` ha complessità  $O(\log n)$ . Quindi:

$$O(n) + O((n - 1)\log n) = O(n \log n).$$

### 6.3.4 Ordinamento in tempo lineare: counting sort

E' possibile ordinare  $n$  elementi in un tempo inferiore a  $\Omega(n \log n)$ ?

Il teorema che stabilisce una limitazione inferiore alla complessità degli algoritmi di ordinamento sembrerebbe dire di no; in realtà la risposta è sì, purchè l'algoritmo di ordinamento non sia basato sui confronti fra elementi poiché, in tal caso, come abbiamo visto nessun algoritmo può scendere sotto tale limite.

E' possibile risolvere il problema dell'ordinamento mediante soluzioni che non siano basate sul confronto di elementi, e quindi non soggette alla limitazione inferiore sopra citata.

Un esempio è il **counting sort (algoritmo basato sul conteggio)**. Esso opera sotto l'assunzione che ciascuno degli  $n$  elementi da ordinare sia un intero di valore compreso in un intervallo  $[1..k]$  ed ha una complessità di  $\Theta(n+k)$ . Se  $k = O(n)$  allora l'algoritmo ordina  $n$  elementi in tempo lineare, cioè  $\Theta(n)$ .

L'idea è quella di fare in modo che il valore di ogni elemento della sequenza determini direttamente la sua posizione nella sequenza ordinata.

Questo semplice schema (banale se gli elementi costituiscono una permutazione di  $1..n$ ) deve essere leggermente complicato per gestire l'eventualità che nella sequenza da ordinare vi siano più elementi con lo stesso valore o manchi un qualche valore.

Oltre al vettore  $A$  che contiene gli  $n$  elementi da ordinare, usiamo un vettore  $C$  di appoggio, contenente  $k$  celle.



```
Funzione Counting_sort (A: vettore; k, n: intero)
    for i = 1 to k
        C[i] ← 0
    for j = 1 to n
        C[A[j]] ← C[A[j]] + 1
    //C[i] ora contiene il numero di elementi uguali a i
    j = 1
    for i = 1 to k
        while (C[i] > 0)
            A[j] ← i
            j ← j + 1
            C[i] ← C[i] - 1
    return
```

Il primo ciclo inizializza a 0 gli elementi del vettore  $C$ .

Il secondo ciclo conta, per ciascun indice di  $C$ , il numero di elementi di  $A$  aventi tale valore.

Il terzo ciclo scandisce il vettore  $C$  e, al suo interno, per ogni valore di  $i$ , un ciclo `while` scrive  $C[i]$  copie di  $i$  sul vettore  $A$ . Il numero complessivo di iterazioni del ciclo `while` è pari alla somma dei valori contenuti in  $C$ , che è esattamente  $n$ , quindi la complessità è:

$$\Theta(k) + \Theta(n) + \Theta(k+n) = \Theta(\max(k,n)) = \Theta(n) \text{ se } k = O(n).$$

Segue un piccolo esempio del funzionamento dell'algoritmo di Counting Sort. Sia dato il vettore

$$A = [2, 5, 1, 2, 3, 3, 5, 1, 3, 1]$$

In questo caso  $n = 10$  e  $k = 5$ .

Dopo l'esecuzione del ciclo `for j = 1 to n`, il vettore  $C$  contiene i seguenti valori:

$$C = [3, 2, 3, 0, 2]$$

ed, ovviamente, risulta che la somma dei valori contenuti in  $C$  è proprio pari ad  $n$ .

A questo punto, è facile ricostruire il vettore  $A$  ordinato, scrivendo dapprima 3 occorrenze del valore 1, poi 2 occorrenze del valore 2, e così via, fino alla fine del vettore  $C$ :

$$A = [1, 1, 1, 2, 2, 3, 3, 3, 5, 5]$$



Si noti che la soluzione sopra illustrata è adeguata solamente se non vi sono “dati satellite”, ossia ulteriori dati collegati a ciascuno elemento da ordinare. In tal caso si deve ricorrere ad una soluzione un po' più complicata, nella quale, oltre al vettore  $A$  che contiene gli  $n$  elementi da ordinare, sono necessarie due strutture d'appoggio:

- un vettore ausiliario  $B$  di  $n$  elementi, che alla fine contiene la sequenza ordinata;
- un vettore  $C$  di appoggio, contenente  $k$  elementi, per effettuare i conteggi.

```
Funzione Counting_sort (A, B: vettore; k, n: intero)
    for i = 1 to k
        C[i] ← 0
    for j = 1 to n
        C[A[j]] ← C[A[j]] + 1
    //C[i] ora contiene il numero di elementi uguali a i
    for i = 2 to k
        C[i] ← C[i] + C[i-1]
    //C[i] ora contiene il numero di elementi minori o uguali a i
    for j = n downto 1
        B[C[A[j]]] ← A[j]
        C[A[j]] ← C[A[j]] - 1
    return
```

Il ciclo finale colloca ogni elemento  $A[j]$  del vettore originale nella giusta posizione del vettore  $B$ , in funzione di quanti elementi minori o uguali dell'elemento stesso sono stati conteggiati in  $C$ . Dopo aver collocato l'elemento, si decrementa il contatore degli elementi minori o uguali ad esso, in quanto l'elemento appena piazzato deve ovviamente essere levato dal conteggio.

Si noti che questo algoritmo ha una proprietà che in determinati contesti può essere importante, la **stabilità**: gli elementi di uguale valore sono piazzati in  $B$  nello stesso ordine relativo in cui appaiono in  $A$ .

L'algoritmo consiste di una successione di quattro cicli, due di  $k$  iterazioni e due di  $n$  iterazioni. Dunque la complessità è:

$$2*\Theta(k) + 2*\Theta(n) = \Theta(\max(k,n)) = \Theta(n) \text{ se } k = O(n).$$