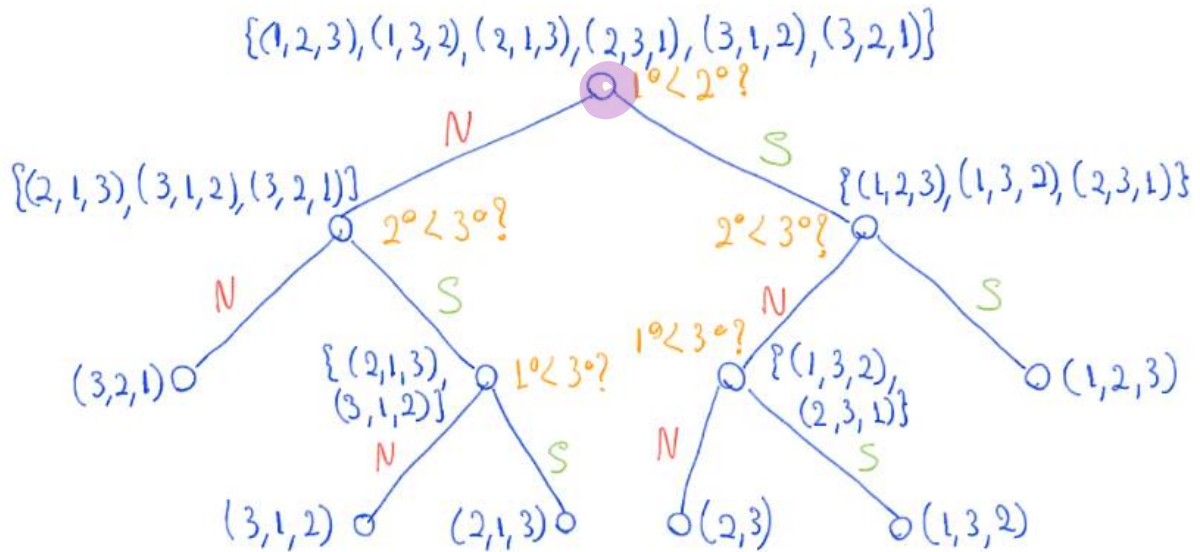


O número de seqüências que um algoritmo consegue distinguir após k comparações

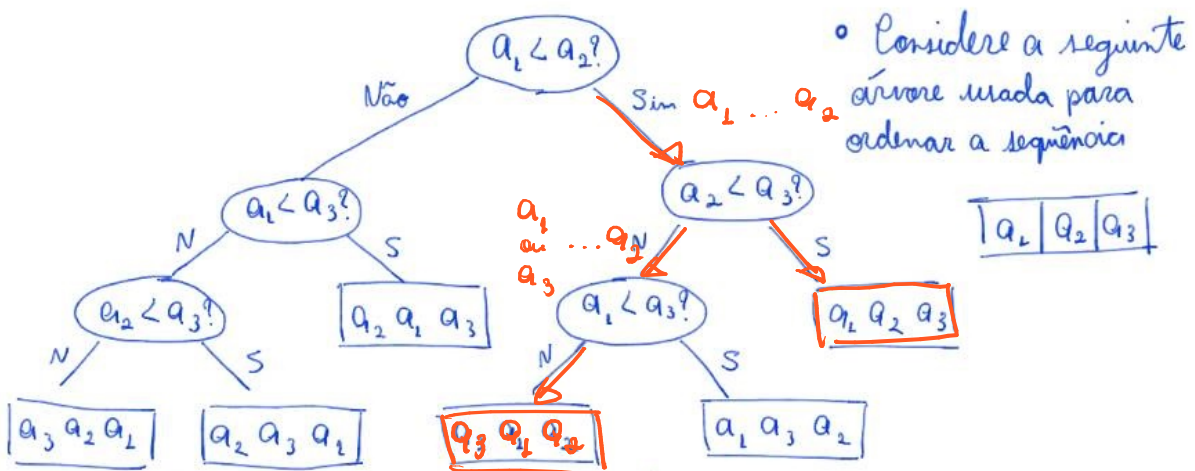
- é importante pois, se o algoritmo obtiver as mesmas respostas
 - ao comparar duas seqüências distintas,
- ele executará da mesma forma para ambas,
 - devolvendo uma resposta errada em pelo menos um dos casos.



- Note que, no início todas as seqüências são iguais para o algoritmo,
 - e que cada comparação entre um par de elementos
 - pode resultar em duas possibilidades,
 - o primeiro é maior que o segundo,
 - ou o segundo é maior que o primeiro.
- Podemos pensar que, na melhor das hipóteses,
 - cada comparação divide o espaço de busca em duas metades ou,
 - de modo complementar, dobra o número de seqüências identificadas.
- Assim, no melhor caso, após k comparações,
 - conseguimos identificar no máximo 2^k seqüências diferentes.

Para facilitar a visualização, podemos representar as possíveis comparações

- de um algoritmo usando uma árvore binária de decisão,
 - na qual cada nó interno corresponde a uma comparação
 - e cada folha corresponde a uma seqüência.



A altura desta árvore, ou seja,

- o comprimento do caminho mais longo da raiz até uma folha,
 - corresponde a um limitante inferior
 - para a complexidade de tempo de pior caso do algoritmo.

Pelo princípio da casa dos pombos temos que

- se tivermos $n + 1$ pombos para serem colocados em n casas,
 - então pelo menos uma casa deverá conter dois ou mais pombos.

No nosso problema,

- os pombos são as $n!$ permutações de uma sequência de tamanho n ,
- e as casas dos pombos são as 2^k sequências
 - que um algoritmo consegue identificar depois de k comparações.
- Se houverem mais pombos do que casas, i.e., $n! > 2^k$
 - então o algoritmo não conseguirá distinguir
 - entre duas sequências diferentes.
- Portanto, ele não ordenará corretamente ao menos uma delas.
- Assim, para que o algoritmo tenha chance de ordenar corretamente
 - é necessário que $2^k \geq n!$

Para resolver a inequação vamos simplificar $n!$,

- substituindo-o por um limitante inferior.

$$\begin{aligned} n! &= \overbrace{n(n-1)(n-2) \dots (\frac{n}{2}+1)}^{n/2 \text{ termos}} \overbrace{(\frac{n}{2})(\frac{n}{2}-1) \dots 3 \cdot 2 \cdot 1}^{n/2 \text{ termos}} \\ &\geq \left[\frac{n}{2} \cdot \frac{n}{2} \cdot \frac{n}{2} \dots \frac{n}{2} \right] \cdot 1 \cdot 1 \cdot \dots \cdot 1 \cdot 1 \cdot 1 \\ &= \left(\frac{n}{2} \right)^{n/2} \end{aligned}$$

Assim, $2^k \geq n! \geq \left(\frac{n}{2} \right)^{n/2}$

Aplicando \lg dos dois lados temos $\lg(2^k) \geq \lg\left(\left(\frac{n}{2}\right)^{n/2}\right) \Rightarrow k \geq \frac{n}{2} \cdot \lg\left(\frac{n}{2}\right)$

- sendo que $\Omega(f(n))$ significa pelo menos da ordem de

$$\leftarrow f(n) \quad k = \Omega(n \lg n)$$

Assim, concluímos que

- qualquer algoritmo de ordenação baseado em comparações
 - precisa realizar pelo menos da ordem de $n \log n$ comparações
 - para ordenar uma sequência com n elementos.

Agora que encaramos essa barreira, como podemos transpô-la?

- Será que conseguimos ordenar sem fazer comparações?

bucketSort

$$\Omega(n \log n)$$

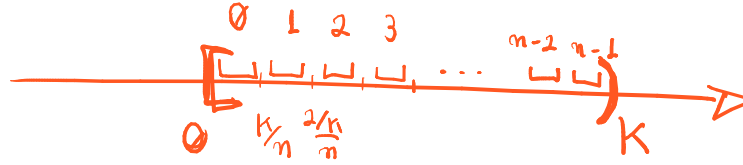
É um método eficiente para ordenar um conjunto com n números

- distribuídos uniformemente num intervalo de tamanho k .

Ideia:

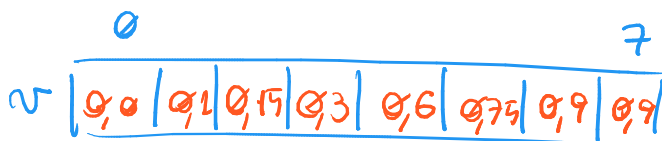
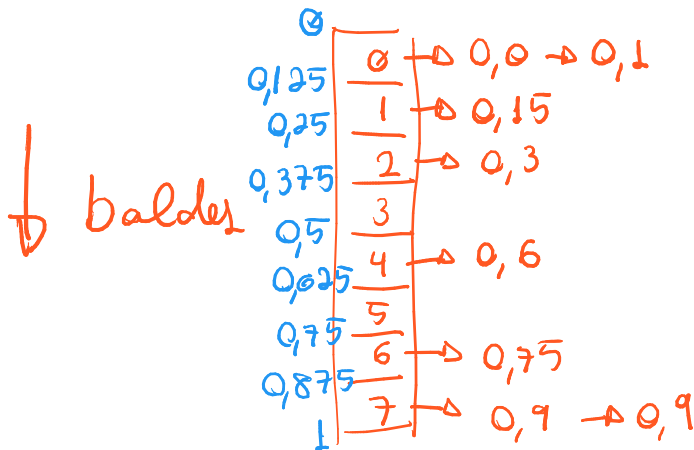
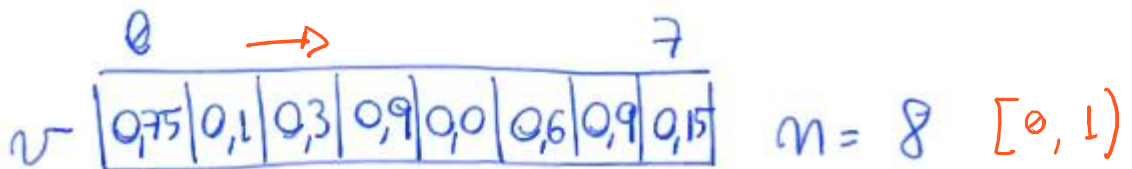
- Primeiro, dividimos o intervalo de tamanho k em n baldes (buckets),
 - associando a cada balde uma fração do intervalo, de tamanho

$$\frac{k}{n}$$



- Então, colocamos cada número em seu respectivo balde.
- Em seguida, ordenamos os elementos de cada balde.
- Por fim, percorremos os baldes em ordem
 - e os elementos de cada balde, também em ordem,
 - copiando eles de volta para o vetor original.

Exemplo:



Vamos ver como calcular o índice do balde em que deve entrar cada elemento:

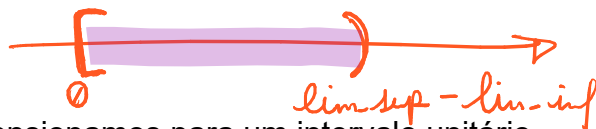
- Considere um elemento $v[i]$ qualquer com valor no intervalo $[\text{lim_inf}, \text{lim_sup})$.

$$v[i] \in [\text{lim_inf}, \text{lim_sup})$$



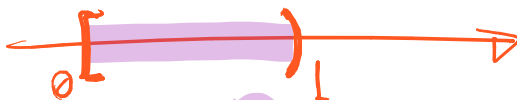
- Primeiro trasladamos o intervalo, para que ele comece em 0.

$$(v[i] - \text{lim_inf}) \in [0, \text{lim_sup} - \text{lim_inf})$$



- Então, redimensionamos para um intervalo unitário.

$$\frac{(v[i] - \text{lim_inf})}{(\text{lim_sup} - \text{lim_inf})} \in [0, 1)$$



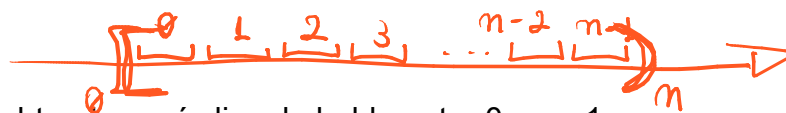
- Agora, reescalamos pelo fator n , que é o número total de elementos.

$$\frac{(v[i] - \text{lim_inf})}{(\text{lim_sup} - \text{lim_inf}) * n} \in [0, \frac{1}{n})$$



- Por fim, truncamos para o inteiro menor mais próximo,

$$\text{int} \left(\frac{(v[i] - \text{lim_inf})}{(\text{lim_sup} - \text{lim_inf}) * n} \right) \in [0, n-1]$$



- obtendo um índice de balde entre 0 e $n - 1$.

Códigos:

```
#define lim_inf 0
```

```
#define lim_sup 1
```



```
typedef struct celula {  
    double chave;  
    struct celula *prox;  
} Celula;
```

```
void bucketSort(double v[], int n) {
```

```
    int i, j;
```

```
    Celula *p, *nova, *morta;
```

```
    (Celula **)baldes = (Celula **)malloc(n * sizeof(Celula *)); ✓
```

```
    // inicializando cada balde com uma lista com nó cabeça
```

```
    for (j = 0; j < n; j++) {
```

```
        baldes[j] = (Celula *)malloc(sizeof(Celula));
```

```
        baldes[j]->prox = NULL;
```

```
    }
```

```
    // coloca cada elemento no balde correspondente
```

```
    for (i = 0; i < n; i++) {
```

```
        ↪ // j = (int)(v[i] * n);
```

```
        ↪ j = (int)((double)(v[i] - lim_inf) / (lim_sup - lim_inf) * n); }
```

```
        p = baldes[j];
```

```
        // já insere o elemento na ordem correta dentro do balde
```

```
        while (p->prox != NULL && p->prox->chave <= v[i])
```

```
            p = p->prox;
```

```
        ↪ nova = (Celula *)malloc(sizeof(Celula));
```

```
        ↪ nova->chave = v[i];
```

```
        ↪ nova->prox = p->prox;
```

```
        ↪ p->prox = nova;
```

```
    }
```

```
    // põe os elementos dos baldes de volta no vetor
```

```
    i = 0;
```

```
    ↪ for (j = 0; j < n; j++) {
```

```
        (p) = baldes[j]->prox;
```

```
        while (p != NULL) {
```

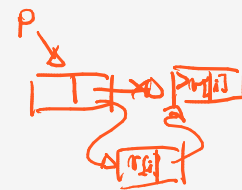
```
            v[i] = p->chave;
```

```
            i++;
```

```
            p = p->prox;
```

```
        }
```

```
    }
```



```

// Libera os baldes
for (j = 0; j < n; j++) {
    p = baldes[j];
    while (p != NULL) {
        morta = p;
        p = p->prox;
        free(morta);
    }
}
free(baldes);
}

```

Eficiência de tempo esperado é $O(n)$,

- desde que as chaves sejam uniformemente distribuídas no intervalo.
- Para verificar isso, note que copiar os números
 - do vetor de entrada para os baldes leva tempo $O(n)$.
- De modo semelhante, copiá-los dos baldes de volta ao vetor leva tempo $O(n)$.
- Além dessas operações, temos que ordenar os n baldes,
 - o que leva tempo esperado constante, i.e., $O(1)$.
- Isso porque, cada balde deve ter um número pequeno de elementos,
 - uma vez que estes vieram de uma distribuição uniforme.
- Sem essa hipótese o tempo de pior caso do algoritmo é $O(n^2)$,
 - pois muitos elementos podem se acumular num mesmo balde,
 - e a ordenação deste pode levar tempo quadrático,
 - dependendo do método utilizado.
- Assim, vale a pena usar um método de ordenação $O(n \lg n)$ para cada balde?
 - Em geral não, pois são esperados poucos elementos por balde,
 - e métodos como insertionSort são melhores para n pequeno.

Eficiência de espaço:

- Memória adicional da ordem de n , pois são utilizados n baldes e n células.

Estabilidade:

- A estabilidade depende da implementação da ordenação intrabalde.
- O código que estudamos não é estável, mas uma pequena modificação
 - na inserção/ordenação intrabalde pode corrigir isso.
- Quiz1: Que modificação é essa?

Quiz2: O método de inserção em ordem intrabalde lembra

- um algoritmo de ordenação que já estudamos. Qual é esse algoritmo?

Curiosidade: a alocação de memória das listas pode piorar a constante do algoritmo.

- Uma alternativa é usar um vetor, com tamanho $2 \lg n$, por balde.
 - Isso porque, é muito improvável que uma distribuição uniforme
 - produza tal acúmulo em um balde.