# 2021-2 알고리즘

3. 정렬 알고리즘 Ⅲ

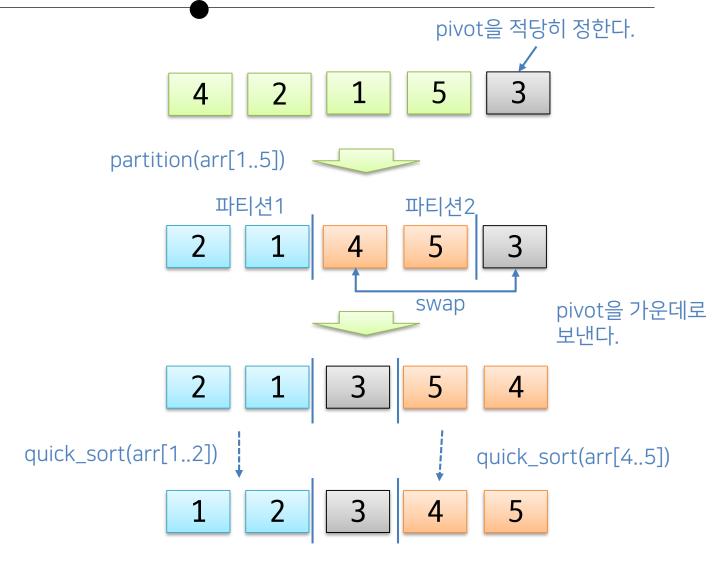
한남대학교 컴퓨터공학과

### 5장 구성

- 퀵 정렬(2)
- 힙 정렬(1), (2)
- 기수 정렬, 계수 정렬

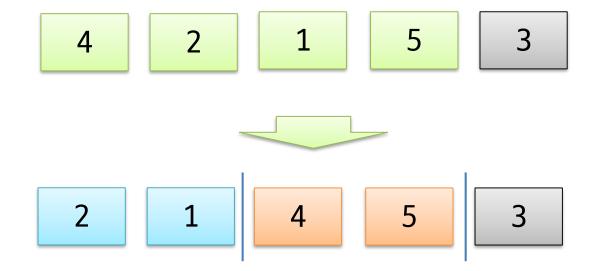
### 퀵 정렬(2)

- In-place 퀵 정렬에서 분할하기(partition)
  - 실제로 두 개의 배열을 사용하는 것이 아니라
  - 하나의 배열을 논리적으로 두 개의 파티션으로 분할한다.
  - 따라서 병합 작업이 따로 필요 없다.



```
quickSort(A[], p, r) ▷ A[p ... r]을 정렬한다
   if (p < r) then {
      q = partition(A, p, r); ▷ 분할
      quickSort(A, p, q-1); ▷ 왼쪽 부분 배열 정렬
      quickSort(A, q+1, r); ▷ 오른쪽 부분 배열 정렬
partition(A[], p, r)
   배열 A[p \dots r]의 원소들을 A[r]을 기준으로 양쪽으로 재배치하고
   A[r]이 자리한 위치를 리턴한다;
```

<Sub-Problem: in-place partitioning>



- <Sub-Solution>
  - 1) 우선 pivot은 제외한다.

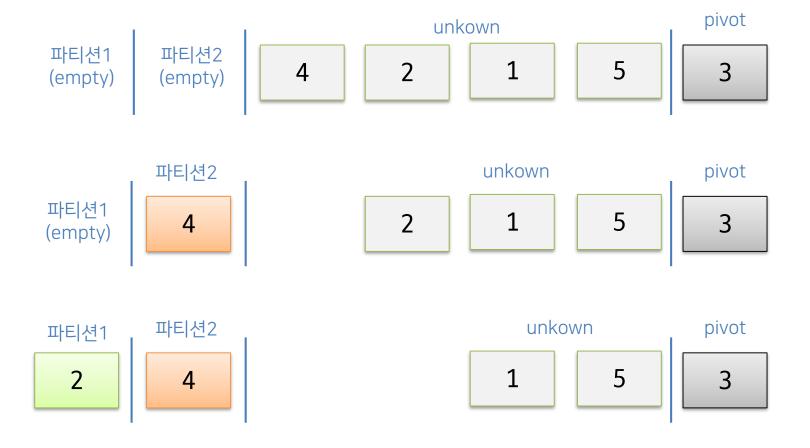
4 2 1 5

- 2) 남은 원소들을 논리적으로 세 부분으로 나눈다.
  - 파티션1: pivot보다 작은 원소들
  - 파티션2: pivot보다 큰 원소들
  - unknown: 소속이 결정되지 않은 원소들

파티션1 (empty) 파티션2 (empty) 4 2 1 5 pivot

#### <Sub-Solution>

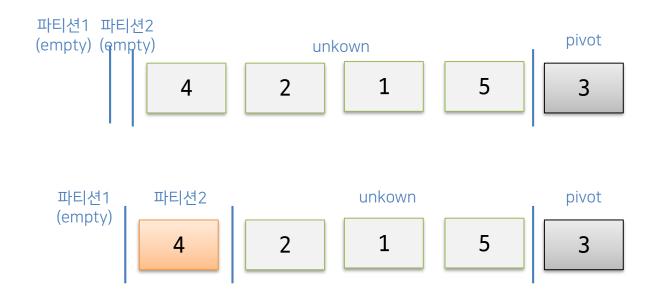
- 3) unknown에서 가장 앞의 원소를 pivot과 비교해서
- pivot보다 작으면 파티션1, 아니면 파티션2에 넣는다.



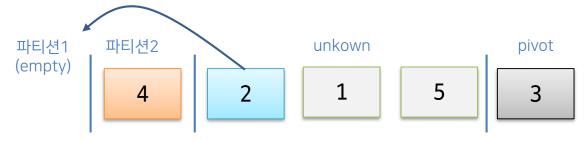
- <Sub-Solution>
  - 논리적으로는 각 원소의 소속을 옮기고 있지만,
  - 실제로 구현할 때는 파티션의 구분선을 이동시킨다.



- <Sub-Solution>
  - 원소가 어느 파티션에 속할지만 정해지면
  - 그 안에서의 위치는 관계 없다는 점을 이용한다.
  - unknown의 첫 번째 원소가 pivot보다 큰 경우 → 파티션2
    - 두 번째 구분선을 한 칸 옮김(파티션2 크기 1 증가)



- <Sub-Solution>
  - − unknown의 첫 번째 원소가 pivot보다 작은 경우 <del>→</del> 파티션1

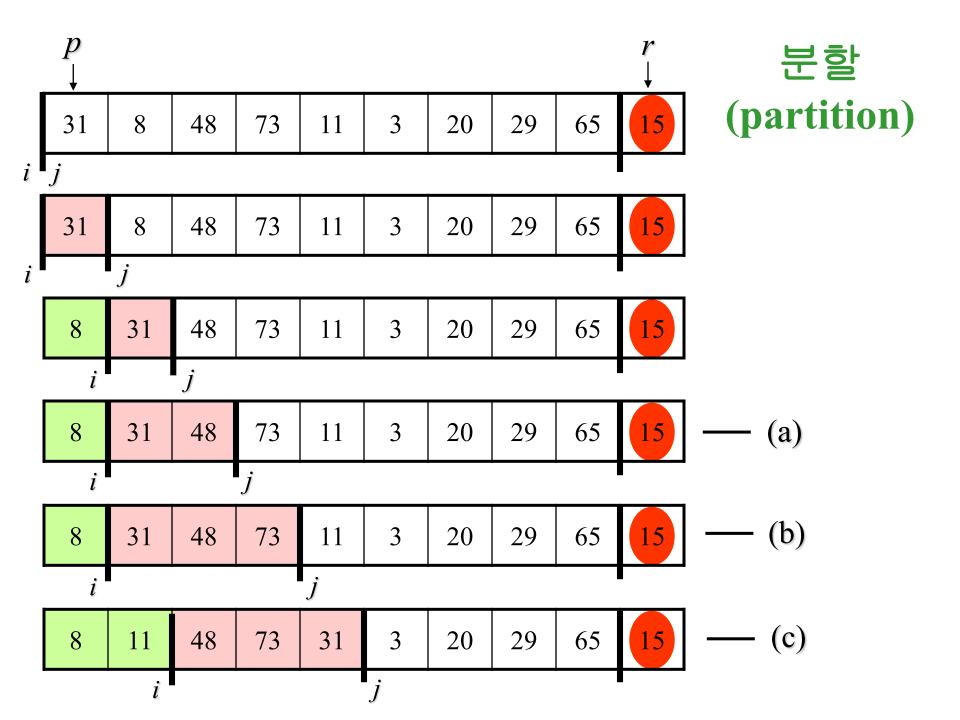


• 1) **파티션2의 첫 번째 원소**와 unknown의 첫 번째 원소를 교환



• 2) 두 구분선을 모두 한 칸 씩 옮김(파티션1 크기 1 증가, 파티션2는 shift)





분할 (partition)

8	11	3	73	31	48	20	29	65	15	
i $j$										
8	11	3	73	31	48	20	29	65	15	
		i					j			
8	11	3	73	31	48	20	29	65	15	
i $j$										
8	11	3	73	31	48	20	29	65	15	— (d)
i										
8	11	3	15	31	48	20	29	65	73	— (e)
		i								

### 연습문제

• 아래 입력에 대한 퀵 정렬의 분할 과정(in-place)을 직접 시뮬레이션해 보자.

5 8 3 7 2 9 6 1 4

In-place partitioning(1.. n)

```
partition(arr[1..n]) {
   // i: 파티션2의 첫 번째 인덱스
   // j: unknown의 첫 번째 인덱스
   pivot <- arr[n]</pre>
   i \leftarrow 0
   j <- 1
   while i \le n-1 {
       // arr[j]를 파티션1 또는 파티션2로 이동시킴
       if (arr[j] > pivot) {
          j++;
       } else {
          swap arr[i], arr[j]
          i++; j++;
   // pivot을 두 파티션 사이로 옮겨주고 위치를 리턴한다.
   swap arr[i], arr[n]
   return i
}
```

- In-place partitioning(1.. n)
  - j는 어떤 경우에도 1 증가하므로 for문을 사용한다.

```
partition(arr[1..n]) {
   // i: 파티션2의 첫 번째 인덱스
   // j: unknown의 첫 번째 인덱스
   pivot <- arr[n]</pre>
   i <- 0
   for j from 1 to n-1 {
       if (arr[j] < pivot) {</pre>
           swap arr[i], arr[i]
           i++;
   swap arr[i], arr[n]
    return i
```

In-place partitioning(p .. r)

### 힙 정렬(1)

### 정렬 알고리즘(Sorting Algorithms)

- 기본 정렬 알고리즘: O(n²)
  - 버블 정렬(Bubble Sort)
  - 선택 정렬(Selection Sort)
  - 삽입 정렬(Insertion Sort)
- 고급 정렬 알고리즘: O(*n*log*n*)
  - 병합 정렬(Merge Sort)
  - 퀵 정렬(Quick Sort)
  - 힙 정렬(Heap Sort)
- 기타:
  - 셸 정렬(Shell Sort)
  - 기수 정렬(Radix Sort)
  - 계수 정렬(Counting Sort)
  - \_ 등

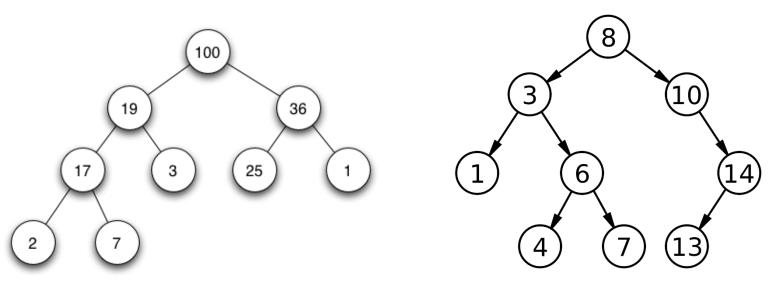
#### • 이진 트리(binary tree)에서

- leaf node: 자식이 없는 노드

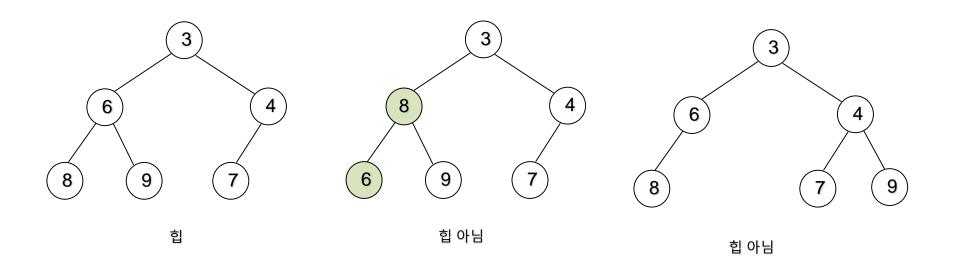
- inner node: leaf가 아닌 노드

#### 완전 이진 트리(Complete binary tree)

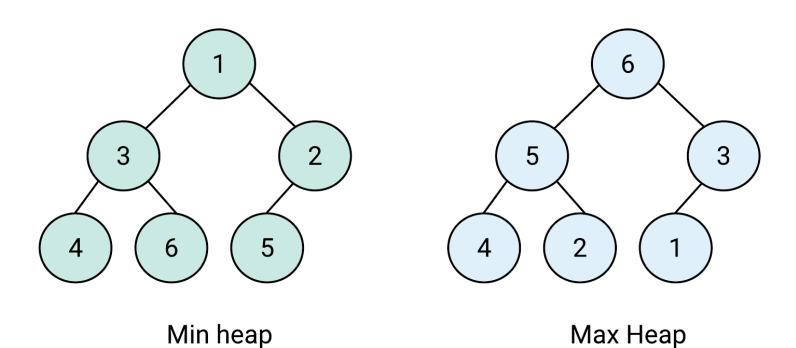
- 모든 inner node는 2개의 자식을 갖는다.
- 가장 깊은 레벨의 노드들은 왼쪽부터 채워진다.



- 힙(heap)의 정의
  - 아래 성질을 만족하는 완전 이진 트리
  - 부모 노드의 값은 자식 노드의 값보다 작거나 같다.

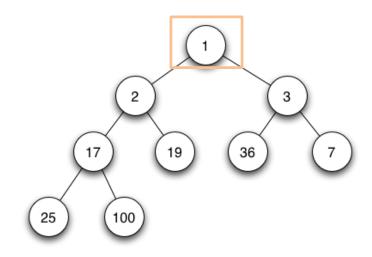


- Min Heap: 부모 노드의 값은 자식 노드의 값보다 작거나 같다.
- Max heap: 부모 노드의 값은 자식 노드의 값보다 크거나 같다.



#### • 힙heap의 성질

- 항상 루트 노드는 최솟값이 된다.
- 즉, 항상 최솟값을 상수 시간O(1)에 찾을 수 있다.

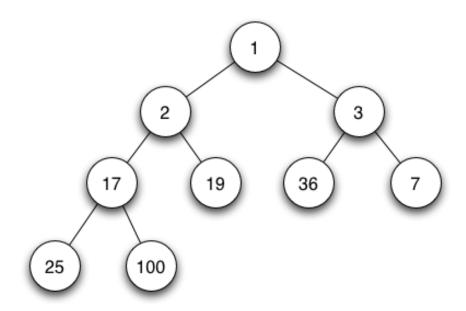


#### • 힙 정렬(Heap Sort)

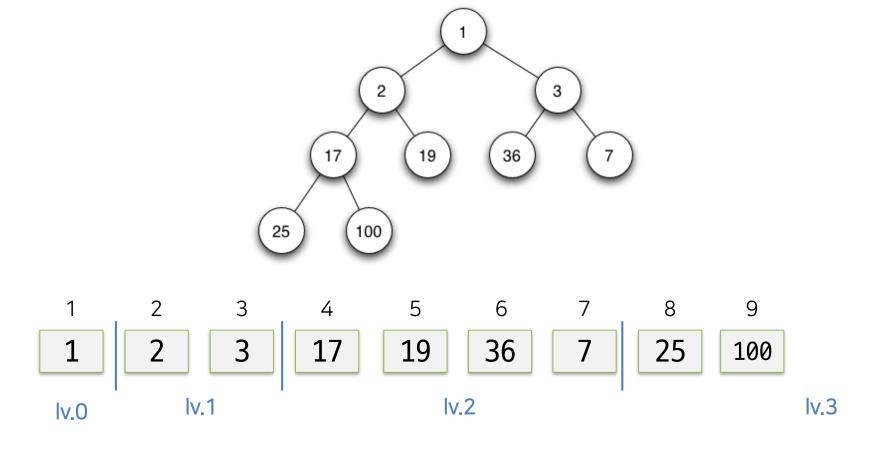
- 주어진 배열을 힙으로 만든 다음,
- 차례대로 하나씩 힙에서 제거함으로써 정렬한다.

• 힙heap의 표현: 포인터/참조

```
struct heap {
    int key;
    struct heap* left;
    struct heap* right;
}
struct heap root;
```



- 힙heap의 표현: 배열
  - A[1..n]에서 A[i]의 왼쪽 자식은 A[i\*2], 오른쪽 자식은 A[i\*2+1]이다.



- 힙 정렬(Heap Sort)
  - 주어진 배열을 힙으로 만든 다음,
  - 차례대로 하나씩 힙에서 제거함으로써 정렬한다.

- Python 에서는
  - heapq 모듈을 사용하면 쉽게 구현할 수 있다.
  - heapq: 힙의 배열 표현을 구현한 모듈
- heapq 사용 예)

```
from heapq import *

data = [65, 100, 83, 77, 23, 11, 59, 96]
heapify(data)
print(data)
```

[11, 23, 59, 77, 100, 83, 65, 96]

Heap Sort (Python)

```
from heapq import *
def heapsort(heap):
   heapify(heap) data[]를 힙으로 만든다.
   while heap:
       min_val = heappop(heap) 최솟값을 뽑아내고 수선
       print(min val, end=' ')
data = [65, 100, 83, 77, 23, 11, 59, 96]
heapsort(data)
```

11 23 59 65 77 83 96 100

#### • 힙 정렬의 수행 시간

```
from heapq import *
def heapsort(heap):
   heapify(heap) data[]를 힙으로 만든다: O(nlogn)
   while heap:
       min_val = heappop(heap) 최솟값을 뽑아내고 수선: O(1) + O(logn)
       print(min val, end=' ')
data = [65, 100, 83, 77, 23, 11, 59, 96]
heapsort(data)
```

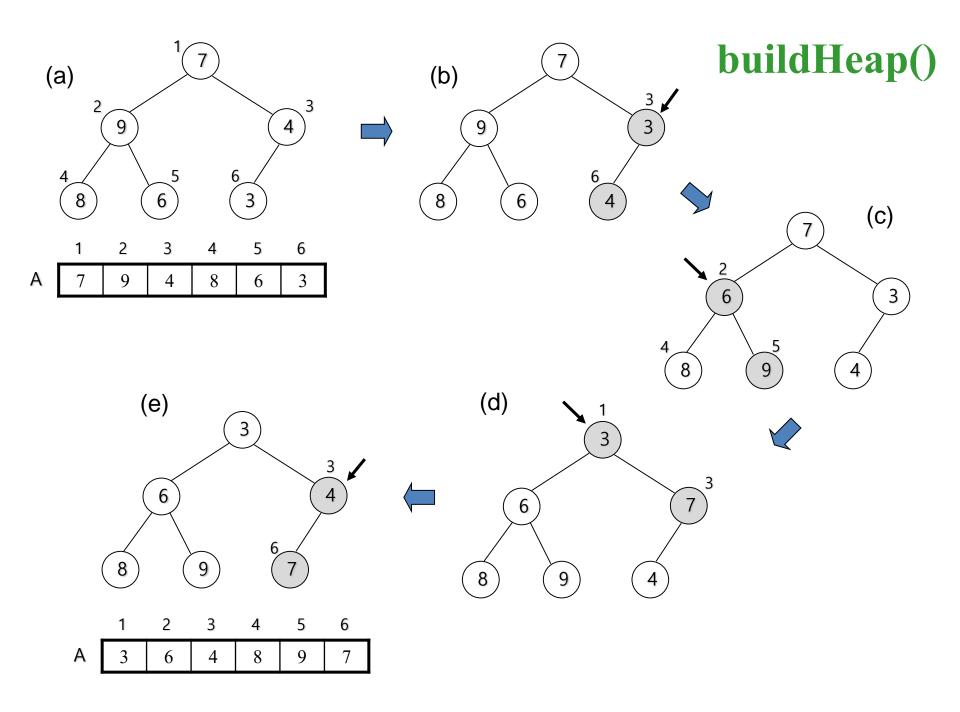
$$T(n) = nlogn + n * (1 + logn) = O(nlogn)$$

### 힙 정렬(2)

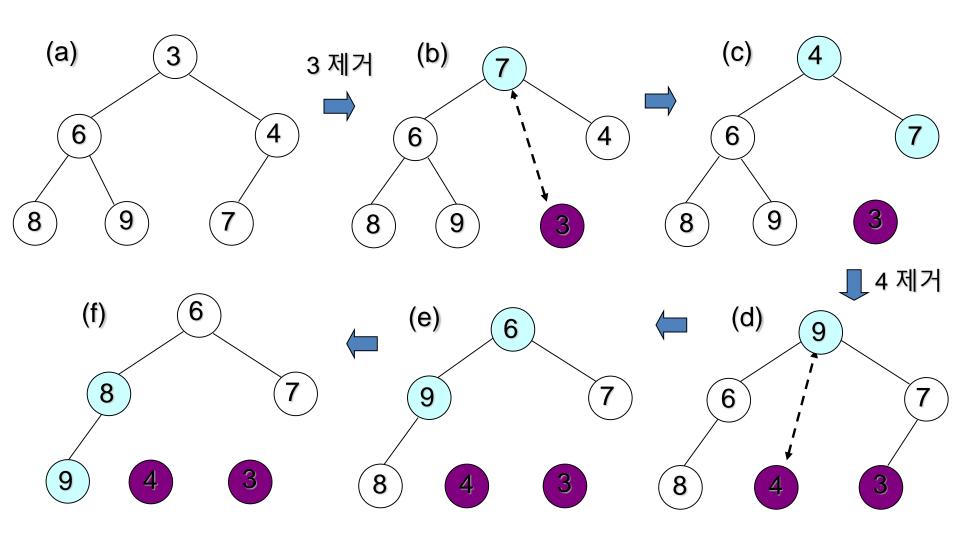
```
heapSort(A[], n)
▷ A[1 ... n] 을 정렬한다.
     A[]를 힙(배열)으로 만든다;
     힙에 원소가 없을 때까지 반복 {
          루트 노드 A[1]을 제거;
          ▷ 마지막 원소와 교환한 후, 힙크기--;
          heapify();
          ▷ 마지막 원소가 루트로 올라왔으므로
          ▷ 힙 성질을 만족하도록 수선한다.
     }
```

```
heapSort(A[], n)
▷ A[1 ... n] 을 정렬한다
     buildHeap(A, n);
                     ▷ 힙 만들기
     for i ← n downto 2 {
           A[1] ↔ A[i]; ▷ 원소 교환
           heapify(A, 1, i-1);
```

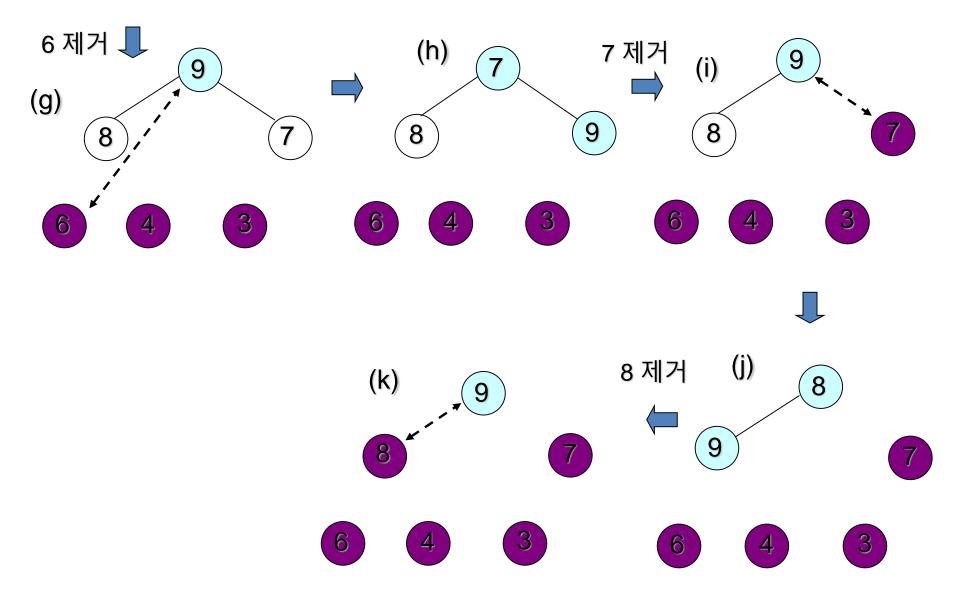
✓ 최악의 경우에도 O(nlogn) 시간 소요!



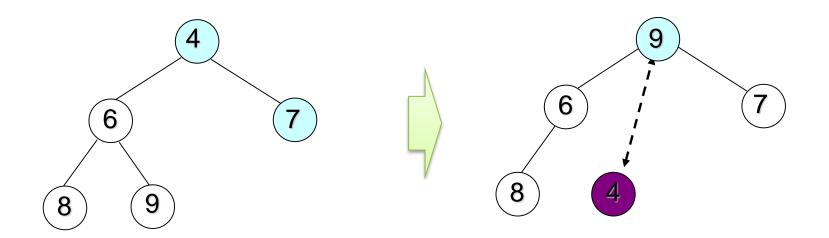
### 정렬



### 정렬



### heapify()



루트 노드 4와 마지막 노드 9를 교환하고 4를 제거 → 9와 6, 9와 7은 힙 성질을 만족하지 않는다.

→ **부모와 자식 노드를 교환**해서 힙 성질을 만족시키고, 이를 재귀적으로 반복

### heapify()

```
heapify(A[], i, last_idx)
▷ A[i..last_idx]가 힙 성질을 만족하도록 수선한다.
   왼쪽 자식이 더 작으면
                                                           9
        A[i] \leftarrow \rightarrow A[i*2];
        heapify(A, i*2, last_idx);
                                                   6
   오른쪽 자식이 더 작으면
        A[i] \leftarrow \rightarrow A[i*2+1];
        heapify(A, i*2+1, last_idx);
```

### 기수 정렬, 계수 정렬

### *⊙*(*n*) 정렬

- 두 원소를 비교하는 것을 기본 연산으로 하는 정렬의 하한선은  $\Omega(n \log n)$ 이다
- 그러나 원소들이 특수한 성질을 만족하면 *⊖(n)* 정 렬도 가능하다
  - 계수정렬Counting Sort
    - 원소들의 크기가 모두 -*O*(*n*) ~ *O*(*n*) 범위에 있을 때
  - 기수정렬Radix Sort
    - 원소들이 모두 *k* 이하의 자릿수를 가졌을 때 (*k*: 상수)

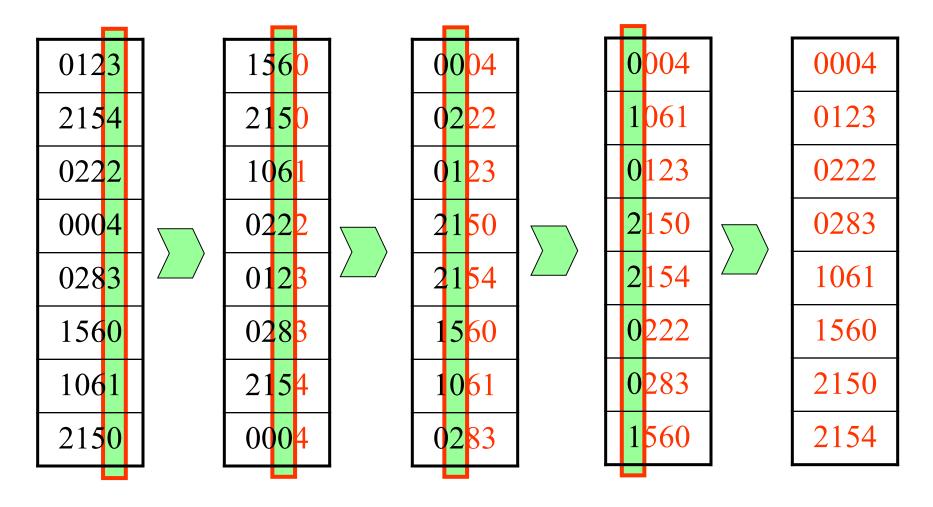
### 기수정렬Radix Sort

을 가진 정렬을 일컫는다.

```
radixSort(A[], n, k)
▷ 원소들이 각각 최대 k 자리수인 A[1… n]을 정렬한다
▷ 가장 낮은 자리수를 1번째 자리수라 한다
{
  for i \leftarrow 1 to k
    /번째 자리수에 대해 A[1 \cdots n] 을 안정을 유지하면서 정렬한다;

√ 안정성 정렬Stable sort

  같은 값을 가진 원소들은 정렬 후에도 원래의 순서가 유지되는 성질
```



✓ Running time:  $\Theta(n) \leftarrow d$ : a constant

### 계수정렬Counting Sort

```
countingSort(A, B, n)
▷ A[1···n]: 입력 배열
▷ B[1··· n]: 배열 A를 정렬한 결과
         for i = 1 to k
                  C[i] \leftarrow 0;
         for j = 1 to n
                  C[A[/]]++;
         ▷ 이 시점에서의 C[/] : 값이 /인 원소의 총 수
         for i = 1 to k
                  C[i] \leftarrow C[i] + C[i-1];
         ▷ 이 시점에서의 C[/]: /보다 작거나 같은 원소의 총 개수
         for j \leftarrow n downto 1 {
                  B[C[A[i]] \leftarrow A[i];
                  C[A[/]]--;
```

## 효율성 비교

	Worst Case	Average Case	
Selection Sort	$n^2$	$n^2$	
Bubble Sort	$n^2$	$n^2$	
Insertion Sort	$n^2$	$n^2$	
Mergesort	nlogn	nlogn	
Quicksort	$n^2$	nlogn	
Counting Sort	n	n	
Radix Sort	n	n	
Heapsort	nlogn	nlogn	