

安徽大学 20 21 —20 22 学年第 2 学期

《 数据结构 》考试试卷 (B 卷)

(闭卷 时间 120 分钟)

考场登记表序号 \_\_\_\_\_

题 号	一	二	三	四	总分
得 分					
阅卷人					

一、算法分析题 (10 分)

得 分	
-----	--

1. 请分析如下算法的时间复杂度 (每小题 2 分, 共 6 分)

```
(1)  sum=0;
      for (i=0;i<n;i++)
        for (j=0;j<n;j++)
          sum+=A[i][j];
```

```
(2)  j=1;
      while (j<=n)
        j=j*2;
```

```
(3)  x=90;      y=100;
      while(y>0)
        if(x>100)
          {x=x-10;y--;}
        else x++;
```

2. 将下面的算法补充完整: (每空 2 分, 共 4 分)

p 指针指向循环双向链表中的某一结点, s 指针指向一个新生成的双向链表结点, 请在 p 指针所指结点之后插入 s 指针所指的结点:

s->prior=p;

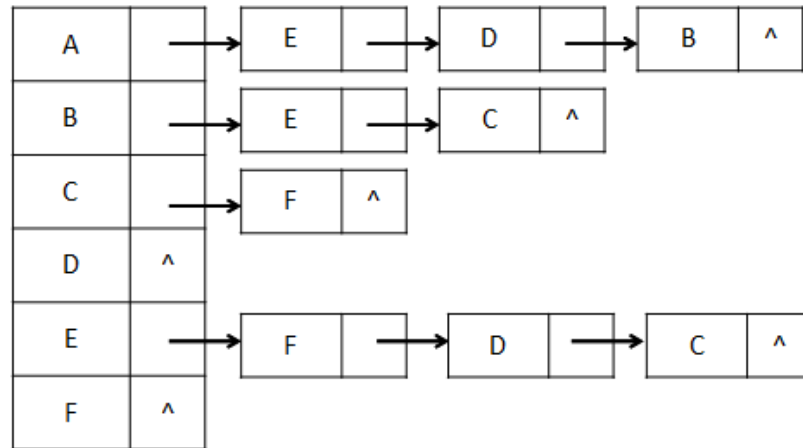
\_\_\_\_\_

p->next=s;

## 二、简答题（共 40 分）

得分	
----	--

1. 已知一个有向图的邻接表存储结构如下图所示，写出从顶点A出发的广度优先搜索序列（4分）



2. 已知10个元素 {56, 28, 19, 83, 62, 95, 60, 16, 33, 20}，按照依次插入的方法生成一棵二叉排序树。（6分）

3. 设广义表  $L = ((a, b), (b, c, d), (d, e, (f, (g, h))))$ ，分别回答下列问题：（9分）

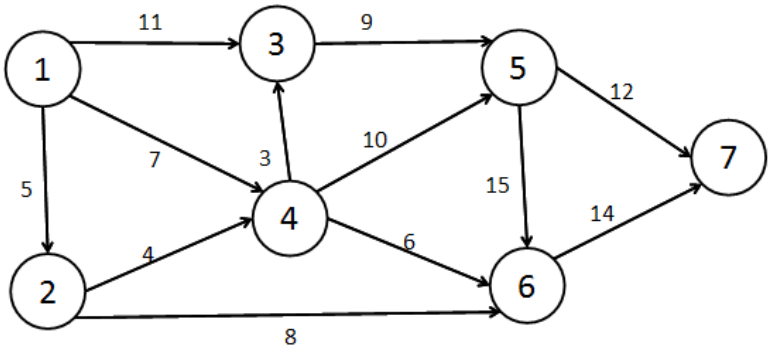
- (1) 计算  $\text{Tail}(L)$ ；
- (2) 计算  $\text{Head}(L)$ ；
- (3) 写出计算表  $(g, h)$  的表达式。

4. (10分) 设关键字序列为 {39, 49, 28, 25, 31, 15, 68, 12, 19, 51, 38}, 哈希表长度为15, 即A[0..14], 哈希函数为  $H(key)=key \% 13$
- (1) 用线性探测再散列解决冲突, 构造哈希表 (填表1); (8分)
- (2) 求等概率下查找成功的平均查找长度ASL。(2分)

表 1

哈希地址	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
关键字值															
比较次数															

5. (11分) 用Prim算法求下面连通的带权图的最小代价生成树:



- (1) 写出该图的邻接矩阵 (顶点按①②③④⑤⑥⑦的顺序); (4分)
- (2) 从点①出发, 用Prim算法求最小代价生成树。(7分)

三、应用题（每小题 10 分，共 20 分）

1、有一电文共使用五种字符a, b, c, d, e, 其出现频率依次为13, 22, 15, 21, 29。

(1) 试画出对应的编码哈夫曼树(要求左子树根结点的权小于等于右子树根结点的权)。  
(5分)

(2) 求出每个字符的哈夫曼编码。(3分)

(3) 译出编码系列 1100011000010101的相应电文。(2分)

2、基因测序是一个更加复杂且耗时的过程，可以简单归纳为以下 7 个步骤：

- ① 采集样本。
- ② 从样本中提取出病毒 RNA。
- ③ 把病毒 RNA 反转录为 cDNA。
- ④ 文库构建，就是把完整的 DNA 链条打碎成片段，接着给 DNA 片段末端修复，然后给 DNA 片段加上独有的样本编码（用于识别这个样本是谁的），并把 DNA 片段用一个接头固定起来，方便测序。
- ⑤ 高通量测序：通过高通量测序仪，把文库的核酸序列检测出来。
- ⑥ 生物信息分析：把测出的 DNA 序列与已有的数据库进行比对。
- ⑦ 出具检测报告

小明负责第 6 个步骤，编写 KMP 算法实现生物信息分析。假设病毒 DNA 序列为：“ACACT” KMP 算法求得的每个字符对应的 `next`，并给出求解步骤（5 分）和 `nextval`（5 分）函数值。

#### 四、算法设计题（30 分）

得分	
----	--

1、从一维数组  $A[n]$  中二分查找关键字为  $K$  的元素的递归算法，若查找成功则返回对应元素的下标，否则返回 -1。

`int Binsch(ElemType A[], int low, int high, KeyType K)`（10 分）

2、二叉树采用二叉链表存储结构，类型定义如下：

```
typedef struct BiTNode{  
    TelemType data; //结点数据域  
    struct BiTNode *lchild,*rchild; //左右孩子指针  
}BiTNode,*BiTree;
```

试设计算法：

- (1) 按层次从上到下，每层从右到左的顺序列出二叉树所有结点的数据信息；(10 分)
- (2) 判定两棵二叉树是否相似。(10 分)