

中山大学数据科学与计算机学院本科生实验报告

课程名称：算法设计与分析

任课教师：张子臻

年级	2018	专业（方向）	软件工程
学号	18342075	姓名	米家龙
电话	18566916535	Email	781131011@qq.com
开始日期	2020-05-15	完成日期	2020-05-17

1.实验题目

* 1035 DNA matching

* 1198 Substring

2.实验目的

* 熟悉贪心算法的使用

* 学会使用 C++的 STL 库，并掌握相关的方法

* 加深数据结构和 C++的理解

3.程序设计

1035 DNA matching

思路：

使用循环。对于每一个 DNA 单链，在所有的未被匹配到的 DNA 单链集

合中进行寻找，若找到匹配的，则将匹配到的单链标记为已匹配，剔除该集合；若未找到匹配单链，则将该单链加入到该集合。

该过程代码：

```
int matchDNA(int n)
{
    static char strTemp[127]; // 用于获取目标匹配的单链
    int res = 0;              // 结果
    multiset<string> strSet;   // 储存未被匹配的单链
    string str;               // 输入的单链
    string rts;               // 匹配的单链

    strTemp['A'] = 'T';
    strTemp['T'] = 'A';
    strTemp['C'] = 'G';
    strTemp['G'] = 'C';

    for (int i = 0; i < n; i++)
    {
        str = "";
        rts = "";
        cin >> str;
        for (int j = 0; j < str.size(); j++)
        {
            rts += strTemp[str[j]]; // 获取到目标匹配的单链
        }
        if (strSet.count(rts)) // 如果存在目标单链，则在集合中删去并且结果+1
        {
            res++;
            strSet.erase(strSet.find(rts));
        }
        else
        {
            strSet.insert(str); // 否则插入
        }
    }

    return res;
}
```

1198 Substring

思路：

通过枚举，能够比较简单得得到结果。但需要注意的是，该解法是 $O(n!)$ 的时间复杂度，在数据量庞大的情况下，程序运行状况会十分糟糕。

改进思路：

在组合过程中，将前面的字符串拼接而成得到的新字符串 A，将要与 A 拼接得到新字符串的字符串 B，如果 $A+B > B+A$ ，那么该循环过程可以直接停止，避免后续的无用计算；当 $A+B <$ 当前最小的字符串，同样终止当前循环。

当前过程代码：

```
string minString(string strList[], int length)
{
    string res = "", tmp = "";
    for (int i = 0; i < length; i++) // 初始值
    {
        res += strList[i];
    }
    while (next_permutation(strList, strList + length)) // 全排列函数，方便组合
    {
        bool flag = true;
        tmp = "";
        for (int i = 0; i < length; i++)
        {
            if (strList[i] + tmp < tmp + strList[i] || tmp + strList[i] > res) // 这种情况下，再继续拼接字符串没有意义了
            {
                flag = false; // 表示是否终止
                break;
            }
            else
            {
                tmp += strList[i];
            }
        }
        if (flag)
        {
            res = res < tmp ? res : tmp;
        }
    }
}
```

```
    }  
}  
  
return res;  
}
```

4.程序运行与测试

1035 DNA matching

样例测试：

```
root@LAPTOP-QTCGESHO:/mnt/d/blog/work/算法# g++ 1035.cpp  
root@LAPTOP-QTCGESHO:/mnt/d/blog/work/算法# ./a.out  
2  
3  
ATCG  
TAGC  
TAGG  
1  
2  
AATT  
ATTA  
0
```

测试 1：

```
root@LAPTOP-QTCGESHO:/mnt/d/blog/work/算法# ./a.out  
1  
7  
ACTACG  
ACTTAGA  
GACTA  
CTACA  
CAGAT  
TGATGC  
A  
1
```

测试 2：

```
root@LAPTOP-QTCGESHO:/mnt/d/blog/work/算法# ./a.out  
1  
1  
A  
0
```

1198 SubString

样例测试：

```
root@LAPTOP-QTCGESHO:/mnt/d/blog/work/算法# g++ 1198.cpp
root@LAPTOP-QTCGESHO:/mnt/d/blog/work/算法# ./a.out
1
3
a
ab
ac
aabac
```

测试 1：

```
root@LAPTOP-QTCGESHO:/mnt/d/blog/work/算法# ./a.out
1
2
b
ba
bab
```

测试 2：

```
root@LAPTOP-QTCGESHO:/mnt/d/blog/work/算法# ./a.out
1
7
safastra
sab
fhkfy
c
abj
e
kfdyji
abjcefhkfykfdyjisabsafastra
```

5.实验总结与心得

这两题理论上都可以使用简单的循环解决，但是由于时间复杂度的问题，导致计算成本较高，但通过适当地判断来终止循环，或者通过数据结构来加速计算，都能够有效地减少时间成本，从某种意义上来说，这也是一种贪心。

附录、提交文件清单

1035.cpp

```
#include <iostream>
#include <set>

using namespace std;

int matchDNA(int n)
{
    static char strTemp[127]; // 用于获取目标匹配的单链
    int res = 0;              // 结果
    multiset<string> strSet;   // 储存未被匹配的单链
    string str;               // 输入的单链
    string rts;               // 匹配的单链

    strTemp['A'] = 'T';
    strTemp['T'] = 'A';
    strTemp['C'] = 'G';
    strTemp['G'] = 'C';

    for (int i = 0; i < n; i++)
    {
        str = "";
        rts = "";
        cin >> str;
        for (int j = 0; j < str.size(); j++)
        {
            rts += strTemp[str[j]]; // 获取到目标匹配的单链
        }
        if (strSet.count(rts)) // 如果存在目标单链，则在集合中删去并且结果+1
        {
            res++;
            strSet.erase(strSet.find(rts));
        }
        else
        {
            strSet.insert(str); // 否则插入
        }
    }

    return res;
}
```

```

}

int main()
{
    int k = 0;
    cin >> k;

    for (int i = 0; i < k; i++)
    {
        // cout << i;
        int n = 0;
        cin >> n;
        cout << matchDNA(n) << endl;
    }

    return 0;
}

```

1198.cpp

```

#include <iostream>
#include <algorithm>

using namespace std;

string minString(string strList[], int length)
{
    string res = "", tmp = "";
    for (int i = 0; i < length; i++) // 初始值
    {
        res += strList[i];
    }
    while (next_permutation(strList, strList + length)) // 全排列函数，方便组合
    {
        bool flag = true;
        tmp = "";
        for (int i = 0; i < length; i++)
        {
            if (strList[i] + tmp < tmp + strList[i] || tmp + strList[i] > res) // 这种情况下，再继续拼接字符串没有意义了
            {
                flag = false; // 表示是否终止
                break;
            }
        }
    }
}

```

```

    }
    else
    {
        tmp += strList[i];
    }
}
if (flag)
{
    res = res < tmp ? res : tmp;
}
}

return res;
}

int main()
{

    int t = 0;
    cin >> t;
    while (t--)
    {
        int n = 0;
        cin >> n;
        string strList[n] = {};
        for (int i = 0; i < n; i++)
        {
            cin >> strList[i];
        }
        sort(strList, strList + n);
        cout << minString(strList, n) << endl;
    }
}

```