

---

# 第4章 串、数组 和广义表

王迪

wangd@sdas.org

---

- 第2章 线性表
- 第3章 栈和队列
- 第4章 串、数组和广义表

线性结构

可表示为:  $(a_1, a_2, \dots, a_n)$



## 教学内容

4.1 串

4.2 数组

4.3 广义表

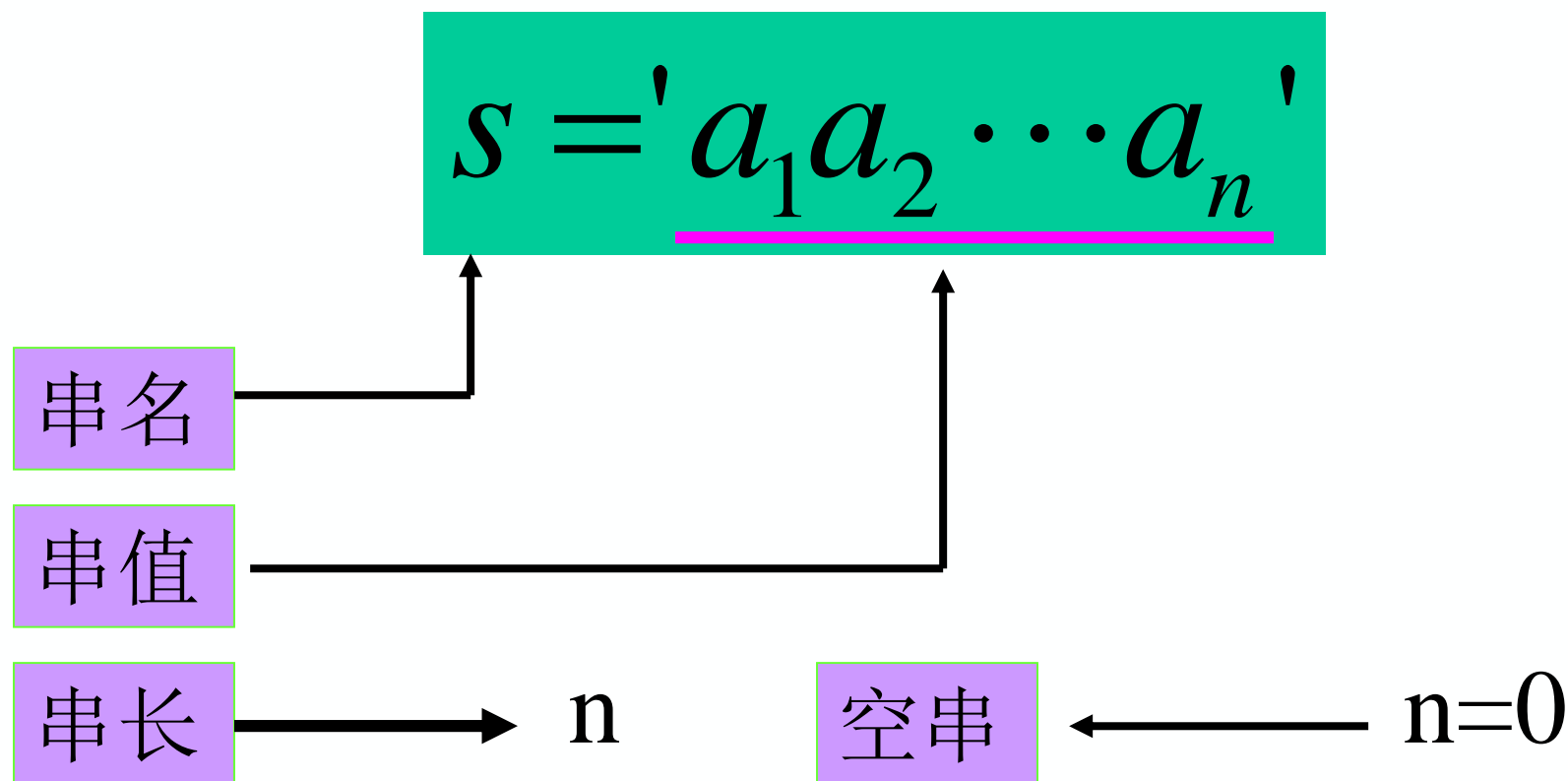
# 教学目标

1. 了解串的存储方法，理解串的两种模式匹配算法，重点掌握BF算法。
2. 明确数组和广义表这两种数据结构的特点，掌握数组地址计算方法，了解几种特殊矩阵的压缩存储方法。
3. 掌握广义表的定义、性质及其GetHead和GetTail的操作。

# 4.1 串的定义



串 (String) —— 零个或多个字符组成的有限序列



a='BEI',  
b='JING',  
c='BEIJING',  
d='BEI JING'

子串

主串

字符位置

子串位置

串相等

空格串

## 4.2 案例引入



### 案例4.1：病毒感染检测

研究者将人的DNA和病毒DNA均表示成由一些字母组成的字符串序列。

然后检测某种病毒DNA序列是否在患者的DNA序列中出现过，如果出现过，则此人感染了该病毒，否则没有感染。

例如，假设病毒的DNA序列为baa，患者1的DNA序列为aaabbba，则感染，患者2的DNA序列为babbbba，则未感染。

（注意，人的DNA序列是线性的，而病毒的DNA序列是环状的）

病毒感染检测输入数据.txt - 记事本

文件(F) 编辑(E) 格式(O) 查看(V)

```
10
baa      bbaabbba
baa      aaabbbba
aabb     abceaabb
aabb     abaabcea
abcd     cdabbbab
abcd     cabbbbab
abcde    bcdebdba
acc       bdedbcda
cde       cdcdcdcc
cced      cdccdcce
```

病毒感染检测输出结果.txt - 记事本

文件(F) 编辑(E) 格式(O) 查看(V) 帮助(H)

```
baa      bbaabbba      YES
baa      aaabbbba      YES
aabb     abceaabb      YES
aabb     abaabcea      YES
abcd     cdabbbab      YES
abcd     cabbbbab      NO
abcde    bcdebdba      NO
acc       bdedbcda      NO
cde       cdcdcdcc      YES
cced      cdccdcce      YES
```



## 4.3 串的类型定义、存储结构及运算



ADT String {

数据对象:

$$D = \{a_i \mid a_i \in \text{CharacterSet}, i = 1, 2, \dots, n, n \geq 0\}$$

数据关系:

$$R_1 = \{ \langle a_{i-1}, a_i \rangle \mid a_{i-1}, a_i \in D, i = 1, 2, \dots, n \}$$

基本操作:

- |                          |       |
|--------------------------|-------|
| (1) StrAssign (&T,chars) | //串赋值 |
| (2) StrCompare (S,T)     | //串比较 |
| (3) StrLength (S)        | //求串长 |
| (4) Concat(&T,S1,S2)     | //串联  |

- (5) SubString(&Sub,S,pos,len)     //求子串
- (6) StrCopy(&T,S)                 //串拷贝
- (7) StrEmpty(S)                    //串判空
- (8) ClearString (&S)               //清空串
- (9) **Index(S,T,pos)**               //子串的位置
- (11) Replace(&S,T,V)               //串替换
- (12) StrInsert(&S,pos,T)            //子串插入
- (12) StrDelete(&S,pos,len)         //子串删除
- (13) DestroyString(&S)             //串销毁

}ADT String

# 串的存储结构

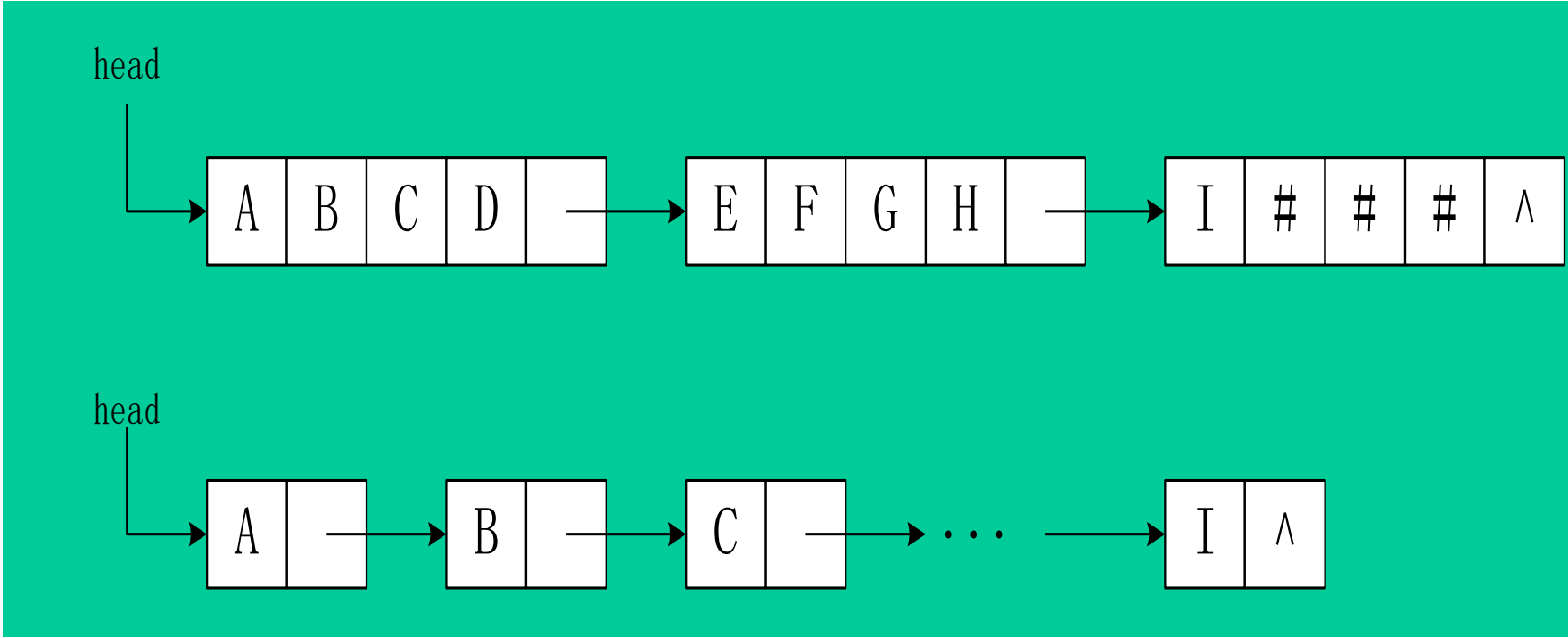
● 顺序存储

● 链式存储

# 顺序存储表示

```
typedef struct {  
    char *ch;           //若串非空, 则按串长分配存储区,  
                        //否则ch为NULL  
    int  length;        //串长度  
} HString;
```

# 链式存储表示



# 链式存储表示

```
#define CHUNKSIZE 80      //可由用户定义的块大小

typedef struct Chunk{
    char ch[CHUNKSIZE];
    struct Chunk *next;
}Chunk;

typedef struct{
    Chunk *head,*tail;    //串的头指针和尾指针
    int curlen;           //串的当前长度
}LString;
```

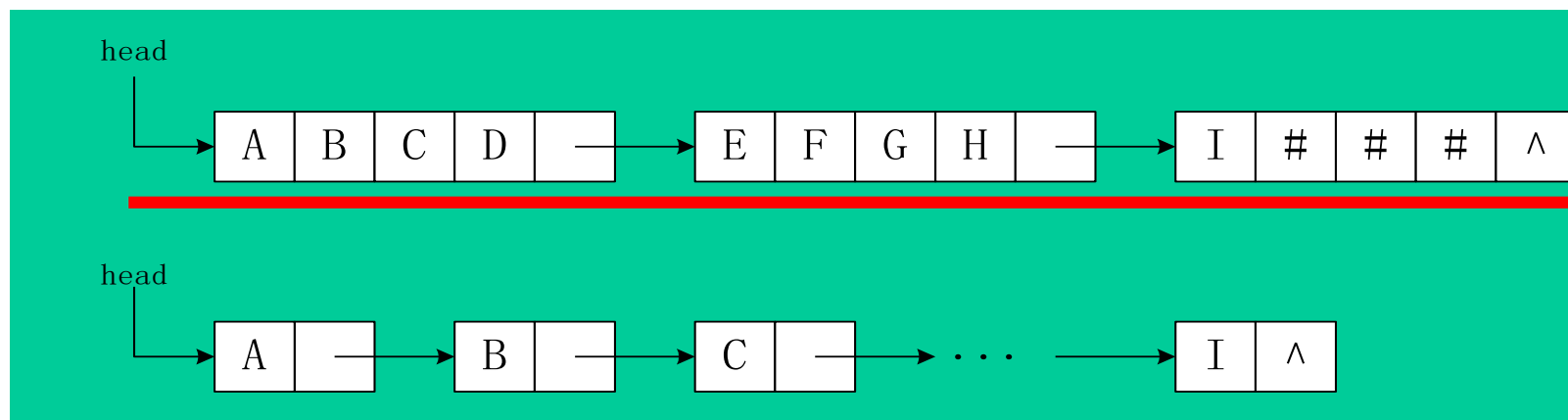
# 链式存储表示

优点：操作方便

缺点：存储密度较低

$$\text{存储密度} = \frac{\text{串值所占的存储位}}{\text{实际分配的存储位}}$$

可将多个字符存放在一个结点中，以克服其缺点



# 串的模式匹配算法

---

## 算法目的：

确定主串中所含子串第一次出现的位置（定位）

## 算法种类：

- BF算法（又称古典的、经典的、朴素的、穷举的）
- KMP算法（特点：速度快）



$i$   
S : a b a b c a b c a c b a b

T : a b c

$j$



$i$  指针回溯

S : a b a b c a b c a c b a b

T : a b c



S : a b a b c a b c a c b a b

T : a b c

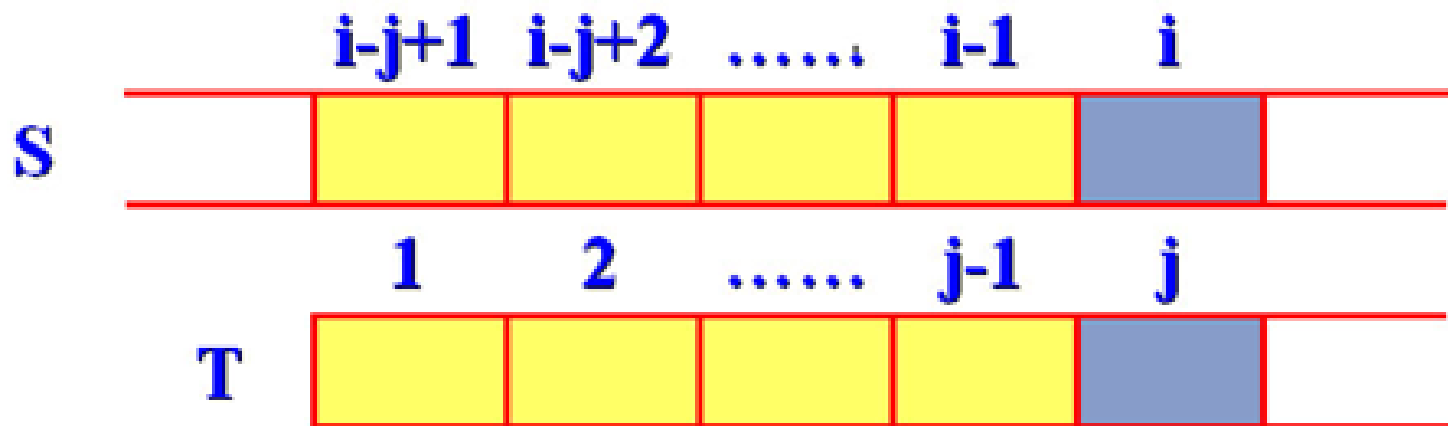


## Index(S,T,pos)

- 将主串的第pos个字符和模式的第一个字符比较，  
    若相等，继续逐个比较后续字符；  
    若不等，从主串的下一字符起，重新与模式的第一个字符比较。
- 直到主串的一个连续子串字符序列与模式相等。  
    返回值为S中与T匹配的子序列第一个字符的序号，  
    即匹配成功。
- 否则，匹配失败，返回值 0

## BF算法描述（算法4.1）

```
int Index(Sstring S,Sstring T,int pos){  
    i=pos; j=1;  
    while (i<=S[ 0 ] && j <=T[ 0 ]){  
        if ( S[ i ]=T[ j ] ) {++i; ++j; }  
        else{ i=i-j+2; j=1; }  
        if ( j>T[ 0 ] ) return i-T[0];  
        else return 0;  
    }  
}
```



# BF算法时间复杂度

例： S='00000000001', T='0001', pos=1

若 $n$ 为主串长度， $m$ 为子串长度，最坏情况是

- ✓ 主串前面 $n-m$ 个位置都部分匹配到子串的最后一位，即这 $n-m$ 位各比较了 $m$ 次
- ✓ 最后 $m$ 位也各比较了1次

总次数为： $(n-m)*m+m=(n-m+1)*m$

若 $m \ll n$ ，则算法复杂度 $O(n*m)$

# KMP (Knuth Morris Pratt) 算法

《计算机程序设计艺术 第1卷 基本算法》

《计算机程序设计艺术 第2卷 半数值算法》

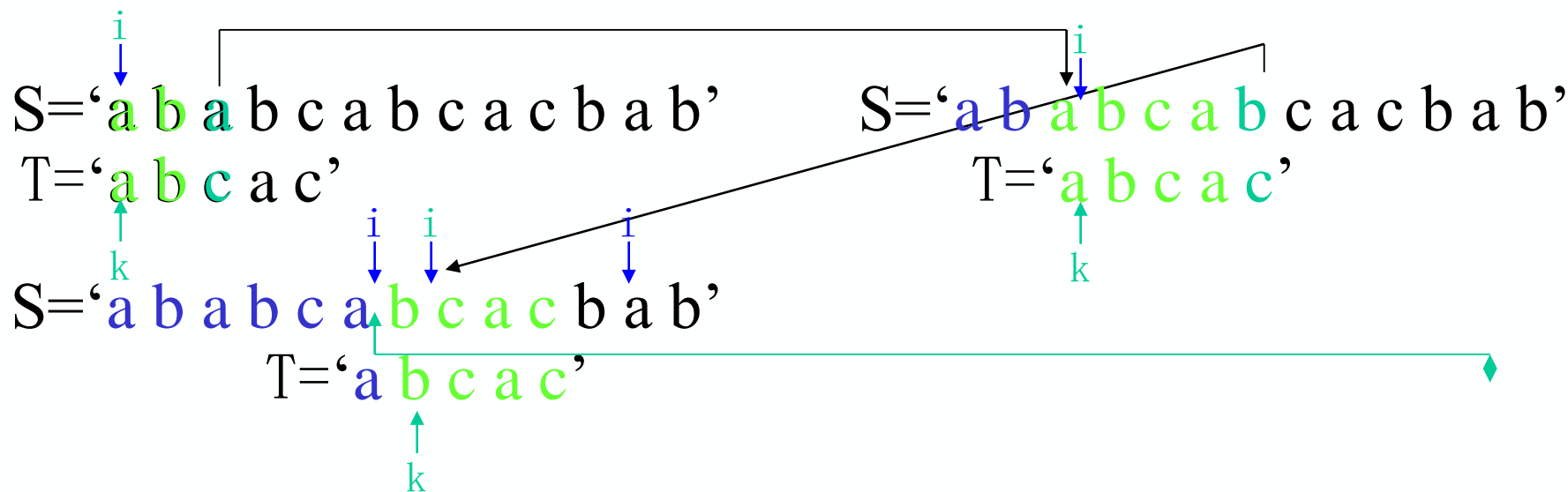
《计算机程序设计艺术 第3卷 排序与查找》

<http://www-cs-faculty.stanford.edu/~knuth/>



# KMPKMP (Knuth Morris Pratt) 算法

利用已经部分匹配的结果而加快模式串的滑动速度？  
且主串S的指针*i*不必回溯！可提速到 $O(n+m)$ ！



第 1 次匹配

s=abacaba

i=4

|||  
p=abab

j=4

失败

p=abab

j=2

因 $p_1 \neq p_2$ ,  $s_2 = p_2$ , 必有 $s_2 \neq p_1$ , 又因 $p_1 = p_3$ ,  $s_3 = p_3$ , 所以必有 $s_3 = p_1$ 。因此, 第二次匹配可直接从 $i=4$ ,  $j=2$ 开始。

---

**改进：**每趟匹配过程中出现字符比较不等时，不回溯主指针 $i$ ，利用已得到的“部分匹配”结果将模式向右滑动尽可能远的一段距离，继续进行比较。

---



$$\begin{array}{ccccccc}
s_1 & s_2 & s_3 & \cdots & s_{i-j+1} & s_{i-j+2} & \cdots & s_{i-2} & s_{i-1} & s_i & s_{i+1} \\
& & & & \parallel & \parallel & & \parallel & \parallel & \neq & \\
& & & & p_1 & p_2 & \cdots & p_{j-2} & p_{j-1} & p_j & p_{j+1} \\
& & & & & & \parallel & & \parallel & & \\
& & & & & & p_1 & \cdots & p_{k-1} & p_k & p_{k+1}
\end{array}$$

- ① “ $p_1 p_2 \cdots p_{k-1}$ ” = “ $s_{i-k+1} s_{i-k+2} \cdots s_{i-1}$ ”
- ② “ $p_{j-k+1} p_{j-k+2} \cdots p_{j-1}$ ” = “ $s_{i-k+1} s_{i-k+2} \cdots s_{i-1}$ ” (部分匹配)
- ③ “ $p_1 p_2 \cdots p_{k-1}$ ” = “ $p_{j-k+1} p_{j-k+2} \cdots p_{j-1}$ ” (真子串)

为此,定义 $\text{next}[j]$ 函数, 表明当模式中第 $j$ 个字符与主串中相应字符“失配”时, 在模式中需重新和主串中该字符进行比较的字符的位置。

$$\text{next}[j]=\begin{cases} \max\{k|1\leq k\leq j, \text{且 } "p_1\cdots p_{k-1}"="p_{j-k+1}\cdots p_{j-1}"\} & \text{当此集合非空时} \\ 0 & \text{当 } j=1 \text{ 时} \\ 1 & \text{其他情况} \end{cases}$$

## ● 如何求next函数值

1.  $\text{next}[1] = 0$ ; 表明主串从下一字符 $s_{i+1}$ 起和模式串重新开始匹配。  $i = i+1; j = 1$ ;

2. 设 $\text{next}[j] = k$ , 则 $\text{next}[j+1] = ?$

①若 $p_k = p_j$ , 则有 “ $p_1 \cdots p_{k-1} p_k$ ” = “ $p_{j-k+1} \cdots p_{j-1} p_j$ ”, 如果在

$j+1$ 发生不匹配, 说明 $\text{next}[j+1] = k+1 = \text{next}[j]+1$ 。

②若 $p_k \neq p_j$ , 可把求next值问题看成是一个模式匹配问题, 整个模式串既是主串, 又是子串。

$$\begin{array}{ccccccc}
 p_1 & p_2 & \cdots & p_{j-k+1} & \cdots & p_{j-1} & p_j & p_{j+1} & \text{next}[j]=k \\
 & & & \parallel & & \parallel & \neq & & \\
 & & & p_1 & \cdots & p_{k-1} & p_k & p_{k+1} & \text{next}[k]=k' \\
 & & & p_1 & \cdots & p_k & p_{k'+1} & & \text{next}[k']=k'' \\
 & & & p_1 & \cdots & p_{k''} & p_{k''+1} & & \text{next}[k'']=k'''
 \end{array}$$

- 若  $p_k = p_j$ ，则有 “ $p_1 \dots p_k$ ” = “ $p_{j-k'+1} \dots p_j$ ”，  
 $\text{next}[j+1] = k' + 1 = \text{next}[k] + 1 = \text{next}[\text{next}[j]] + 1$ .
- 若  $p_{k''} = p_j$ ，则有 “ $p_1 \dots p_{k''}$ ” = “ $p_{j-k''+1} \dots p_j$ ”，  
 $\text{next}[j+1] = k'' + 1 = \text{next}[k'] + 1 = \text{next}[\text{next}[k]] + 1$ .
- $\text{next}[j+1] = 1$ .

---

<b>j</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>11</b>	<b>12</b>	<b>13</b>	<b>14</b>	<b>15</b>	<b>16</b>	<b>17</b>
<b>模式串</b>	<b>a</b>	<b>b</b>	<b>c</b>	<b>a</b>	<b>a</b>	<b>b</b>	<b>b</b>	<b>c</b>	<b>a</b>	<b>b</b>	<b>c</b>	<b>a</b>	<b>a</b>	<b>b</b>	<b>d</b>	<b>a</b>	<b>b</b>
<b>next[j]</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	<b>2</b>

---

---

- **void get\_next(SString T, int &next[])**  
**{**  
    **i = 1; next[1] = 0; j = 0;**  
    **while( i < T[0]){**  
        **if(j == 0 || T[i] == T[j]){**  
            **++i; ++j;**  
            **next[i] = j;**  
        **}**  
        **else**  
            **j = next[j];**  
    **}**  
**}**

---

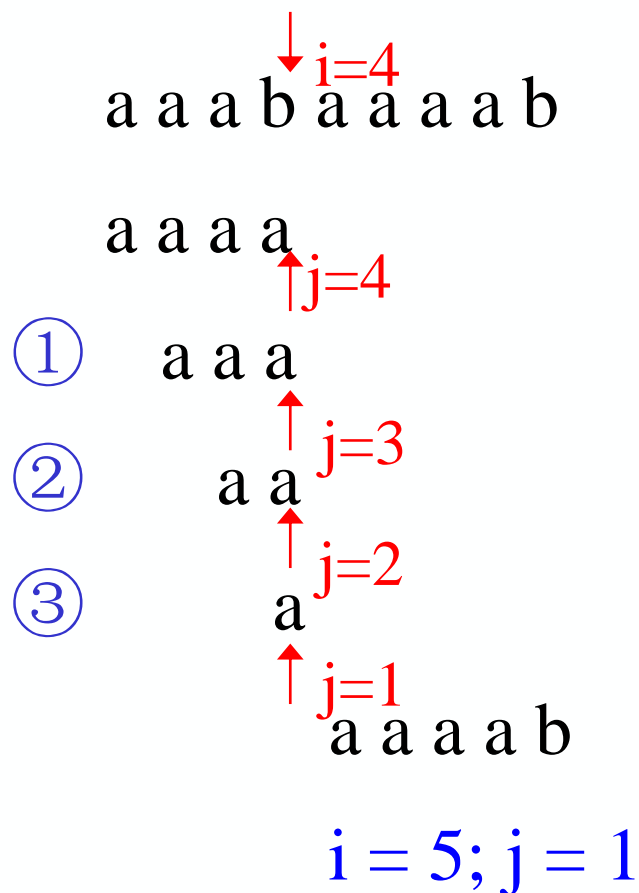
```
int Index_KMP (SString S,SString T, int pos)
{
    i= pos,j =1;
    while (i<S[0] && j<T[0]) {
        if (j==0 || S[i]==T[j]) {    i++;j++;    }
        else
            j=next[j];           /*i不变,j后退*/
    }
    if (j>T[0]) return i-T[0]; /*匹配成功*/
    else    return 0;          /*返回不匹配标志*/
}
```

## ●KMP算法的时间复杂度

设主串  $s$  的长度为  $n$ , 模式串  $t$  长度为  $m$ , 在KMP算法中求  $next$  数组的时间复杂度为  $O(m)$ , 在后面的匹配中因主串  $s$  的下标不减即不回溯, 比较次数可记为  $n$ , 所以KMP算法总的时间复杂度为  $O(n+m)$ 。



## ● next函数的改进



j	1	2	3	4	5
模式	a	a	a	a	b
next[j]	0	1	2	3	4
nextval[j]	0	0	0	0	4

$\text{next}[j] = k$ ，而 $p_j = p_k$ ，  
 则主串中 $s_i$ 和 $p_j$ 不等时，  
 不需再和 $p_k$ 进行比较，  
 而直接和 $p_{\text{next}[k]}$ 进行比较。

---

<b>j</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>11</b>	<b>12</b>	<b>13</b>	<b>14</b>	<b>15</b>	<b>16</b>	<b>17</b>
<b>模式串</b>	<b>a</b>	<b>b</b>	<b>c</b>	<b>a</b>	<b>a</b>	<b>b</b>	<b>b</b>	<b>c</b>	<b>a</b>	<b>b</b>	<b>c</b>	<b>a</b>	<b>a</b>	<b>b</b>	<b>d</b>	<b>a</b>	<b>b</b>
<b>next[j]</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	<b>2</b>
<b>nextval[j]</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>7</b>	<b>0</b>	<b>1</b>

---

---

```
● void get_nextval(SString T, int &nextval[])
{
    i= 1; nextval[1] = 0; j = 0;
    while( i<T[0]){
        if(j==0 || T[i] == T[j]){
            ++i; ++j;
            if(T[i] != T[j]) nextval[i] = j;
            else nextval[i] = nextval[j];
        }
        else j = nextval[j];
    }
}
```

next[i] = j;

## 4.4 数组



数组是由一组个数固定，类型相同的数据元素组成的阵列。

一维数组：线性表中的数据元素为非结构的简单元素。  
是定长的线性表。

以二维数组为例：

二维数组中的每个元素都受两个线性关系的约束，即行关系和列关系。

在每个关系中，每个元素都有且仅有一个直接前驱，有且只有一个直接后继。

# 数组的抽象数据类型

ADT Array {

数据对象:

$$j_i = 0, \dots, b_i - 1, i = 1, 2, \dots, n$$

$$D = \{a_{j_1 j_2 \dots j_n} \mid a_{j_1 j_2 \dots j_n} \in ElemSet\}$$

数据关系:

$$R_1 = \{ \langle a_{j_1 \dots j_i \dots j_n}, a_{j_1 \dots j_i + 1 \dots j_n} \rangle \mid$$

$$0 \leq j_k \leq b_k - 1, 1 \leq k \leq n, \text{ 且 } k \neq i,$$

$$0 \leq j_i \leq b_i - 2,$$

$$a_{j_1 \dots j_i \dots j_n}, a_{j_1 \dots j_i + 1 \dots j_n} \in D, i = 2, \dots, n \}$$

## 基本操作:

**(1) InitArray (&A,n,bound1, ...boundn)**

//构造数组A

**(2) DestroyArray (&A)**

// 销毁数组A

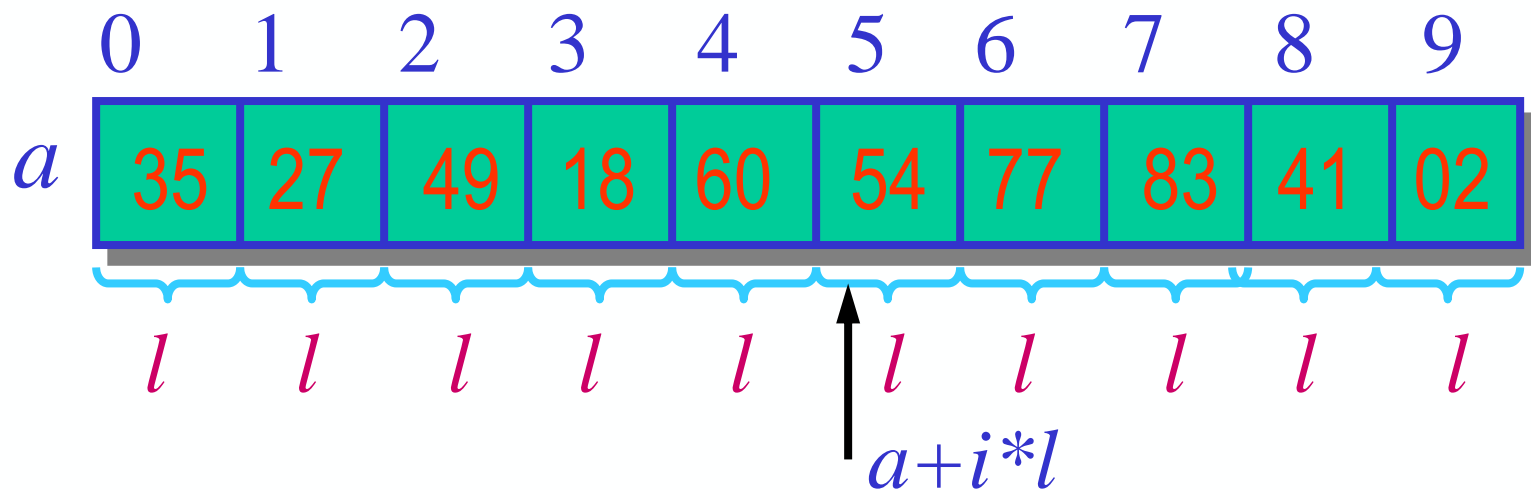
**(3) Value(A,&e,index1,...,indexn)** //取数组元素值

**(4) Assign (A,&e,index1,...,indexn)** //给数组元素赋值

}ADT Array

# 一维数组

$$\text{LOC}(i) = \begin{cases} a, & i = 0 \\ \text{LOC}(i-1) + l = a + i * l, & i > 0 \end{cases}$$



$$\text{LOC}(i) = \text{LOC}(i-1) + l = a + i * l$$

# 二维数组

$$A = (\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_p) \quad (p = m \text{ 或 } n)$$

$$\alpha_i = (a_{i1}, a_{i2}, \dots, a_{in}) \quad 1 \leq i \leq m$$

$$\alpha_j = (a_{1j}, a_{2j}, \dots, a_{mj}) \quad 1 \leq j \leq n$$

$$A_{m \times n} = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \cdots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \cdots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & & \vdots \\ a_{m1} & a_{m2} & \cdots & a_{mn} \end{bmatrix}$$

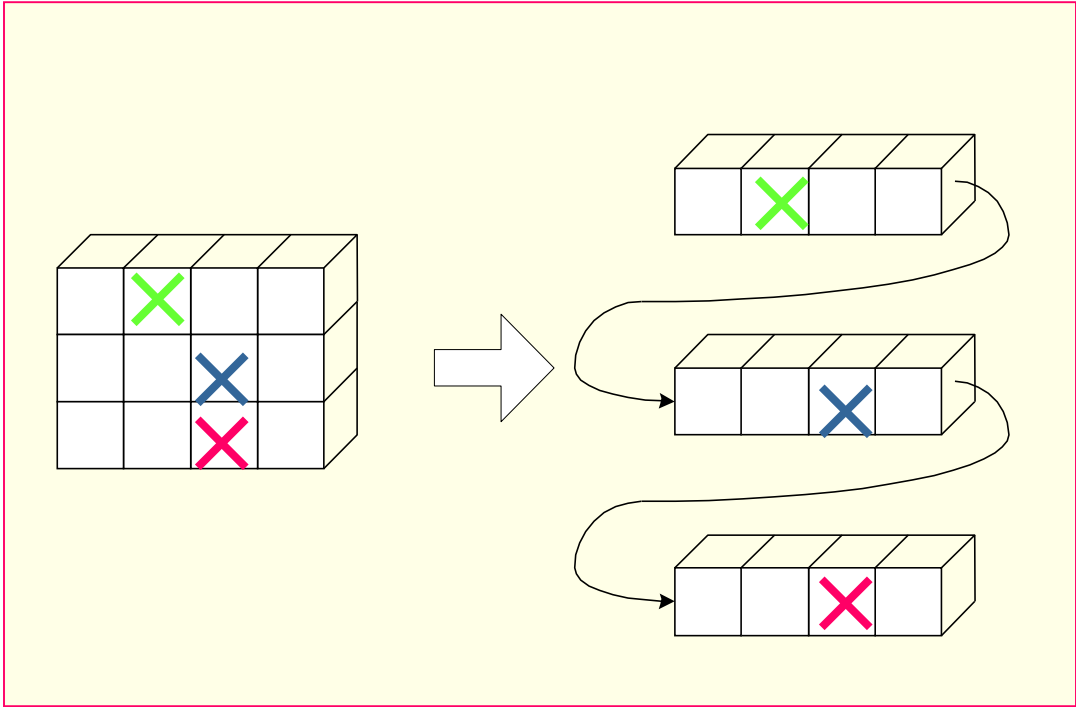
$$A_{m \times n} = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \cdots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \cdots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & & \vdots \\ a_{m1} & a_{m2} & \cdots & a_{mn} \end{bmatrix}$$



# 数组的顺序存储

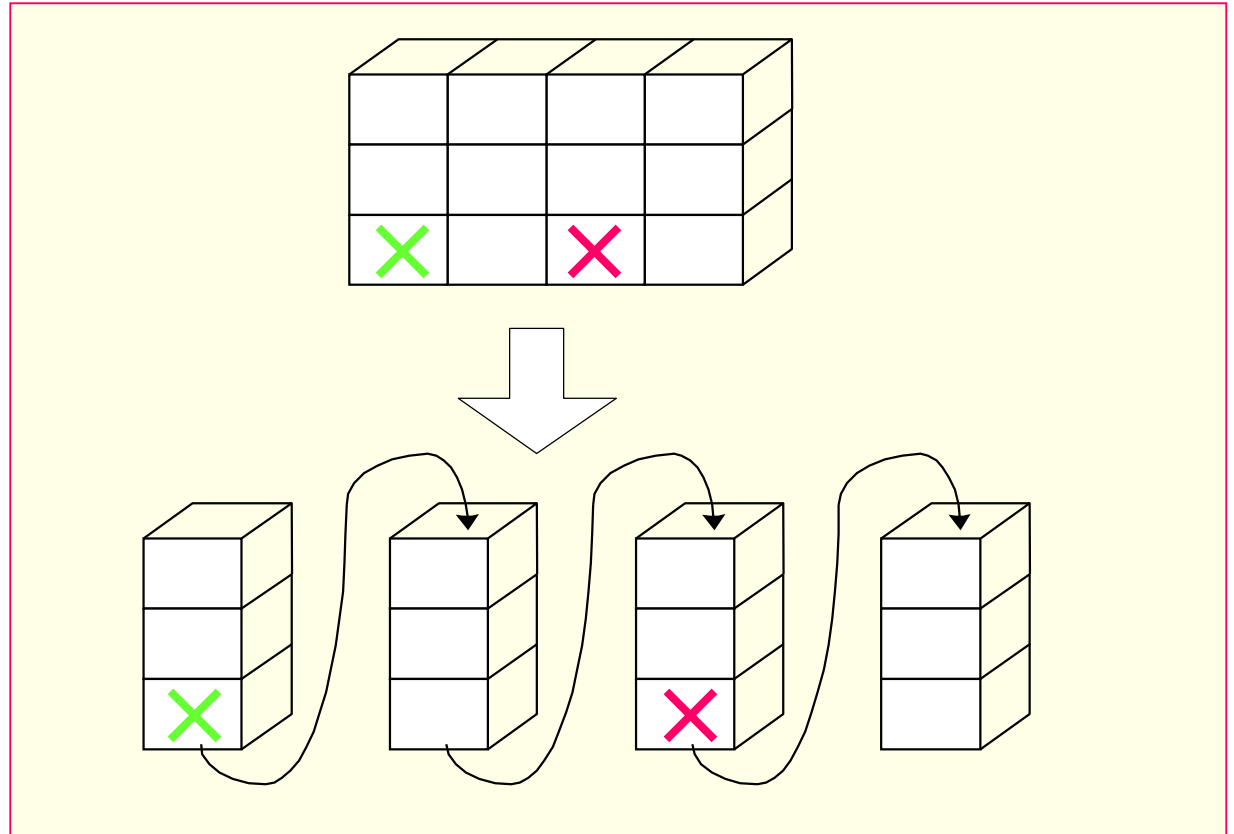
- 以行序为主序

C, PASCAL



- 以列序为主序

FORTRAN



## 二维数组的行序优先表示

$a[n][m]$

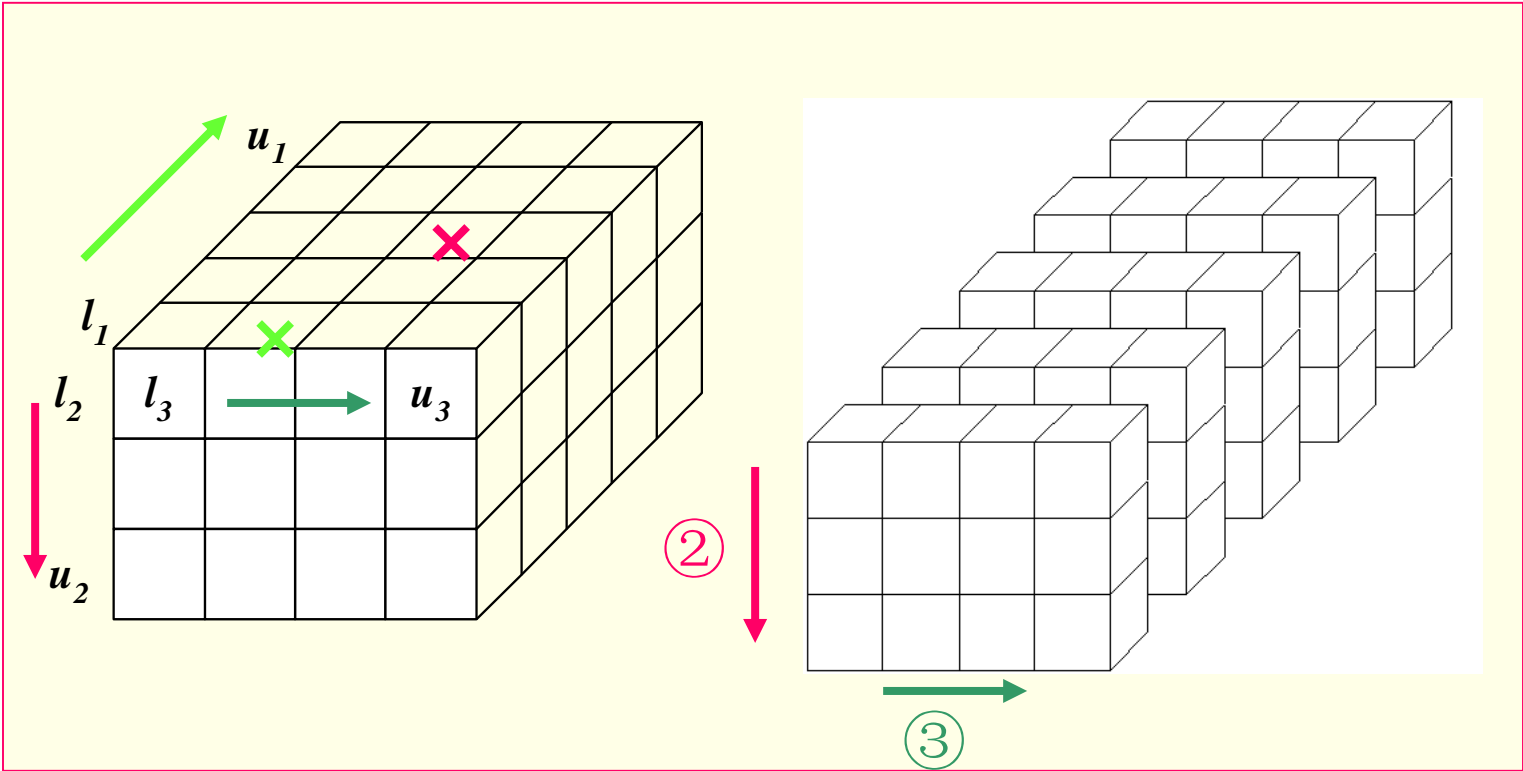
$$a = \begin{pmatrix} a[0][0] & a[0][1] & \cdots & a[0][m-1] \\ a[1][0] & a[1][1] & \cdots & a[1][m-1] \\ a[2][0] & a[2][1] & \cdots & a[2][m-1] \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a[n-1][0] & a[n-1][1] & \cdots & a[n-1][m-1] \end{pmatrix}$$

设数组开始存放位置  $\text{LOC}(0, 0) = a$

$$\text{LOC}(j, k) = a + j * m + k$$

# 三维数组

按页/行/列存放，页优先的顺序存储



# 三维数组

👉 **a[m1][m2][m3]** 各维元素个数为  $m_1, m_2, m_3$

👉 下标为  $i_1, i_2, i_3$  的数组元素的存储位置:

$$\text{LOC} ( i_1, i_2, i_3 ) = a +$$

$$\underbrace{i_1 * m_2 * m_3}_{\text{前 } i_1 \text{ 页总元素个数}} + \underbrace{i_2 * m_3}_{\text{第 } i_1 \text{ 页的前 } i_2 \text{ 行总元素个数}} + i_3$$

前  $i_1$  页总  
元素个数

第  $i_1$  页的  
前  $i_2$  行总  
元素个数

第  $i_2$  行前  $i_3$   
列元素个数

# n维数组

👉 各维元素个数为  $m_1, m_2, m_3, \dots, m_n$

👉 下标为  $i_1, i_2, i_3, \dots, i_n$  的数组元素的存储位置:

$$\begin{aligned} LOC(i_1, i_2, \dots, i_n) &= a + i_1 * m_2 * m_3 * \dots * m_n + \\ &+ i_2 * m_3 * m_4 * \dots * m_n + \dots + i_{n-1} * m_n + i_n \\ &= a + \left( \sum_{j=1}^{n-1} i_j * \prod_{k=j+1}^n m_k \right) + i_n \end{aligned}$$

$$LOC[j_1, j_2, \dots, j_n] = LOC[0, 0, \dots, 0] + \left( \sum_{i=1}^n c_i j_i \right) L$$

$$c_n = L, c_{i-1} = b_i \times c_i, \quad 1 < i \leq n$$

# 练习

设有一个二维数组 $A[m][n]$ 按行优先顺序存储，假设 $A[0][0]$ 存放位置在 $644_{(10)}$ ， $A[2][2]$ 存放位置在 $676_{(10)}$ ，每个元素占一个空间，问 $A[3][3]_{(10)}$ 存放在什么位置？脚注 $_{(10)}$ 表示用10进制表示。

设数组元素 $A[i][j]$ 存放在起始地址为 $\text{Loc}(i, j)$ 的存储单元中

$$\because \text{Loc}(2, 2) = \text{Loc}(0, 0) + 2 * n + 2 = 644 + 2 * n + 2 = 676.$$

$$\therefore n = (676 - 2 - 644) / 2 = 15$$

$$\therefore \text{Loc}(3, 3) = \text{Loc}(0, 0) + 3 * 15 + 3 = 644 + 45 + 3 = 692.$$



# 练习

设有二维数组A[10, 20]，其每个元素占两个字节，  
A[0][0]存储地址为100，若按行优先顺序存储，则元  
素A[6, 6]的存储地址为\_\_\_\_\_352\_\_\_\_\_按列优先顺序存储  
，元素A[6, 6]的存储地址为\_\_\_\_\_232\_\_\_\_\_

$$(6*20+6)*2+100=352$$

$$(6*10+6)*2+100=232$$

# 特殊矩阵的压缩存储

## 1. 什么是压缩存储？

若多个数据元素的值都相同，则只分配一个元素值的存储空间，且零元素不占存储空间。

## 2. 什么样的矩阵能够压缩？

一些特殊矩阵，如：对称矩阵，对角矩阵，三角矩阵，稀疏矩阵等。

## 3. 什么叫稀疏矩阵？

矩阵中非零元素的个数较少（一般小于5%）

## 1. 对称矩阵

**[特点]** 在 $n \times n$ 的矩阵 $a$ 中，满足如下性质：

$$a_{ij} = a_{ji} \quad (1 \leq i, j \leq n)$$

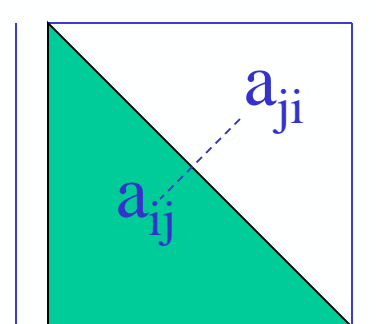
**[存储方法]** 只存储下(或者上)三角(包括主对角线)的数据元素。共占用 $n(n+1)/2$ 个元素空间。

sa	$a_{11}$	$a_{21}$	$a_{22}$	$a_{31}$		$a_{ij}(a_{ji})$		$a_{nn}$
----	----------	----------	----------	----------	--	------------------	--	----------

k    1    2    3    4

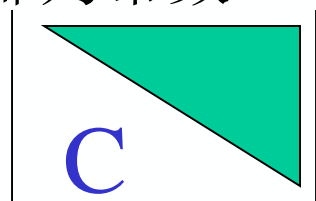
$n(n+1)/2$

$$k = \begin{cases} i(i-1)/2 + j & \text{当 } i \geq j \\ j(j-1)/2 + i & \text{当 } i < j \end{cases}$$

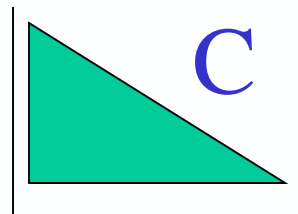


## 2. 三角矩阵

**[特点]** 对角线以下(或者以上)的数据元素(不包括对角线)全部为常数c。



上三角矩阵



下三角矩阵

**[存储方法]** 重复元素c共享一个元素存储空间，共占用  $n(n+1)/2+1$  个元素空间:  $sa[1.. n(n+1)/2+1]$

上三角矩阵

下三角矩阵

$$k = \begin{cases} (i-1) \times (2n-i+2)/2 + j - i + 1 & i \leq j \\ n(n+1)/2 + 1 & i > j \end{cases}$$

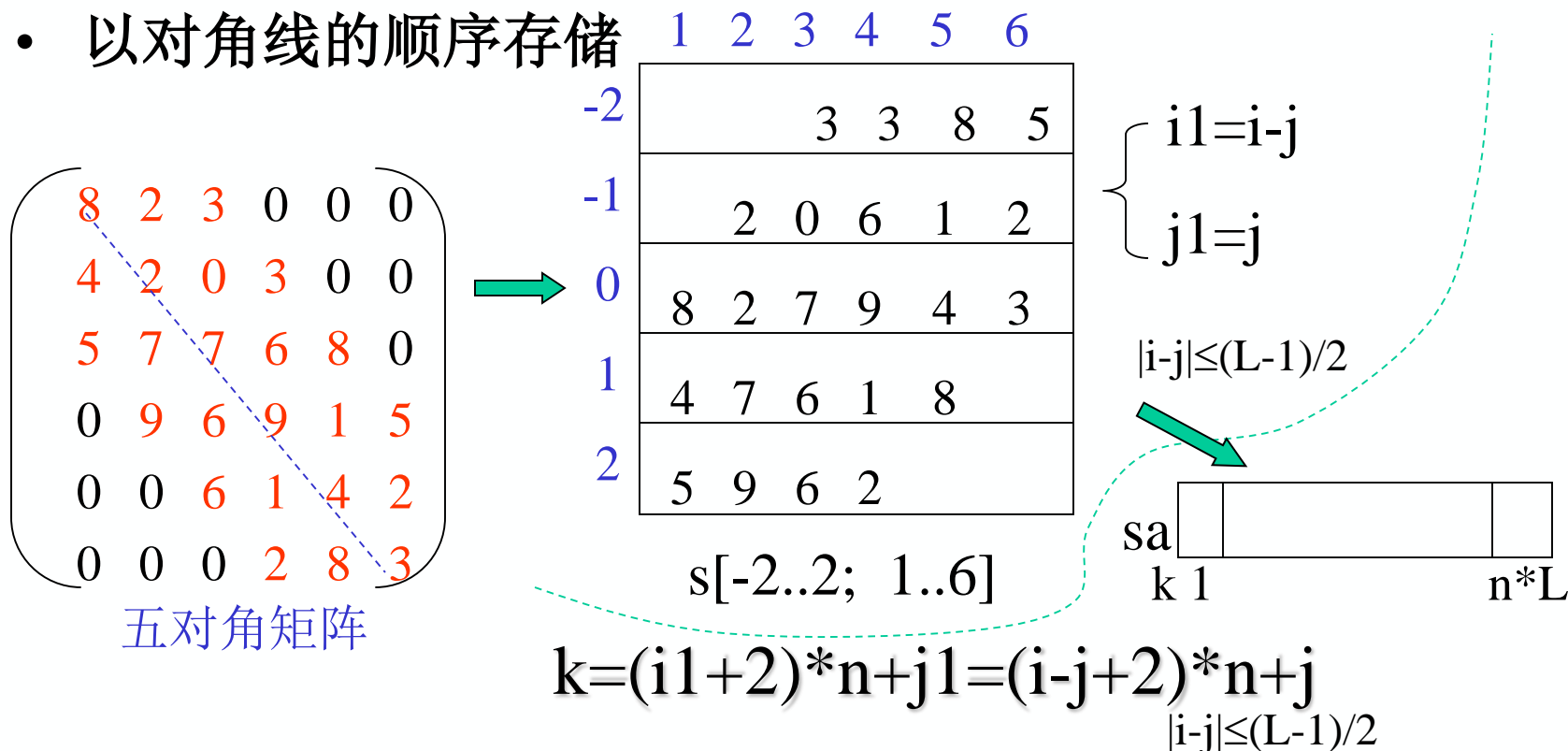
$$k = \begin{cases} i \times (i-1)/2 + j & i \geq j \\ n(n+1)/2 + 1 & i < j \end{cases}$$

### 3. 对角矩阵（带状矩阵）

**[特点]** 在 $n \times n$ 的方阵中，非零元素集中在主对角线及其两侧共 $L$ (奇数)条对角线的带状区域内 —  $L$ 对角矩阵。

**[存储方法]**

- 以对角线的顺序存储



- 只存储带状区内的元素

除首行和末行，按每行  $L$  个元素，共  $(n-2)L+(L+1)$  个元素。`sa[1..(n-1)L+1]`

$$k = (i-1)L + 1 + (j-i)$$

$$|i-j| \leq (L-1)/2$$

8	2	3	0	0	0
4	2	0	3	0	0
5	7	7	6	8	0
0	9	6	9	1	5
0	0	6	1	4	2
0	0	0	2	8	3

sa	8	2	3		4	2	0	3	5	7
k	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	7	6	8	9	6	9	1	5	6	1
	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	4	2		2	8	3				
	21	22	23	24	25	26				

# 稀疏矩阵

**[特点]** 大多数元素为零。

**[常用存储方法]** 只记录每一非零元素( $i, j, a_{ij}$ )  
节省空间，但丧失随机存取功能

- 顺序存储：三元组表
- 链式存储：十字(正交)链表

15	0	0	22	0	-15
0	11	3	0	0	0
0	0	0	-6	0	0
0	0	0	0	0	0
91	0	0	0	0	0
0	0	28	0	0	0

6×6

# 稀疏矩阵的顺序存储：三元组表

## 1、三元组顺序表

	i	j	v
0	6	6	8
1	1	2	12
2	1	3	9
3	3	1	-3
4	3	5	14
5	4	3	24
6	5	2	18
7	6	1	15
8	6	4	-7

0	12	9	0	0	0
0	0	0	0	0	0
-3	0	0	0	14	0
0	0	24	0	0	0
0	18	0	0	0	0
15	0	0	-7	0	0

注意：为更可靠描述，通常再加一个“总体”信息：即总行数、总列数、非零元素总个数。



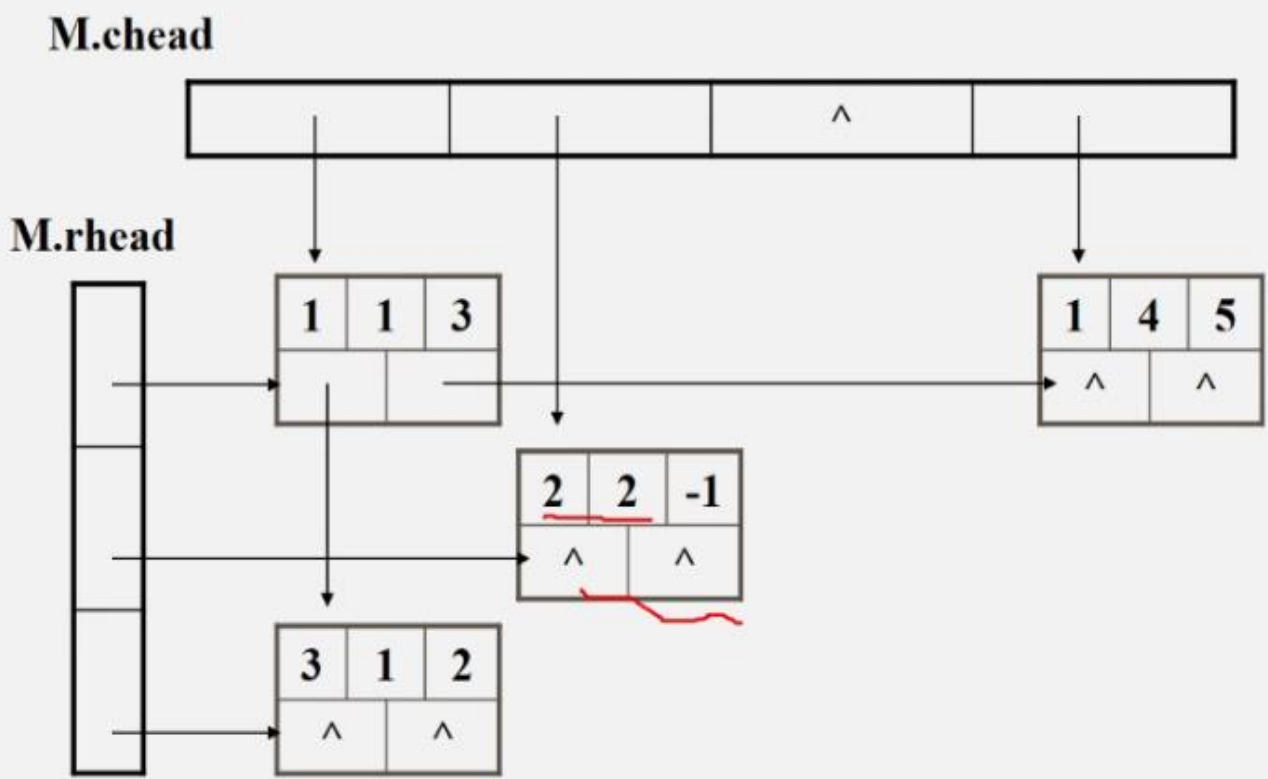
# 稀疏矩阵的链式存储：十字(正交)链表

- **优点：**它能够**灵活地插入**因运算而产生的新的非零元素，  
**删除**因运算而产生的新的零元素，实现矩阵的各种运算。
- 在十字链表中，矩阵的每一个非零元素用一个结点表示，该结点除了 (row, col, value) 以外，还要有两个域：
  - right: 用于链接同一行中的下一个非零元素；
  - down: 用以链接同一列中的下一个非零元素。
- 十字链表中结点的结构示意图：

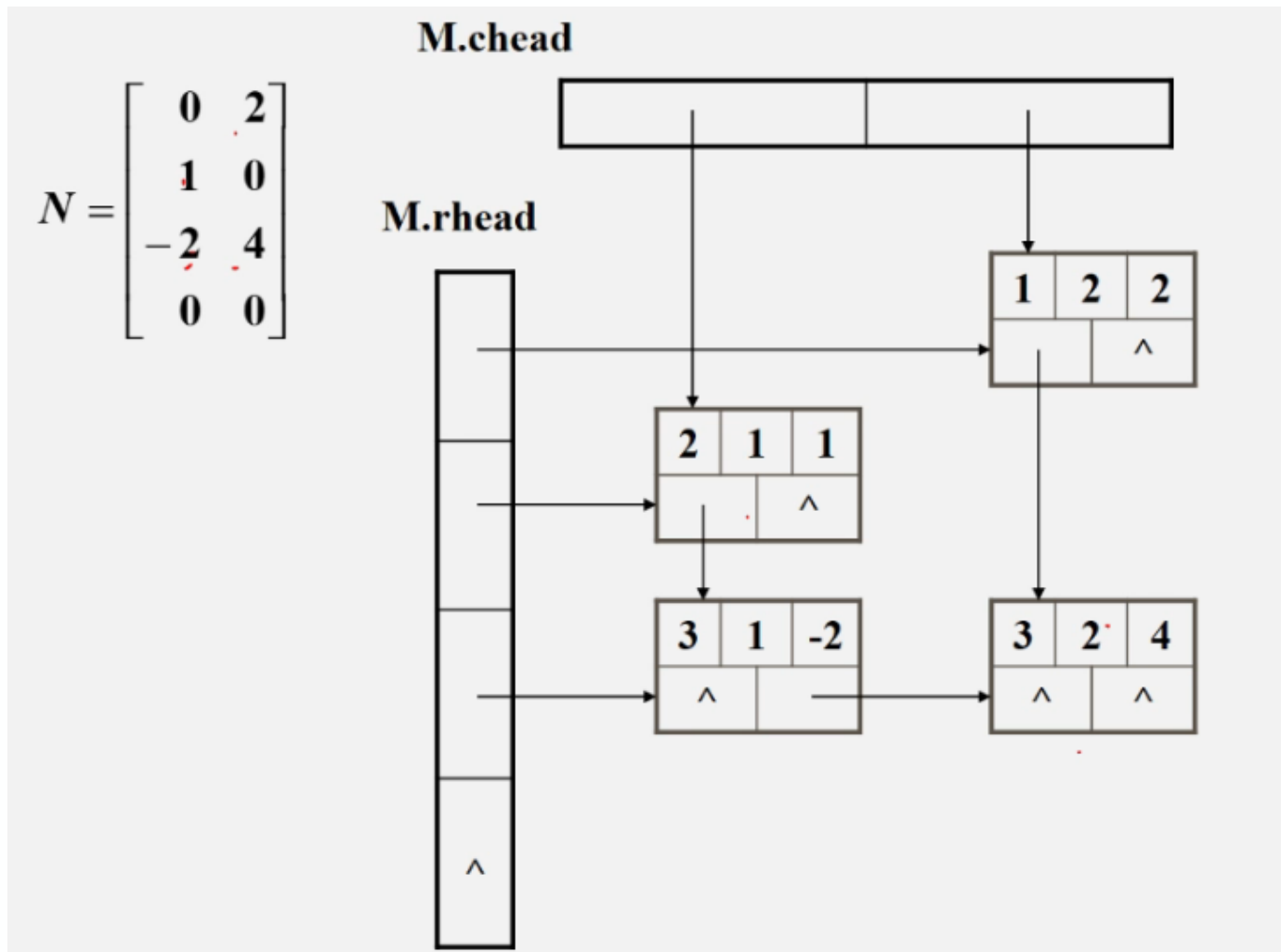
<b>row</b>	<b>col</b>	<b>value</b>
<b>down</b>		<b>right</b>

# 稀疏矩阵的链式存储：十字(正交)链表

$$M = \begin{bmatrix} 3 & 0 & 0 & 5 \\ 0 & -1 & 0 & 0 \\ 2 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$



## 稀疏矩阵的链式存储：十字(正交)链表



## 4.5 广义表



- 广义表（列表）： $n (\geq 0)$ 个表元素组成的有限序列，

记作 $LS = (a_0, a_1, a_2, \dots, a_{n-1})$

$LS$ 是表名， $a_i$ 是表元素，它可以是表（称为子表），可以是数据元素（称为原子）。

- $n$ 为表的长度。 $n = 0$ 的广义表为空表。

# 广义表与线性表的区别？

- 线性表的成分都是结构上不可分的单元素
- 广义表的成分可以是单元素，也可以是有结构的表
- 线性表是一种特殊的广义表
- 广义表不一定是线性表，也不一定是线性结构

# 广义表的基本运算

- (1) 求表头**GetHead(L)**: 非空广义表的第一个元素, 可以是一个单元素, 也可以是一个子表
- (2) 求表尾**GetTail(L)**: 非空广义表除去表头元素以外其它元素所构成的表。表尾一定是一个表

# 广义表的基本运算

- (1)  $A=()$  空表, 长度为0
- (2)  $B=(( ))$  长度为1, 表头、表尾均为 $()$ 。
- (3)  $C=(a,(b,c))$  长度为2, 由原子 $a$ 和子表 $(b,c)$ 构成。  
表头为 $a$ ; 表尾为 $((b,c))$ 。
- (4)  $E=(C,D)$  长度为2, 每一项都是子表。  
表头为 $C$ ; 表尾为 $(D)$ 。

# 练习

$A = ()$



GetHead和GetTail均无定义

$A = (a, b)$



$\text{GetHead}(A) = a$      $\text{GetTail}(A) = (b)$

$A = (a)$



$\text{GetHead}(A) = a$      $\text{GetTail}(A) = ()$

$A = ((a))$



$\text{GetHead}(A) = (a)$      $\text{GetTail}(A) = ()$



# 广义表的特点

- 有次序性:一个直接前驱和一个直接后继
- 有长度=表中元素个数（最外层所包含元素的个数）
- 有深度=表展开后所含括号的层数；
- 可递归:自己可以作为自己的子表
- 可共享可以为其他广义表所共享

# 练习：求下列广义表的长度

- 1)  $A = ()$   $n=0$ , 因为A是空表
- 2)  $B = (e)$   $n=1$ , 表中元素e是原子
- 3)  $C = (a, (b, c, d))$   $n=2$ , a 为原子, (b,c,d)为子表
- 4)  $D = (A, B, C)$   $n=3$ , 3个元素都是子表
- 5)  $E = (a, E)$   $n=2$ , a 为原子, E为子表

$D = (A, B, C) = (( ), (e), (a, (b, c, d)))$ , 共享表

$E = (a, E) = (a, (a, E)) = (a, (a, (a, \dots)))$ , E为递归表

## 4.6 案例分析与实现



### 案例4.1：病毒感染检测

#### 【案例分析】

- 因为患者的DNA和病毒DNA均是由一些字母组成的字符串序列，要检测某种病毒DNA序列是否在患者的DNA序列中出现过，实际上就是字符串的模式匹配问题。
- 可以利用BF算法，也可以利用更高效的KMP算法。
- 但与一般的模式匹配问题不同的是，此案例中病毒的DNA序列是环状的。
- 这样需要对传统的BF算法或KMP算法进行改进。

## 【案例实现】

- 对于每一个待检测的任务，假设病毒DNA序列的长度是 $m$ ，因为病毒DNA序列是环状的，为了线性取到每个可行的长度为 $m$ 的模式串，可将存储病毒DNA序列的字符串长度扩大为 $2m$ ，将病毒DNA序列连续存储两次。
- 然后循环 $m$ 次，依次取得每个长度为 $m$ 的环状字符串，将此字符串作为模式串，将人的DNA序列作为主串，调用BF算法进行模式匹配。
- 只要匹配成功，即可中止循环，表明该人感染了对应的病毒；否则，循环 $m$ 次结束循环时，可通过BF算法的返回值判断该人是否感染了对应的病毒。

## 【算法步骤】

- ① 从文件中读取待检测的任务数  $num$ 。
- ② 根据  $num$  个数依次检测每对病毒DNA和人的DNA是否匹配，循环  $num$  次，执行以下操作：
  - 从文件中分别读取一对病毒DNA序列和人的DNA序列；
  - 设置标志性变量  $flag$ ，用来标识是否匹配成功，初始为0，表示未匹配；
  - 病毒DNA序列的长度是  $m$ ，将存储病毒DNA序列的字符串长度扩大为  $2m$ ，将病毒DNA序列连续存储两次；
  - 循环  $m$  次，重复执行以下操作：
    - 依次取得每个长度为  $m$  的病毒DNA环状字符串；
    - 将此字符串作为模式串，将人的DNA序列作为主串，调用BF算法进行模式匹配，将匹配结果返回赋值给  $flag$ ；
    - 若  $flag$  非0，表示匹配成功，中止循环，表明该人感染了对应的病毒。
  - 退出循环时，判断  $flag$  的值，若  $flag$  非0，输出“YES”，否则，输出“NO”。

1. 了解串的存储方法，理解串的两种模式匹配算法，重点掌握**BF算法**。
2. 明确数组和广义表这两种数据结构的特点，掌握**数组地址计算方法**，了解几种特殊矩阵的压缩存储方法。
3. 掌握广义表的定义、性质及其**GetHead**和**GetTail**的操作。