

2016 年《程序设计导论》课程期中测试

注意事项

1. 本次测试的时间为 120 分钟；编程结果采用机器自动评测。
2. 本次测试共 5 题，第 1、2 题各 25 分，第 3、4 题各 20 分，第 5 题 10 分。
3. 提交到在线评测系统中的程序均采用标准输入和标准输出（键盘输入和屏幕输出）。
4. 程序设计语言选用 C 或 C++。
5. 所有题目的时间限制均为 1s。

一、分段函数

【问题描述】

已知有如下分段离散函数 $f(x)$ ，其中自变量 x 为 $[-1000, 1000]$ 之间的实数。

$$f(x) = \begin{cases} 2x + 2 & x \in [-1, 0); \\ -\frac{1}{2}x & x \in (0, 2); \\ 3 & x \in [2, +\infty); \end{cases}$$

请编写一个程序计算函数 $f(x)$ 的值。注意，当函数值有小数时保留 5 位小数；否则不保留小数，函数无解时输出字符串“unsolvable”。

【输入格式】

输入一个整数 x 。

【输出格式】

输出一行，或者为一个整数，或者一个保留 5 位小数的实数，或者为字符串“unsolvable”。

【样例输入 1】

0.456789

【样例输出 1】

-0.22839

【样例输入 2】

-1.2345

【样例输出 2】

unsolvable

【注意】

浮点数计算过程中请使用 double 类型。

二、统计元音字母频率

【问题描述】

输入一段英文，统计其中每个元音字母出现的频率。英文由字母、标点符号和空格构成。元音字母为 a、e、i、o、u。频率为一个元音字母点整全部字符的百分比。

【输入格式】

一行英文，长度为 1 到 100 个字符，以回车结束。

【输出格式】

输出一行，依次为 a、e、i、o、u 出现的频率值，频率值保留小数点后 1 位，数据之间由逗号分隔。

【样例输入】

You are the most beautiful sight I have ever seen.

【样例输出】

6.0%,16.0%,6.0%,4.0%,6.0%

【注意】

浮点数计算过程中请使用 double 类型。

三、重复元素

【问题描述】

统计数列有重复的元素及其个数。已知有不超**短整型**数值范围的 n 个数 ($n \leq 1000$)，请查找统计有重复的数列项，按行从小到大输出有重复的项及其重复次数。

【输入格式】

两行，第一行表示数列元素的个数 n ；第二行为该数列的元素，以空格分隔。

【输出格式】

若干行，每行两个数，冒号分隔，分别为有重复的数项值及其重复的次数。输出顺序由数列项的值确定。

若数列中没有重复项，则输出 NO。

【样例输入 1】

10
36 30 68 38 2 30 36 30 68 30

【样例输出 1】

30:4
36:2
68:2

【样例输入 2】

5
36 30 68 38 2

【样例输出 2】

NO

【注意】

数列的值不超出短整型数值范围。

四、数列求和

【问题描述】

十六进制数列累加求和。该数列有如下特征：

- 1) 每个数项的长度固定，即数字的个数不变；
- 2) 每个数从高位开始，每位上的数字依次递增，达到该进制的最大编码数字后，重新开始，比如 7 位 16 进制数 DEF0123；
- 3) 数列前一项的第 2 位数字是其后一项的第 1 位数字，直到最后一项的第 1 位数字是该进制的最大编码。因此整个数列由第一个数的最高位数字和数的长度即可决定。比如 4 位 16 进制数列：9ABC, ABCD, BCDE, CDEF, DEF0, EF01, F012

【输入格式】

一行，2 个数据，空格分隔。分别表示第 1 个数的最高位编码和数项的长度。

【输出格式】

数列累加求和结果的十进制数。

【样例输入 1】

9 4

【样例输出 1】

364377

上述样例的解释如下：输入为“9 4”，表示数项长度为 4，且第一项最高位数字为 9，又根据题意知道最后一项的最高位是 16 进制的最大编码 F，所以数列为 9ABC, ABCD, BCDE, CDEF, DEF0, EF01, F012。将上述数列累加求和，得到了十进制数 364377。

五、碱基串排序

【题目描述】

脱氧核糖核酸（DNA）是由以下四种碱基组成的双螺旋结构：A(ADENINE 腺嘌呤)、T(THYMINE 胸腺嘧啶)、G(GUANINE 鸟嘌呤)、C(CYTOSINE 胞嘧啶)。现给定 N 个长度相同的碱基串（注意：串由多个有序的碱基组成，每个碱基只能为 ACGT 中的一个），请你对它们按用户指定的优先次序进行排序。

【输入格式】

- 1) 第 1 行为一个正整数 N，表示需要排序的碱基串的个数。
- 2) 第 2 行为用户指定的排序规则，共包含 4 个字符，为 A、C、G、T 四个碱基的一个全排列，表示单个碱基的优先次序，出现的越靠前则越优先。根据单个碱基的优先次序，按照如下规则比较两个碱基串 a 与 b：从 a 和 b 的第一个碱基开始比较，如果前者比后者优先，则 a 比 b 优先；如果后者比前者优先，则 b 比 a 优先；如果二者相等，则比较后一个碱基进行判断，以此类推。
- 3) 接下来 N 行，每行一个碱基串。注意每个碱基串长度相同。

【输出格式】

共输出 N 行，每行一个碱基串，按照用户指定的优先规则排好顺序。

【输入样例 1】

4
ACGT
T
G
C
A

【输出样例 1】

A
C
G
T

【输入样例 2】

5
TGCA
AAT
CAA
AGT
AGG
ACA

【输出样例 2】

CAA
AGT
AGG
ACA
AAT

【注意】

对于所有数据，碱基串的个数 $N \leq 1000$ ，每个碱基串的长度 ≤ 20 。