NO ME QUEDO CLARO EL ENUNCIADO ASI QUE HICE 2 VERSIONES

VERSION 1

.

ESTA PRIMERA PIDE UN NÚMERO Y CUENTA CUANDO HACE LOS CÁLCULOS CUANTAS VECES HIZO MATCH Y CUANTAS NO PARA CADA ITERACION.

1) ACA ME ENTRO LA DUDA, SI QUIERO CONTAR CUANTAS VECES ENCONTRO UN NUMERO QUE ESTA REPETIDO NO SE COMO SE HACE. PORQUE TENE 3 VERSIONES QUE EL NUMERO QUE ENCONTRAS ESTE EN EL MEDIO ESTE A LA IZQUIERDA O ESTE A LA DERECHA Y TENDRIAS QUE HACER UN IF POR VEZ. --

2) PENSE TAMBIEN EL TEMA DE QUE PASA CUANDO ES MENOR

TAMBIÉN LE PUSE UN IMPRIMIR POS PARA SABER QUE POSICIONES FUE TOMANDO MIENTRAS RECORRÍA EL CODIGO

| program busquedadicotomica; //---------------------------- DECLARACIONES -------------------------------------------------  const dimf=10; type vector=array[1..dimf] of integer;   //---------------------------- MODULOS -------------------------------------------------  procedure cargavector(var v:vector); var i:integer; begin for i:=1 to dimf do begin v[i]:=random(100); end; end; //--------------------------------------------------------------------------------------- procedure ordenarxsel(var v: vector); var   i, j, p: integer;  temp: integer; begin  for i := 1 to dimf - 1 do   begin  p := i;  for j := (i + 1) to dimf do   begin  if v[j] < v[p] then   begin  p := j;  end;  end;  // Intercambio de v[i] con v[p] si es necesario  if p <> i then   begin  temp := v[i];  v[i] := v[p];  v[p] := temp;  end;  end; end; //---------------------------------------------------------------------------------------  procedure busquedadicotomica(v: vector;valor:integer; min, max: integer; var encontre, noencontre: integer); var  pos: integer; begin  if min > max then  else  begin  pos := (min + max) div 2;  writeln(pos);  if v[pos] = valor then  begin  encontre := encontre + 1; // Se encontró el valor  end  else  begin  noencontre := noencontre + 1; // No se encontró el valor  if valor < v[pos] then  busquedadicotomica(v, valor, min, pos - 1, encontre, noencontre) // Buscar en la mitad izquierda    else  busquedadicotomica(v, valor, pos + 1, max, encontre, noencontre); // Buscar en la mitad derecha  end;  end; end;  //----------------------------------------------------------------------------------------------------   procedure imprimir (v:vector); var i:integer; begin for i:=1 to dimf do begin writeln(v[i]); end; end; //---------------------------- PROGRAMA -------------------------------------------------  var valor:integer; v:vector; encontre:integer; noencontre:integer; begin cargavector(v); ordenarxsel(v); imprimir(v);  // BUSQUEDA  writeln('Ingrese el valor a buscar'); readln(valor); encontre:=0; noencontre:=0;  busquedadicotomica(v,valor,1,dimf,encontre,noencontre); writeln('encontre: ',encontre); writeln('no encontre: ',noencontre);  end. |
| --- |

VERSION 2

ACA CARGO OTRO VECTOR AL AZAR E IMPRIMO CUANTOS ENCONTRE Y CUÁNTOS NO Y CUÁLES

| program busquedadicotomica; //----------------------------------- DECLARACIONES ----------------------------------------  const dimf=100; type vector=array[1..dimf] of integer;  //----------------------------------- MODELO ---------------------------------------- procedure cargavector(var v:vector); var i:integer; begin for i:=1 to dimf do begin v[i]:=random(100); end; end; //-----------------------------------------------------------------------------  procedure ordenarxsel(var v:vector); var  i,j,p:integer; elemento:integer; begin for i:=1 to dimf-1 do  begin  p:=i; for j:=(i+1) to dimf do begin if (v[j] < v[p]) then begin p:=j; elemento:=v[p]; v[p]:=v[i]; v[i]:=elemento; end; end; end; end; //----------------------------------------------------------------------------- function busquedadicotomica(v:vector;valor,min,max:integer):integer; var medio:integer; begin if min > max then  busquedadicotomica:=-1   else  begin   medio:=(min+max)div 2;  if v[medio]=valor then   busquedadicotomica:=medio   else   if valor<v[medio] then   busquedadicotomica:= busquedadicotomica(v,valor,min,medio-1)   else  busquedadicotomica:=busquedadicotomica(v,valor,medio+1,max);  end;  end;   //----------------------------------------------------------------------------- procedure imprimir (v:vector); var i:integer; begin for i:=1 to dimf do begin write('pos: ',i,' valor ',v[i]); writeln(); end; end; //----------------------------------------------------------------------------- var  v,v2:vector; encontre:integer; contsi,contno:integer; i:integer; begin randomize; cargavector(v); ordenarxsel(v); writeln('--------------------- VECTOR 1 ---------------------');  imprimir(v);   // tarea 2  cargavector(v2); writeln('--------------------- VECTOR 2 ---------------------');  imprimir(v2); contsi:=0; contno:=0;  // BUSCO VALORES V2 EN V1 writeln('--------------------- VALORES ENCONTRADOS ---------------------');  for i:=1 to dimf do begin encontre:=busquedadicotomica(v,v2[i],1,dimf); if encontre=-1 then  begin contno:=contno+1; // ACA HAGO LAS CUENTAS SI NO ENCONTRO end else begin writeln(v2[i],' Esta en pos ',encontre); contsi:=contsi +1;// / ACA HAGO LAS CUENTAS SI ENCONTRO end end;  writeln('--------------------- RESULTADOS TOTALES ---------------------'); writeln('Encontre= ',contsi); writeln('NO Encontre= ',contno); end. |
| --- |