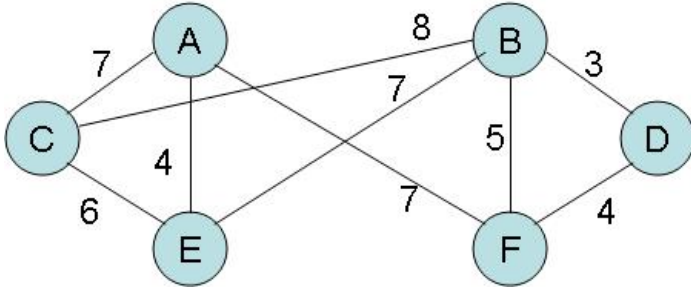


تمرین‌های فصل ۳ (برنامه نویسی پویا)

۱- گراف روبرو را در نظر بگیرید. با اجرای الگوریتم فلوید (کوتاهترین مسیر)، ماتریس‌های D و P را بنویسید.



۲- یک دور همیلتونی با هزینه مینیمم برای ماتریس همجواری زیر به دست آورید..

$$\begin{bmatrix} 0 & 14 & 4 & 10 & 20 \\ 14 & 0 & 7 & 8 & 7 \\ 4 & 5 & 0 & 7 & 16 \\ 11 & 7 & 9 & 0 & 2 \\ 18 & 7 & 17 & 4 & 0 \end{bmatrix}$$

۳- مرحله D^4 را از روی ماتریس داده شده بیابید (الگوریتم فلوید)

$$D^3 = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 4 & 1 & 5 \\ 9 & 0 & 3 & 2 & 14 \\ \infty & \infty & 0 & 4 & \infty \\ \infty & \infty & 2 & 0 & 3 \\ 3 & 4 & 7 & 4 & 0 \end{bmatrix}$$

۴- درخت جستجوی بهینه را برای آرایه زیر بیابید (تعداد تکرار هر عنصر داده شده است).

$$(A,12),(B,7),(I,18),(M,11),(S,9)(X,5),(Z,2)$$

۵- در مسئله ضرب زنجیره‌ای ماتریس‌ها، ۶ ماتریس زیر و آرایه‌های M و P در مراحل پایانی الگوریتم ارائه شده‌اند. هر دو آرایه را تکمیل نمایید، ترتیب بهینه برای ضرب این ماتریس‌ها و تعداد ضرب‌های لازم در ترتیب بهینه را مشخص کنید.

ابعاد	ماتریس
5×10	A_1
10×15	A_2
15×5	A_3
5×25	A_4
25×10	A_5
10×10	A_6

	1	2	3	4	5	6
1	0	750	1000	1625	2500	
2		0	750	2000	2500	3000
3			0	1875	2000	2500
4				0	1250	1750
5					0	2500
6						0

	1	2	3	4	5	6
1	1	1	1	3	3	
2		2	2	3	3	3
3			3	3	3	3
4				4	4	5
5					5	5
6						6

M

P

۶- تعداد ضرب‌های ممکن برای ضرب n ماتریس را حساب کنید
 ۷- نشان دهید که تعداد درخت‌های جست و جو دودویی با n کلید توسط فرمول زیر به دست می‌آید.

$$\frac{1}{(n+1)} \binom{2n}{n}$$

۸- در برخی از کاربردهای بیولوژیکی اغلب نیاز به مقایسه DNA چند ارگانیسم مختلف است یک رشته DNA متشکل از زنجیره‌ای از مولکول‌های پایه است که با A, G, C و T نشان داده می‌شود. بنابراین DNA یک ارگانیسم می‌تواند به صورت

$S1 = \text{ACCGGTCGAGTGCGCGGAAGCCGGCCGAA}$

و DNA یک ارگانیسم دیگر می‌تواند به صورت

$S2 = \text{GTCGTTCGGAATGCCGTTGCTCTGTAA}$

باشد. یکی از اهداف مقایسه دو رشته DNA تعیین میزان همانندی آنهاست. یکی از روش‌های اندازه‌گیری این همانندی برای دو رشته $S1$ و $S2$ پیدا کردن رشته سومی مثل $S3$ است که مولکول‌های پایه آن هم در $S1$ و هم در $S2$ ظاهر شده باشد. هر چند این مولکول‌ها باید به همان ترتیب ظاهر شده در $S1$ و $S2$ باشند. اما الزامی برای متوالی ظاهر شدن آنها نیست. هر چه اندازه طول رشته پیدا شده $S3$ بیشتر باشد. همانندی بین دو رشته بیشتر است. در مثال آرایه شده طولانی‌ترین زیر رشته

S3 پیدا شده برابر

$S3 = \text{GTCGTCGGAAGCCGGCCGAA}$

است. این مفهوم همانندی را می توان به صورت طولانی ترین زیر سری مشترک مطرح کرد. الگوریتمی بنویسید که آن را بیابد.

۹- رشته $X = \text{aabab}$ را با استفاده از یک سری از اعمال ویرایشی درج، حذف و تغییر به رشته $Y = \text{babb}$ تبدیل کنید. هزینه هر عمل درج یا حذف یک و هر عمل تغییر دو است. الگوریتمی بنویسید که این کار را با کمترین هزینه بیابد.