

## Corso di programmazione 2010-2011

Terza esercitazione per casa: assegnata il 4 febbraio 2011

Consegna il 10 febbraio entro le 10 di mattina, con il comando: **consegna settimana3**

**Le 2 funzioni richieste devono essere corredate da pre- e postcondizione ed ogni ciclo deve avere il suo invariante. Per ogni funzione si deve delineare una dimostrazione di correttezza.**

**Introduzione:** in C e C++ un array a 3 dimensioni viene immagazzinato in memoria come una sequenza contigua di strati a 2 dimensioni che a loro volta sono immagazzinati come sequenze contigue di array a 1 dimensione che sono sequenze di elementi. Questa allocazione definisce quindi un ordine tra gli elementi di A. Nel seguito, quando facciamo riferimento ai primi n elementi di un array, intendiamo i primi n elementi rispetto a questo ordine.

1) Si chiede di scrivere una funzione `bool F(int A[][8][9], int B[][8][9], int limite1, int n_ele)`, con  $n\_ele > 0$ . Si deve assumere che i parametri di F soddisfino le seguenti condizioni: A e B hanno `limite1` strati, inoltre  $limite1 * 5 * 10 \geq n\_ele$  ed i primi  $n\_ele$  elementi di A e di B sono definiti mentre gli eventuali altri elementi sono indefiniti. Questa condizione va espressa nella precondizione.

F deve restituire `true` se A ha uno strato identico ad uno strato di B e `false` altrimenti.

**Spiegazione:** Diremo che 2 strati sono identici quando ogni riga del primo è identica alla corrispondente riga del secondo e 2 righe sono identiche se sono la stessa sequenza di valori. E' necessario fare attenzione al fatto che devono essere considerati solo gli elementi definiti dei 2 array. Visto che solo i primi  $n\_ele$  elementi dei 2 array vanno considerati, in generale, i 2 array A e B saranno costituiti da alcuni strati completamente pieni di elementi definiti seguiti da uno strato solo parzialmente riempito<sup>1</sup>. Ovviamente questo strato finale di A può essere uguale solo all'analogo strato finale di B, mentre uno strato pieno di A può essere identico a qualsiasi strato pieno di B.

2) A lezione abbiamo visto che un array con qualsiasi numero di dimensioni può essere visto e percorso come fosse un array ad una sola dimensione grazie all'allocazione contigua degli array garantita dal C e C++. In questa visione, dato un array `A[lim1][lim2][lim3][lim4]`, chiameremo sottosequenza di A che inizia in  $(i,j,k,h)$  una sequenza di elementi di A che inizia con l'elemento `A[i][j][k][h]` e continua con alcuni elementi di A immediatamente successivi a `A[i][j][k][h]`. Una sottosequenza ha lunghezza pari al numero dei suoi elementi. La quadrupla  $(i,j,k,h)$  è detta punto di partenza della sottosequenza.

Si chiede di scrivere una funzione `void G(int * A, int * B, int lim1, int lim2, int lim3, int lim4, int &i, int &j, int &k, int &h, int &lung)` per cui si deve assumere che: A e B puntano al primo elemento di un array a 4 dimensioni e con limiti `lim1`, `lim2`, `lim3` e `lim4` e che tutti gli elementi dei 2 array sono definiti.

G deve calcolare la quadrupla  $(i,j,k,h)$  che individua il punto di partenza a partire dal quale iniziano sottosequenze di A e B che sono identiche tra loro e che hanno lunghezza massima tra tutte le sottosequenze identiche di A e di B che iniziano in uno stesso punto di partenza. Il punto di partenza va restituito attraverso i 4 parametri `i`, `j`, `k` e `h` passati per riferimento, mentre `lung` sarà la lunghezza della

---

<sup>1</sup> Si deve prestare attenzione al fatto che l'ultimo strato con elementi definiti, potrebbe essere anche completamente pieno di elementi definiti.

sottosequenza trovata. Qualora non ci fosse alcun punto di partenza a partire dal quale A e B abbiano sottosequenze identiche, allora il parametro lung dovrebbe assumere valore 0 (mentre i valori di i,j,k e h possono essere qualsiasi). Ci fossero vari punti di partenza da cui iniziano sottosequenze di A e di B con lunghezza uguale tra loro e maggiore di tutte le altre, G dovrà restituire il primo punto di partenza<sup>2</sup> tra quelli che danno sottosequenze identiche con lunghezza massima.

**Esempio:** per motivi evidenti consideriamo 2 array A e B a 2 dimensioni. Le righe sono separate da virgole.

A=[aaaa, aabd,bbwb,baaa] e B=[acca,acbd,bbwc,aaaa]

E' facile vedere che dal punto di partenza (1,2) iniziano le sottosequenze di A e B identiche tra loro e più lunghe. Le 2 sottosequenze sono costituite da bdbbw. Ci sono anche altri punti di partenza da cui iniziano sottosequenze identiche, per esempio (0,0) con lunghezza 1, (0,3) con lunghezza 2 e anche (3,1) con lunghezza 3.

---

<sup>2</sup> Secondo l'ordine di allocazione degli elementi degli array.