2023-10-30 - Erlang, Modello ad attori, Moduli, Numeri, Atomi, Tuple, Liste, Stringhe, Variabili, Pattern matching, Funzioni, Comprehensions

Erlang

Erlang (**Er**icsson **Lang**uage) è un linguaggio di programmazione sviluppato dalla *Ericsson* (azienda di telecomunicazioni svedese), creato unendo **caratteristiche** di diversi *linguaggi* (e *paradigmi*) con l'intento di realizzare il miglior linguaggio da usare in campo di **telecomunicazioni**.

Erlang gira su una macchina virtuale (in passato **JAM**, ora **BEAM**), per ottimizzare la gestione di **thread** e **parallelismo** (light-weight process). *I classici linguaggi di programmazione ad alto livello delegano queste operazioni al sistema operativo (operazione molto dispendiosa*).

La "standard library" di Erlang è la Open Telecom Platform (OTP).

Caratteristiche fondamentali

- orientato alla **concorrenza** (un **processo** è alla base di ogni computazione), adotta il modello ad **attori**:
 - scambio di messaggi asincrono (unico meccanismo di comunicazione tra attori)
 - non è presente memoria condivisa
- funzionale, quindi stateless (caratteristica molto utile in telecomunicazioni)
- dinamicamente tipizzato (i tipi vengono controllati a runtime)
- distribuito
- tollerante agli errori
- supporto ad hot-swapping (aggiornamento del codice senza interrompere l'esecuzione)

Modello ad attori

I thread "tradizionali" condividono il codice (segmento .text), la memoria statica (segmento .data) e un'area di memoria per comunicare tra loro (memoria condivisa), ma hanno stack e heap diversi ed indipendenti.

Nel modello ad attori, ogni attore è un **light-weight process** ed è completamente **indipendente** dagli altri (non condividono nulla, in modo da poter distribuire in maniera molto più efficace gli attori). La **comunicazione** avviene solamente tramite **scambio di messaggi asincrono** (asincrono: non è richiesto un ascolto attivo e una risposta immediata). Ogni attore è caratterizzato da un **nome univoco** e si può mandare un **messaggio** ad un attore dato il suo nome.

Concorrenza vs Distribuzione vs Parallelismo

Concorrenza: più processi sulla stessa macchina concorrono per una risorsa (il tempo di CPU). Viene eseguito un processo alla volta, una piccola parte alla volta (scheduling).

Parallelismo: più processi vengono eseguiti sulla stessa macchina, ma su CPU diverse, ognuna ha tutto il tempo di CPU dedicato (meccanismo utilizzato dalle GPU).

Distribuzione: più processi lavorano per ottenere un risultato comune ma su macchine diverse, ognuna ha le proprie risorse.

Moduli

Un modulo viene dichiarato tramite -module(nome)., il nome deve coincidere con il nome del file.

Vengono esposte dal modulo le funzioni elencate in -export([nome/2,nome/1])., ogni funzione è identificata dal suo nome e dal numero di parametri (due funzioni con nome uguale ma numero di parametri diverso sono diverse).

Le **funzioni** sono definire per **casi** (**a tratti**), ogni caso è *indipendente* dagli altri. I casi elencati sono separati da ;, la definizione è terminata con ..

```
-module(fact).
-export([fact/1]).
```

```
fact(0) -> 1;
fact(N) -> N * fact(N-1).
```

Per importare il modulo nella BEAM shell (lanciata con il comando erl) è necessario compilarlo attraverso il comando c(nome), che restituisce {ok, nome} in caso di successo, oppure l'errore. Le funzioni esportate dal modulo sono poi raggiungibili attraverso nome:funzione(parametri)..

\$ erl

```
1> c(fact).
{ok,fact}
2> fact:fact(7).
5040
```

Strutture dati

Numeri

La dimensione dei numeri è **dinamica** ed **illimitata**. È possibile definire un numero in una determinata **base** utilizzando la sintassi **base#valore**. È possibile estrarre il valore di un **carattere ASCII** \$carattere..

```
10. % 10
16#FF. % 255
-12.34e-2. % 0.1234
$A. % 65
$a. % 97
```

Atomi

Gli atomi sono delle **etichette**, delle **costanti** con un **nome** (il valore della costante è il nome stesso). Servono per **rappresentare qualcosa**, attraverso quella stringa. Un atomo ha un **significato**, ad esempio anche **true** e **false** sono atomi.

Un atomo valido è una stringa composta da qualsiasi carattere (anche newline), in caso non inizi con una lettera minuscola deve essere scritto tra apici.

```
cazzola@di.unimi.it. % 'cazzola@di.unimi.it'
'Walter Cazzola'. % 'Walter Cazzola'
'Walter
Cazzola'. % 'Walter\nCazzola'
```

Ciò che non comincia con lettera minuscola (o apici) non è un atomo, ma una variabile.

Tuple

Liste di dimensione fissata. Possono contenere un qualsiasi (ma fisso) numero di elementi, di qualsiasi tipo ed è possibile innestare tuple dentro altre tuple.

È possibile effettuare pattern matching sulla struttura delle tuple.

```
{123, "walter", cazzola}.
{}.
{abc, {'Walter', 'Cazzola'}, 3.14}.
{{1,2},3} == {1,{2,3}}. % false
{{1,2},3} == {{1,2},3}. % true
```

Liste

Liste di dimensione variabile *(ma non mutabili)*, possono essere disomogenee. Possono essere definite attraverso il costruttore [HEAD|TAIL] oppure con gli elementi separati da ,. Sono presenti le operazioni di concatenazione ++ e sottrazione --.

```
[]. % []
[1 | []]. % [1]
```

```
[1 | [2]]. % [1,2]

[1,2]. % [1,2]

[{1,2}, ok, []]. % [{1,2}, ok, []]

length([{1,2}, ok, []]). % 3

[{1,2}, ok, []] == [{1,2}, ok, []]. % true

[1,2,3] ++ [3,4,5]. % [1,2,3,3,4,5]

[1,2,3] -- [3,4,5]. % [1,2]
```

Stringhe

Le stringhe non sono altro che delle liste di caratteri, infatti possono essere definite anche come una lista di valori di caratteri ASCII (\$carattere).

Sono presenti le operazioni di concatenazione e sottrazione esattamente come sulle liste.

```
A=[$W, $a, $1, $t, $e, $r]. % "Walter"
B=[$C, $a, $z, $z, $o, $1, $a]. % "Cazzola"
A ++ " " ++ B. % "Walter Cazzola"
A -- B. % "Wter"
```

"Variabili" e Pattern matching

Le "variabili" (non sono vere variabili, ma più etichette a valori) iniziano con una lettera maiuscola (altrimenti sarebbero atomi), sono assegnabili una sola volta, attraverso pattern matching. In caso non sia possibile effettuare un matching viene lanciato un errore.

La variabile speciale _ è una wildcard e una variabile anonima (un "cestino").

```
A = 1. % 1

A = 2. % ** exception error: no match of right hand side value 2

[B|L] = [a,b,c]. % [a,b,c]

B. % a

L. % [b,c]

{X, X} = {B, B}. % {a, a}

{Y, Y} = {X, b} % exception error: no match of right hand side value {a,b} 1 = A. % 1

1 = Z. % * 1: variable 'Z' is unbound

{A1, _, [B1|_], {B1}} = {abc, 23, [22|x], {22}}. % {abc,23, [22|x], {22}}

A1. % abc

B1. % 22
```

Funzioni e Funzioni anonime

Le **funzioni** sono definire per **casi** (a **tratti**), ogni caso è *indipendente* dagli altri. I casi elencati sono separati da ;, la definizione è terminata con ..

Ogni caso può anche avere una **sequenza di guardie**. Tutte le guardie devono essere **prive di side-effects**, quindi sono permesse solo alcune espressioni:

- atomi true, false ed altri atomi costanti
- chiamate ad alcune funzioni built-in (NON tutte)
- espressioni aritmetiche e booleane (anche cortocircuitate con andalso e orelse)

```
name(pattern1, pattern2, ... patternn) [when guard] -> body;
name(pattern1, pattern2, ... patternn) [when guard] -> body;
...
name(pattern1, pattern2, ... patternn) [when guard1] -> body.
```

Le funzioni anonime vengono definite attraverso la sintassi fun(parametri) -> body end.

```
DOUBLE = fun(X) -> X*2 end.
% DOUBLE(4). % 8
% DOUBLE(1). % 2
IS_EVEN = fun(X) -> X rem 2 == 0 end.
% IS_EVEN(4). % true
```

```
% IS_EVEN(1). % false
SUM = fun(X, Y) -> X + Y end.
% SUM(5, 10). % 15
% SUM(0, 0). % 0
```

Le funzioni supportano le **chiusure** (closures).

Map, Filter, Reduce

I pattern per la manipolazione di liste map, filter e reduce sono facilmente definibili, ma sono anche già presenti nel modulo di libreria lists.

```
-module(map_filter_reduce).
-export([map/2, filter/2, reduce/2]).
map(_, []) -> [];
map(F, [H|TL]) \rightarrow [F(H) \mid map(F, TL)].
% map_filter_reduce: map(fun(X) \rightarrow X*2 end, [2,3,4,5,6]).
% [4,6,8,10,12]
filter(_, []) -> [];
filter(P, [H|TL]) -> filter(P(H), P, H, TL).
filter(true, P, H, L) -> [H|filter(P, L)];
filter(false, P, _, L) -> filter(P, L).
% map_filter_reduce: filter(fun(X) \rightarrow X rem 2 == 0 end, [2,3,4,5,6]).
% [2,4,6]
reduce(F, [H|TL]) -> reduce(F, H, TL).
reduce( , Q, []) -> Q;
reduce(F, Q, [H|TL]) -> reduce(F, F(Q,H), TL).
% map_filter_reduce:reduce(fun(X, ACC) \rightarrow ACC + X end, [2,3,4,5,6]).
% 20
```

Comprensione di una lista (List Comprehension)

Una **comprehension** è la definizione di una lista attraverso le **caratteristiche che soddisfa**, in opposizione alla classica definizione per elencazione.

La sintassi in Erlang è [X || qualifier1, ... qualifiern], dove X è un'espressione utilizzabile nei qualifier e i qualifier sono le **proprietà** che la lista deve rispettare. Ogni **qualifier** è nella forma pattern <- listexpr, dove listexpr viene valutato ad una lista.

```
[X || X <- lists:seq(2, 10)]. % [2,3,4,5,6,7,8,9,10]
[X || X <- lists:seq(2, 10), (X rem 2) == 0]. % [2,4,6,8,10]
```

Esempio: numeri primi Viene usata una comprehension per lista tutti i numeri da 2 ad N, poi vengono "filtrati" solo quelli che rispettano lenght(...) == 0, che lista tutti i divisori del numero attuale fino alla sua radice.

```
primes(0) -> [];
primes(1) -> [];
primes(N) -> [X || X <-
    lists:seq(2,N),
    length([Y || Y <-
        lists:seq(2, trunc(math:sqrt(X))),
        X rem Y == 0
]) == 0</pre>
```

```
].
% primes(20).
% [2,3,5,7,11,13,17,19]
```

Esempio: quick sort Viene usata una comprehension che lista tutti gli elementi minori del pivot ed una per tutti quelli maggiori del pivot. Vengono poi concatenate dopo aver chiamato ricorsivamente qsort sulle parti.