

HY240: Δομές Δεδομένων

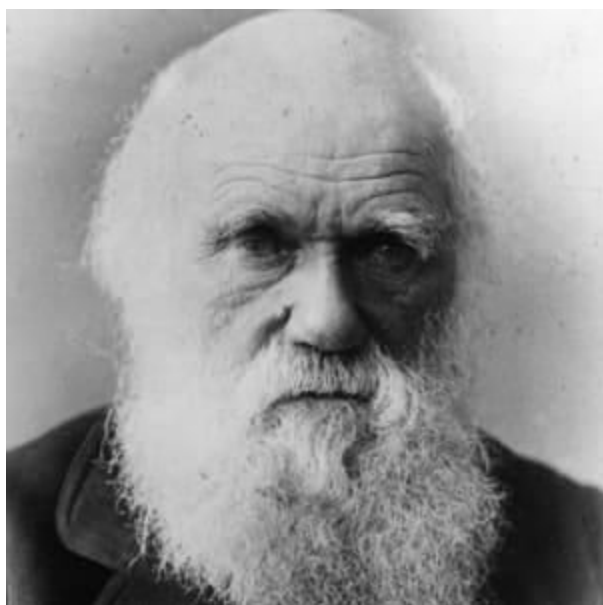
Χειμερινό Εξάμηνο - Ακαδημαϊκό Έτος 2019

Διδάσκουσα: Παναγιώτα Φατούρου

Προγραμματιστική Εργασία - 1ο Μέρος

Ημερομηνία Παράδοσης: Δευτέρα, 18 Νοεμβρίου 2019, ώρα 23:59

Τρόπος παράδοσης: Χρησιμοποιώντας το πρόγραμμα turnin. Πληροφορίες για το πώς λειτουργεί το πρόγραμμα turnin παρέχονται στην ιστοσελίδα του μαθήματος.



Στη μακρά ιστορία του ανθρώπινου (και του ζωικού) γένους, αυτοί που έμαθαν να συνεργάζονται και να αυτοσχεδιάζουν αποτελεσματικά, έχουν επικρατήσει.

Κάρολος Δαρβίνος

Φωτογραφία:

<https://www.biography.com/scientist/charles-darwin>

Γενική Περιγραφή Εργασίας

Στην εργασία αυτή καλείστε να υλοποιήσετε ένα πρόγραμμα που να προσομοιώνει την εξέλιξη του ανθρώπινου είδους σύμφωνα με την θεωρία του Δαρβίνου και την μετέπειτα έρευνα άλλων επιστημόνων. Αξίζει να σημειωθεί, ότι για τους εκπαιδευτικούς σκοπούς του μαθήματος ορισμένα σημεία της εργασίας ενδέχεται να αποκλίνουν από την πραγματική έκβαση των γεγονότων και της εξέλιξης.

*«Ανθρώπινη εξέλιξη, ή ανθρωπογένεση, ονομάζεται η διαδικασία της εξέλιξης κατά την οποία οι άνθρωποι (*Homo s. sapiens*) εμφανίζονται/εξετάζονται ως ξεχωριστό είδος σε σχέση με τις άλλες ανθρωπίδες, τους μεγάλους πιθήκους και τα πλακουντοφόρα θηλαστικά. Είναι το αντικείμενο της γενικότερης συστηματικής επιστημονικής αναζήτησης που προσπαθεί να κατανοήσει και να περιγράψει τον τρόπο με τον οποίο συνέβησαν αυτές οι αλλαγές» (Wikipedia)*

Αναλυτική Περιγραφή Ζητούμενης Υλοποίησης

Τα διάφορα είδη (species) του ανθρώπινου γένους (όπως π.χ., Homo Habilis, H. Georgicus, H. Ergaster, κλπ) περιγράφονται από ένα μοναδικό αναγνωριστικό κι αποθηκεύονται σε μία **διπλά συνδεδεμένη** λίστα η οποία ονομάζεται **λίστα ειδών** και είναι **ταξινομημένη** ως προς το αναγνωριστικό των ειδών. Ακόμη, η λίστα αυτή δεικτοδοτείται στο πρώτο, αλλά και στο τελευταίο της στοιχείο με δύο καθολικές μεταβλητές (δείτε τις Δομές Δεδομένων που περιγράφονται στο τέλος της εκφώνησης). Επιπλέον, κάθε είδος αποτελείται από διάφορους πληθυσμούς (populations) που ανήκουν στο είδος (ή που προϋπήρχαν και ενδεχομένως ανήκαν σε άλλα είδη, αλλά γενετικό τους υλικό έχει ανιχνευθεί στο γονιδίωμα του είδους). Κάθε τέτοιος πληθυσμός περιγράφεται από ένα μοναδικό αναγνωριστικό και κατοικούσε σε μία από τις πέντε ηπείρους¹. Οι πληθυσμοί κάθε είδους περιγράφονται με μία απλά συνδεδεμένη λίστα, ταξινομημένη ως προς το αναγνωριστικό του πληθυσμού, η οποία ονομάζεται **λίστα πληθυσμών**.

Ο κάθε κόμβος της λίστας ειδών είναι μία εγγραφή τύπου *struct Species* με τα ακόλουθα στοιχεία:

- **sid**: Αναγνωριστικό (τύπου int) που χαρακτηρίζει μοναδικά το είδος
- **next**: Δείκτης (τύπου *struct Species*) στον επόμενο κόμβο της λίστας
- **prev**: Δείκτης (τύπου *struct Species*) στον προηγούμενο κόμβο της λίστας
- **Population_head**: Δείκτης (τύπου *struct Population*) στο πρώτο στοιχείο της λίστας πληθυσμών του είδους
- **Population_tail**: Δείκτης (τύπου *struct Population*) στο τελευταίο στοιχείο της λίστας πληθυσμών του είδους

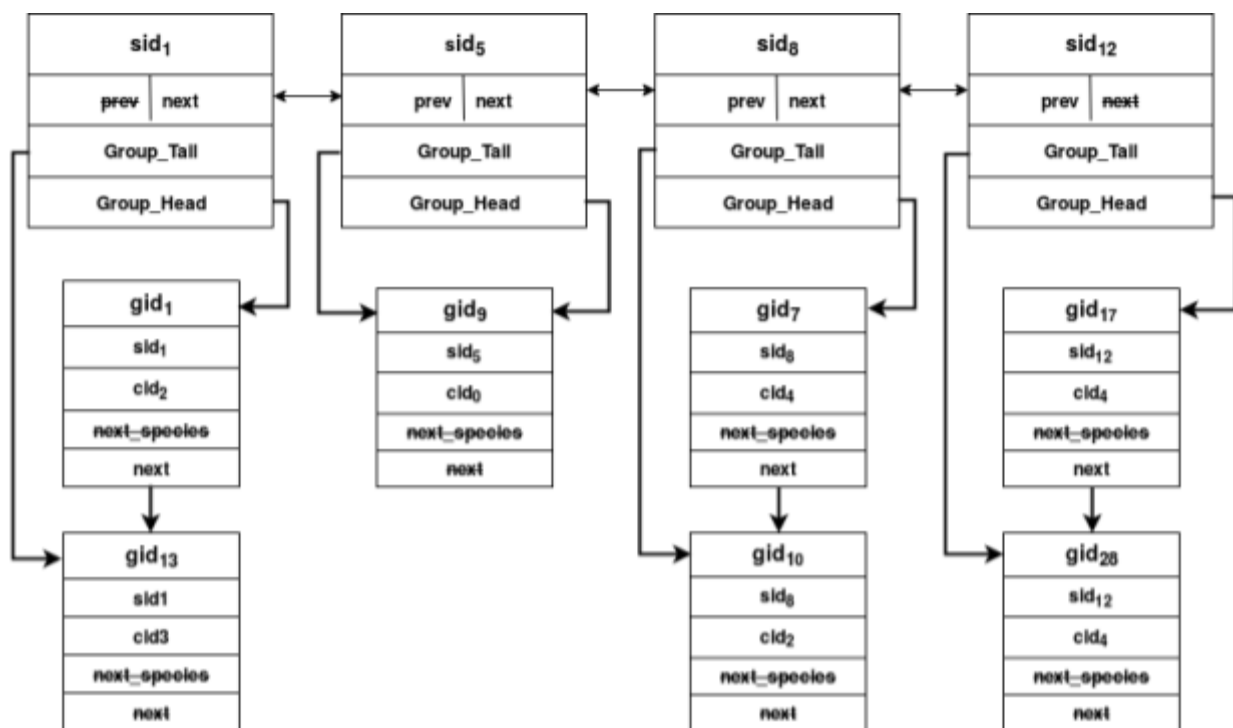
Ο κάθε κόμβος της λίστας πληθυσμών του κάθε είδους είναι μία εγγραφή τύπου *struct Population* με τα ακόλουθα στοιχεία:

- **gid**: Αναγνωριστικό (τύπου int) που χαρακτηρίζει μοναδικά τον πληθυσμό.
- **sid**: Αναγνωριστικό (τύπου int) που χαρακτηρίζει μοναδικά το είδος στο οποίο ανήκει ο πληθυσμός².
- **cid**: Αναγνωριστικό (τύπου int) που χαρακτηρίζει μοναδικά την ήπειρο στην οποία κατοικεί ο συγκεκριμένος πληθυσμός.
- **next**: Δείκτης (τύπου *struct Population*) στο επόμενο στοιχείο της λίστας πληθυσμών.
- **next_species**: Δείκτης (τύπου *struct Population*) ο οποίος έχει αρχική τιμή NULL.

Στο Σχήμα 1, παρουσιάζεται η λίστα ειδών, καθώς και η λίστα πληθυσμών του κάθε είδους.

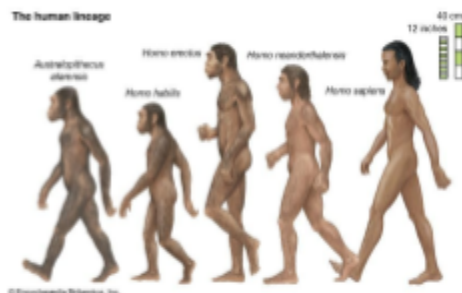
¹ Παρότι για κάποια είδη, πληθυσμοί δεν υπήρξαν σε όλες τις ηπείρους, για τις εκπαιδευτικές ανάγκες του μαθήματος, θα θεωρήσουμε ότι για όλα τα είδη, υπήρξαν πληθυσμοί σε διάφορες ηπείρους.

² Το πεδίο αυτό θα έχει την ίδια τιμή για όλα τα στοιχεία της λίστας πληθυσμών ενός είδους. Ωστόσο, το *struct Population* (και το πεδίο *sid*) είναι χρήσιμο και για δομές που περιγράφονται στη συνέχεια.



Σχήμα 1: Η διπλά συνδεδεμένη λίστα ειδών και οι απλά συνδεδεμένες λίστες πληθυσμών του κάθε είδους. Η λίστα ειδών είναι ταξινομημένη με βάση το αναγνωριστικό των ειδών, ενώ οι λίστες πληθυσμών με βάση το αναγνωριστικό των πληθυσμών.

«*Homo* (Άνθρωπος στα Λατινικά) ονομάζεται το γένος που περιλαμβάνει τους σύγχρονους ανθρώπους και τα είδη που συγγενεύουν στενά μαζί τους. Το γένος εκτιμάται ότι έχει ηλικία περίπου 2,3 με 2,4 εκατομμυρίων ετών και αποτελεί εξέλιξη των αυστραλοπιθήκων, η οποία άρχισε με την εμφάνιση του *Homo habilis*. Όλα τα είδη του γένους *Homo* εκτός από τον *Homo sapiens* (σύγχρονοι άνθρωποι) έχουν εκλείψει. Ο *Homo neanderthalensis*, ο οποίος θεωρείται ως ο τελευταίος συγγενής εν ζωή, αφανίστηκε περίπου 24.000 χρόνια πριν, ενώ μία πρόσφατη έρευνα υποστηρίζει πως ένα άλλο είδος ίσως να έζησε μέχρι και 12.000 χρόνια πριν» (Wikipedia)



Καλλιτεχνική απεικόνιση πέντε ειδών της ανθρώπινης γενεαλογίας. Encyclopaedia Britannica.

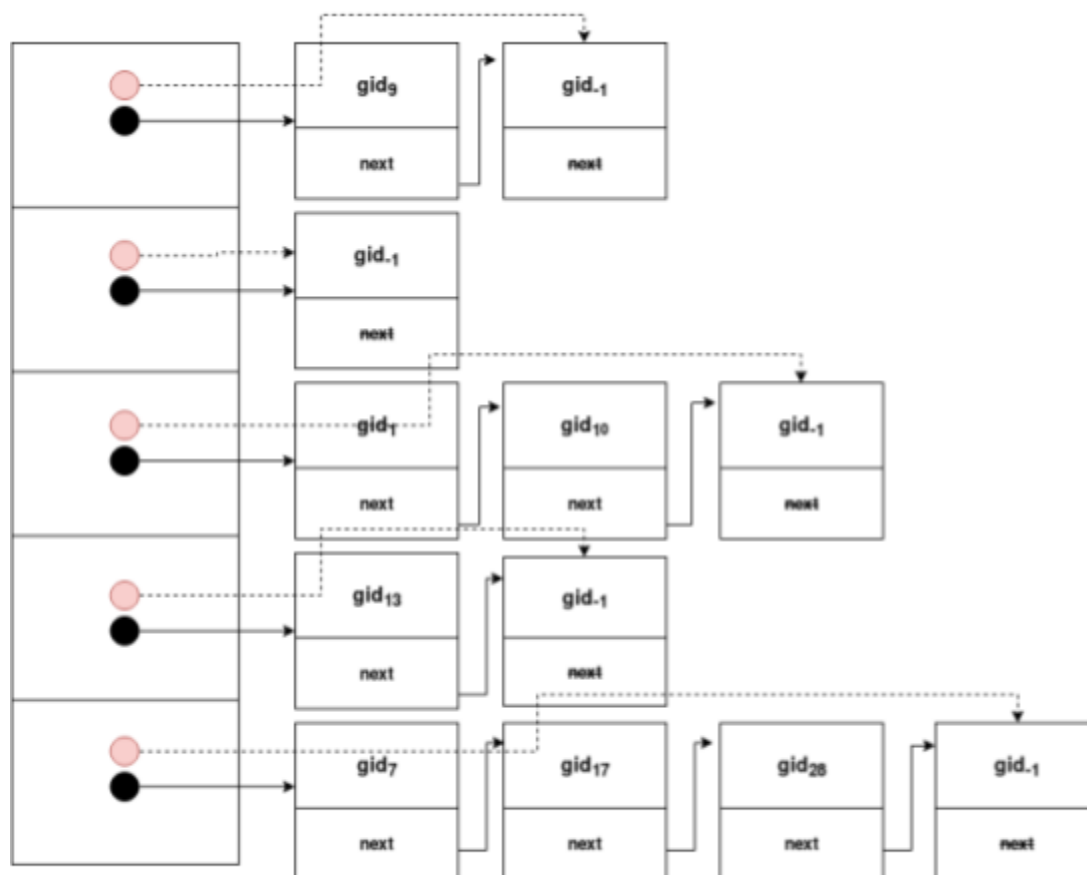
Όπως προαναφέρθηκε, κάθε πληθυσμός ενός είδους κατοικεί σε μία συγκεκριμένη ήπειρο η οποία περιγράφεται από το αναγνωριστικό **cid** που περιέχεται στη δομή του πληθυσμού. Για την προσομοίωση της γεωγραφικής κατανομής των πληθυσμών, θα χρησιμοποιήσετε έναν στατικό πίνακα πέντε θέσεων, που ονομάζεται **πίνακας ηπείρων**, όπου κάθε στοιχείο του αποθηκεύει ένα δείκτη, ο οποίος δείχνει στην αρχή μιας **απλά-συνδεδεμένης, μη ταξινομημένης** λίστας με **κόμβο φρουρό**. Η λίστα αυτή περιγράφει τους πληθυσμούς που κατοικούν στην ήπειρο και ονομάζεται **λίστα πληθυσμών ηπείρου**. Κάθε στοιχείο της λίστας αυτής θα είναι τύπου *struct ContinentPopulation*, με τα ακόλουθα στοιχεία:

- **gid**: Αναγνωριστικό (τύπου *int*) που χαρακτηρίζει μοναδικά τον πληθυσμό
- **next**: Δείκτης (τύπου *struct ContinentPopulation*) στο επόμενο στοιχείο της λίστας πληθυσμών

Ακόμη, κάθε στοιχείο του πίνακα θα είναι τύπου *struct ContinentList* με τα ακόλουθα στοιχεία:

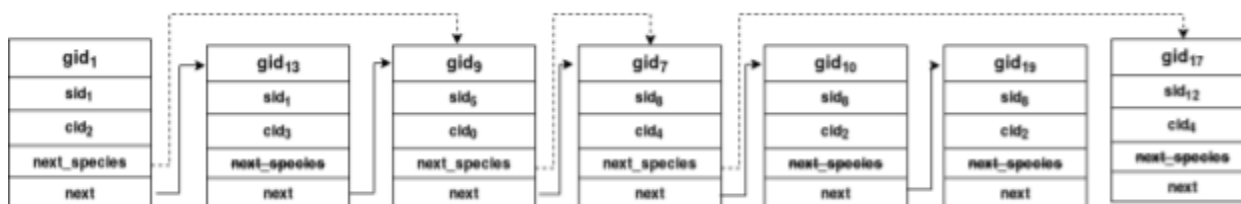
- **populationList**: Δείκτης (τύπου *struct ContinentPopulation*) στο πρώτο στοιχείο της λίστας πληθυσμών της ηπείρου.
- **sentinel**: Δείκτης (τύπου *struct ContinentPopulation*) στον κόμβο φρουρό της λίστας

Ο κόμβος φρουρός κάθε λίστας, θα έχει την τιμή -1 στο αναγνωριστικό gid, ενώ ο δείκτης next θα είναι NULL. Στο Σχήμα 2 παρουσιάζεται ο πίνακας ηπείρων, καθώς και οι λίστες πληθυσμών της κάθε ηπείρου. Οι λίστες πληθυσμών είναι μη ταξινομημένες με κόμβο φρουρό.



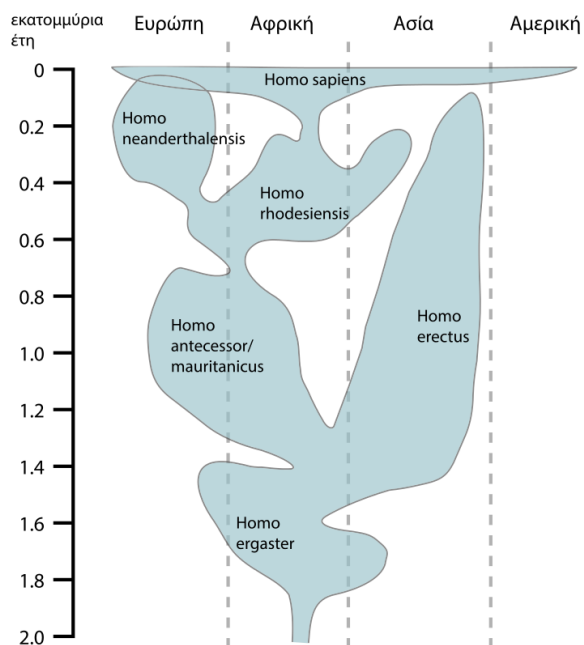
Σχήμα 2: Ο πίνακας ηπείρων και οι λίστες πληθυσμών της κάθε ηπείρου. Οι λίστες πληθυσμών είναι μη ταξινομημένες με κόμβο φρουρό.

Με το πέρασμα των αιώνων, η διαδικασία της εξέλιξης οδηγεί στο τελευταίο είδος που επικράτησε, το **Homo Sapiens**. Για εκπαιδευτικούς λόγους θεωρήστε ότι το γονιδίωμα του Homo Sapiens περιέχει γενετικό υλικό από όλα τα εναπομείναντα είδη. Μια απλά συνδεδεμένη λίστα, ταξινομημένη ως προς το αναγνωριστικό των ειδών, που θα ονομάζεται **λίστα homo Sapiens**, θα περιέχει όλα τα είδη των οποίων γενετικό υλικό έχει ανιχνευθεί στο γονιδίωμα του homo Sapiens. Κάθε κόμβος της λίστας αυτής θα είναι τύπου *struct Population*, όπως αυτό περιγράφηκε παραπάνω. Σημειώνεται ότι, λόγω της ταξινόμησης, όλοι οι πληθυσμοί που ανήκουν στο ίδιο είδος βρίσκονται σε συνεχόμενες θέσεις στη λίστα και άρα δημιουργούν μια «αλυσίδα» μέσα στη λίστα. Για κάθε τέτοια αλυσίδα, το πεδίο *next_species* του **πρώτου κόμβου** της αλυσίδας θα δείχνει **στον πρώτο κόμβο** της επόμενης αλυσίδας (δηλαδή της αλυσίδας του είδους που εμφανίζεται ως επόμενο στη λίστα). Η σύνδεση επιμέρους κόμβων της λίστας επιτρέπει την γρήγορη αναζήτηση με βάση το είδος και την επεξεργασία σχετικών ερωτήσεων, όπως θα περιγραφεί παρακάτω. Στο Σχήμα 3 παρουσιάζεται η λίστα homo Sapiens.



Σχήμα 3: Η απλά συνδεδεμένη λίστα εξέλιξης. ο πρώτος κόμβος κάθε είδους δείχνει στο πρώτο κόμβο του επόμενου είδους.

«Ο *Homo sapiens* (Άνθρωπος ο σοφός) ζει τα τελευταία 250.000 χρόνια. Μεταξύ 400.000 και 250.000 χρόνια πριν, εμφανίστηκε η τάση κρανιακής επέκτασης και χρήσης πιο περίπλοκων εργαλείων, γεγονός που αποτελεί απόδειξη μετάβασης από τον *H. erectus* στον *H. sapiens*. Άλλα αποδεικτικά στοιχεία υποδεικνύουν πως υπήρξε μετακίνηση των πληθυσμών του *H. erectus* έξω από την Αφρική, και ακολούθησε η περαιτέρω εξέλιξη και ειδογένεση του *H. sapiens* από τον *H. erectus* στην Αφρική. Μία μεταγενέστερη μετακίνηση μέσα και έξω από την Αφρική αντικατέστησε εντέλει τους διάσπαρτους πληθυσμούς του *H. erectus*. Η θεωρία αυτή είναι γνωστή και ως Θεωρία "Πέρα από την Αφρική". Τα υπάρχοντα ευρήματα δεν αποκλείουν την εξέλιξη σε διαφορετικές περιοχές, ή την πρόσμιξη των *H. sapiens* με άλλους υπάρχοντες πληθυσμούς *Homo*.» (Wikipedia)



Γεωγραφική και χρονολογική κατανομή των πληθυσμών *Homo* τα τελευταία δύο εκατομμύρια χρόνια. Άλλες εκδοχές διαφέρουν κυρίως στην ταξινόμια και τη γεωγραφική κατανομή των ειδών. (Φωτογραφία: Wikipedia)

Τρόπος Λειτουργίας Προγράμματος

Το πρόγραμμα που θα δημιουργηθεί θα πρέπει να εκτελείται καλώντας την ακόλουθη εντολή:

<executable> <input_file>

όπου <executable> είναι το όνομα του εκτελέσιμου αρχείου του προγράμματος (π.χ., a.out) και <input_file> είναι το όνομα ενός αρχείου εισόδου (π.χ., testfile) το οποίο περιέχει γεγονότα των ακόλουθων μορφών:

S <sid>

Γεγονός τύπου insert species, που υποδηλώνει την εισαγωγή ενός νέου είδους με αναγνωριστικό <sid> στη λίστα ειδών. Κατά το γεγονός αυτό, θα γίνεται εισαγωγή ενός νέου κόμβου τύπου *struct Species* στη λίστα ειδών. Μετά από κάθε εισαγωγή, η λίστα ειδών θα πρέπει να παραμένει ταξινομημένη. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

```
S <sid>
  <sid1>
    <gid1,1>, <gid1,2> .... <gid1,M1>
  ...
  <sidN>
    <gidN,1>, <gidN,2> .... <gidN,MN>
DONE
```

όπου N είναι ο αριθμός των κόμβων στην λίστα ειδών και για κάθε $i \in [1, N]$, <sid_i> είναι το αναγνωριστικό του είδους που αντιστοιχεί στον i-οστό κόμβο της λίστας αυτής. Ακόμη, για κάθε $i \in [1, N]$, το M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που ανήκουν στο είδος με αναγνωριστικό <sid_i> και για κάθε $j \in [1, M_i]$, <gid_{i,j}> είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j-οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών του είδους.

G <gid> <sid> <cid>

Γεγονός τύπου insert population, που υποδηλώνει την εισαγωγή ενός νέου πληθυσμού, με αναγνωριστικό <gid>, που ανήκει στο είδος με αναγνωριστικό <sid> και βρέθηκε στην ήπειρο <cid>. Κατά το γεγονός αυτό, θα πρέπει να διατρέχεται η λίστα ειδών, να εντοπίζεται το είδος με αναγνωριστικό <sid> και να εισάγεται ένας νέος κόμβος τύπου *struct Population* στη λίστα πληθυσμών του είδους. Μετά από κάθε εισαγωγή, η λίστα πληθυσμών θα πρέπει να παραμένει ταξινομημένη. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

```

G <gid> <sid> <cid>
    <sid1>
        <gid1,1, cid1,1>, <gid1,2, cid1,2> .... <gid1,M1, cid1,M1>
    ...
    <sidN>
        <gidN,1, cidN,1>, <gidN,2, cidN,2> .... <gidN,MN, cidN,MN>
DONE

```

όπου N είναι ο αριθμός των κόμβων στην λίστα ειδών και για κάθε $i \in [1, N]$, $\langle \text{sid}_i \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του είδους που αντιστοιχεί στον i -οστό κόμβο της λίστας αυτής. Ακόμη, για κάθε $i \in [1, N]$, το M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που ανήκουν στο είδος με αναγνωριστικό $\langle \text{sid}_i \rangle$ και για κάθε $j \in [1, M_i]$, $\langle \text{gid}_{i,j} \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών του είδους, ενώ $\langle \text{cid}_{i,j} \rangle$ είναι το αναγνωριστικό της ηπείρου όπου κατοικεί ο συγκεκριμένος πληθυσμός.

M <sid₁> <sid₂> <sid₃>

Γεγονός τύπου merge species, που υποδηλώνει τη δημιουργία ενός νέου είδους με αναγνωριστικό $\langle \text{sid}_3 \rangle$ στο οποίο έχει ανιχνευθεί γενετικό υλικό των ειδών με αναγνωριστικά $\langle \text{sid}_1 \rangle$ και $\langle \text{sid}_2 \rangle$. Κατά το γεγονός αυτό, αρχικά θα πρέπει να εισάγεται ένα νέος είδος στη λίστα ειδών. Στη συνέχεια, θα πρέπει να διατρέχεται η λίστα ειδών και να εντοπίζονται τα είδη με αναγνωριστικά $\langle \text{sid}_1 \rangle$ κι $\langle \text{sid}_2 \rangle$, αντίστοιχα. Έπειτα, η λίστα πληθυσμών του είδους με αναγνωριστικό $\langle \text{sid}_1 \rangle$ θα πρέπει να συνενώνεται με την λίστα πληθυσμών του είδους $\langle \text{sid}_2 \rangle$. Η νέα λίστα που θα προκύπτει θα αποτελεί τη λίστα πληθυσμών του είδους με αναγνωριστικό $\langle \text{sid}_3 \rangle$ και θα πρέπει να παραμένει ταξινομημένη ως προς το αναγνωριστικό των πληθυσμών. Επιπρόσθετα, η χρονική πολυπλοκότητα της διαδικασίας συνένωσης θα πρέπει να είναι $O(n+m)$, όπου n είναι το μέγεθος της λίστας πληθυσμών του είδους $\langle \text{sid}_1 \rangle$ και m το μέγεθος της λίστας πληθυσμών του είδους $\langle \text{sid}_2 \rangle$, αντίστοιχα. Τέλος, τα είδη με αναγνωριστικά $\langle \text{sid}_1 \rangle$ και $\langle \text{sid}_2 \rangle$ θα πρέπει να διαγράφονται από την λίστα ειδών. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

```

M <sid1> <sid2> <sid3>
    <sid1>
        <gid1,1>, <gid1,2> .... <gid1,M1>
    ...
    <sidN>
        <gidN,1>, <gidN,2> .... <gidN,MN>
DONE

```

όπου N είναι ο αριθμός των κόμβων στην λίστα ειδών και για κάθε $i \in [1, N]$, $\langle \text{sid}_i \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του είδους που αντιστοιχεί στον i -οστό κόμβο της λίστας αυτής. Ακόμη, για κάθε $i \in [1, N]$, το M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που ανήκουν στο είδος με αναγνωριστικό $\langle \text{sid}_i \rangle$ και για κάθε $j \in [1, M_i]$, $\langle \text{gid}_{i,j} \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών του είδους.

D

Γεγονός τύπου *distribute species*, το οποίο υποδηλώνει την γεωγραφική κατανομή των διαφόρων πληθυσμών στις πέντε ηπείρους. Κατά το γεγονός αυτό, θα διατρέχεται η λίστα ειδών και η λίστα πληθυσμών κάθε είδους και για κάθε πληθυσμό θα εισάγεται ένας **νέος κόμβος** τύπου *struct ContinentPopulation* στον πίνακα ηπείρων στην κατάλληλη θέση, χρησιμοποιώντας το πεδίο *cid* του πληθυσμού. Η χρονική πολυπλοκότητα εκτέλεσης του γεγονότος αυτού πρέπει να είναι $O(n+m)$, όπου n είναι το συνολικό πλήθος στοιχείων στην λίστα ειδών και m είναι ο συνολικός αριθμός πληθυσμών σε όλες τις λίστες πληθυσμών. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

D

Continent 0 : <gid_{0,1}>, <gid_{0,2}> <gid_{0,M1}>

Continent 1 : <gid_{1,1}>, <gid_{1,2}> <gid_{1,M2}>

...

Continent 4 : <gid_{4,1}>, <gid_{4,2}> <gid_{4,M4}>

DONE

όπου 4 είναι το πλήθος των ηπείρων και για κάθε $i \in [1, 4]$ το M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που κατοικούν στην ήπειρο που αντιστοιχεί στην i -οστή θέση του πίνακα ηπείρων και για κάθε $j \in [1, M_i]$, <gid _{i,j} > είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών της ηπείρου.

K <gid> <sid>

Γεγονός τύπου *delete population*, το οποίο δηλώνει τη μη επιβίωση του πληθυσμού με αναγνωριστικό <gid> ο οποίος ανήκει στο είδος με αναγνωριστικό <sid>. Κατά το γεγονός αυτό, θα πρέπει να εντοπίζεται το είδος με αναγνωριστικό <sid> στη λίστα ειδών και στην συνέχεια να διαγράφεται ο πληθυσμός με αναγνωριστικό <gid> από τη λίστα πληθυσμών του είδους. Ακόμη, ο πληθυσμός θα πρέπει να διαγράφεται κι από την κατάλληλη λίστα πληθυσμών στον πίνακα ηπείρων. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

K <gid> <sid>**SPECIES**

<sid>

<gid_{s,1}>, <gid_{s,2}> <gid_{s,M_s}>

CONTINENTS

Continent <cid> : <gid_{cid,1}>, <gid_{cid,2}> <gid_{cid,M_c}>

DONE

όπου για την εκτύπωση της λίστας ειδών, <sid> είναι το αναγνωριστικό του είδους όπου ανήκει ο πληθυσμός με αναγνωριστικό <gid> και S είναι η θέση του είδους στην λίστα ειδών. Ακόμη, το M_s είναι το πλήθος των πληθυσμών που ανήκουν στο είδος με αναγνωριστικό <sid> και για κάθε $j \in [1, M_s]$, <gid _{s,j} > είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών

του είδους. Για την εκτύπωση του πίνακα ηπείρων, $\langle cid \rangle$ είναι το αναγνωριστικό (και η θέση στον πίνακα ηπείρων) της ηπείρου στην οποία κατοικεί ο πληθυσμός, M_c είναι το πλήθος των πληθυσμών που κατοικούν στην ήπειρο και για κάθε $j \in [1, M_c]$, $\langle gid_{cid,j} \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών της ηπείρου.

F $\langle sid \rangle$

Γεγονός τύπου species extinction, το οποίο υποδηλώνει την εξαφάνιση ενός από τα νεότερα είδη με αναγνωριστικό $\langle sid \rangle$. Κατά το γεγονός αυτό, θα πρέπει να αναζητείται το είδος με αναγνωριστικό $\langle sid \rangle$ στη λίστα ειδών **σε φθίνουσα σειρά** (αφού γνωρίζουμε ότι πρόκειται για ένα από τα νεότερα είδη, άρα με μεγαλύτερο $\langle sid \rangle$), στη συνέχεια να διαγράφονται όλοι οι κόμβοι από τη λίστα πληθυσμών του είδους αυτού και τέλος να διαγράφεται και το struct που αντιστοιχεί στο είδος αυτό (με αναγνωριστικό $\langle sid \rangle$) από τη λίστα ειδών. Επιπλέον, κάθε πληθυσμός που διαγράφεται από την λίστα πληθυσμών του είδους, θα πρέπει να διαγράφεται κι από τον πίνακα ηπείρων χρησιμοποιώντας το πεδίο cid του πληθυσμού. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

```
F  $\langle sid \rangle$ 
SPECIES
   $\langle sid_i \rangle$ 
     $\langle gid_{i,1} \rangle, \langle gid_{i,2} \rangle \dots \langle gid_{i,M_i} \rangle$ 
  ...
   $\langle sid_N \rangle$ 
     $\langle gid_{N,1} \rangle, \langle gid_{N,2} \rangle \dots \langle gid_{N,M_N} \rangle$ 
CONTINENTS
  Continent 0 :  $\langle gid_{0,1} \rangle, \langle gid_{0,2} \rangle \dots \langle gid_{0,M_0} \rangle$ 
  Continent 1 :  $\langle gid_{1,1} \rangle, \langle gid_{1,2} \rangle \dots \langle gid_{1,M_1} \rangle$ 
  ...
  Continent 4 :  $\langle gid_{4,1} \rangle, \langle gid_{4,2} \rangle \dots \langle gid_{4,M_4} \rangle$ 
DONE
```

όπου για την εκτύπωση της λίστας ειδών, N είναι ο αριθμός των κόμβων στην λίστα ειδών και για κάθε $i \in [1, N]$, $\langle sid_i \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του είδους που αντιστοιχεί στον i -οστό κόμβο της λίστας αυτής. Ακόμη, για κάθε $i \in [1, N]$, το M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που ανήκουν στο είδος με αναγνωριστικό $\langle sid_i \rangle$ και για κάθε $j \in [1, M_i]$, $\langle gid_{i,j} \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών του είδους. Για την εκτύπωση του πίνακα ηπείρων, 4 είναι το πλήθος των ηπείρων και για κάθε $i \in [1, 4]$ το M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που κατοικούν στην ήπειρο που αντιστοιχεί στην i -οστή θέση του πίνακα ηπείρων και για κάθε $j \in [1, M_i]$, $\langle gid_{i,j} \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών της ηπείρου.

E

Γεγονός τύπου evolution, που υποδηλώνει τη δημιουργία της λίστας homo Sapiens. Για τους εκπαιδευτικούς σκοπούς του μαθήματος, θεωρούμε ότι το γονιδίωμα του Homo Sapiens περιέχει γενετικό

υλικό από όλα τα εναπομείναντα είδη. Κατά το γεγονός αυτό, θα πρέπει να διατρέχεται η λίστα ειδών και για κάθε είδος, η λίστα πληθυσμών του είδους να μεταφέρεται αυτούσια στην λίστα homo Sapiens. **Προσοχή**, ο πρώτος κόμβος της κάθε λίστας πληθυσμών του κάθε είδους θα πρέπει (μέσω του δείκτη `next_species`) να δείχνει στον πρώτο πληθυσμό του επόμενου είδους. Μετά την εκτέλεση αυτού του γεγονότος, η λίστα homo Sapiens θα πρέπει να παραμένει ταξινομημένη ως προς το αναγνωριστικό του είδους. Ακόμη, το γεγονός αυτό θα πρέπει να εκτελείται με χρονική πολυπλοκότητα $O(n)$, όπου n είναι το μέγεθος της λίστας ειδών. Για την ακρίβεια, κατά τη διαδικασία δημιουργίας της λίστας homo Sapiens θα πρέπει να χρησιμοποιείτε τους δείκτες στο πρώτο και τελευταίο στοιχείο της λίστας πληθυσμών του κάθε είδους και να **μην** διατρέχετε ολόκληρη τη λίστα πληθυσμών. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

E

Homo Sapiens: [`<gid1,1, sid1,1>`,...`<gid1,M1, sid1,M1>`] [`<gidN,1, sidN,1>`,...`<gidN,MN, sidN,MN>`]
DONE

όπου N είναι ο αριθμός των ειδών, για κάθε $i \in [1, N]$, M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που ανήκουν στο είδος που η αλυσίδα του ξεκινά στην i -οστή θέση της λίστας homo sapiens, ενώ για κάθε $j \in [1, M_i]$, `<gidi,j>` είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών του είδους αυτού.

N

Γεγονός τύπου *species statistics*, που υποδηλώνει την εξαγωγή στατιστικών για όλα τα είδη που συνέβαλαν στη δημιουργία της λίστας homo Sapiens. Συγκεκριμένα, κατά το γεγονός αυτό θα πρέπει να διατρέχεται η λίστα homo Sapiens και να καταγράφεται το πόσα διαφορετικά είδη περιέχονται σ' αυτή. Το γεγονός αυτό θα πρέπει να εκτελείται με χρονική πολυπλοκότητα $O(n)$, όπου n είναι το πλήθος των διαφορετικών ειδών που περιέχονται στη λίστα. (Για να το πετύχετε αυτό, θα πρέπει να χρησιμοποιήσετε κατάλληλα τους δείκτες `next_species` και **να μην διατρέξετε** ολόκληρη την λίστα homo Sapiens.) Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

N

Homo Sapiens species: `<NUM>`
DONE

όπου `<NUM>` είναι το πλήθος των μοναδικών ειδών στην λίστα homo sapiens.

J <sid>

Γεγονός τύπου *population statistics*, που υποδηλώνει την εξαγωγή στατιστικών για τους πληθυσμούς που ανήκουν στο είδος με αναγνωριστικό `<sid>` και συνέβαλαν στη λίστα homo Sapiens. Κατά το γεγονός αυτό, θα πρέπει αρχικά να εντοπίζεται γρήγορα ο πρώτος πληθυσμός που ανήκει στο είδος `<sid>` (με τη χρήση των δεικτών `next_species`, όπως συζητήθηκε παραπάνω) και στη συνέχεια θα πρέπει να καταγράφεται το πλήθος όλων των πληθυσμών που ανήκουν στο είδος. Με άλλα λόγια, θα πρέπει να

διατρέχεται, μέσω δεικτών *next*, μόνο εκείνο το κομμάτι της λίστας *homo Sapiens* που αφορά το είδος με αναγνωριστικό *<sid>*. Το γεγονός αυτό θα πρέπει να εκτελείται με χρονική πολυπλοκότητα $O(n+m)$, όπου n είναι το πλήθος των διαφορετικών ειδών που υπάρχουν στη λίστα *homo sapiens* και m είναι το πλήθος των πληθυσμών του είδους με αναγνωριστικό *<sid>* που υπάρχουν στη λίστα *homo sapiens*. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

```
J <sid>
  Homo Sapiens populations: <NUM>
DONE
```

όπου *<NUM>* είναι ο αριθμός των πληθυσμών που ανήκουν στο είδος με αναγνωριστικό *<sid>* από την λίστα *homo sapiens*.

P

Γεγονός τύπου *print species*, κατά το οποίο θα εκτυπώνεται η διπλά συνδεδεμένη λίστα ειδών, χωρίς τους επιμέρους πληθυσμούς κάθε είδους. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

```
P
  <sid1>, <sid2>, ... , <sidN>
DONE
```

όπου N είναι ο αριθμός των κόμβων στην λίστα ειδών και για κάθε $i \in [1, N]$, *<sid_i>* είναι το αναγνωριστικό του είδους που αντιστοιχεί στον i -οστό κόμβο της λίστας αυτής.

X

Γεγονός τύπου *print populations*, κατά το οποίο θα εκτυπώνεται η λίστα ειδών, αλλά και η λίστα πληθυσμών του κάθε είδους. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

```
X
  <sid1>
    <gid1,1, cid1,1>, <gid1,2, cid1,2> .... <gid1,M1, cid1,M1>
  ...
  <sidN>
    <gidN,1, cidN,1>, <gidN,2, cidN,2> .... <gidN,MN, cidN,MN>
DONE
```

όπου N είναι ο αριθμός των κόμβων στην λίστα ειδών και για κάθε $i \in [1, N]$, *<sid_i>* είναι το αναγνωριστικό του είδους που αντιστοιχεί στον i -οστό κόμβο της λίστας αυτής. Ακόμη, για κάθε $i \in [1, N]$, το M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που ανήκουν στο είδος με αναγνωριστικό *<sid_i>* και για κάθε $j \in [1, M_i]$, *<gid_{i,j}>* είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας

πληθυσμών του είδους, ενώ $\langle \text{cid}_{i,j} \rangle$ είναι το αναγνωριστικό της ηπείρου όπου κατοικεί ο συγκεκριμένος πληθυσμός.

C

Γεγονός τύπου `print continents`, κατά το οποίο θα εκτυπώνεται ο πίνακας ηπείρων και η λίστα πληθυσμών της κάθε ηπείρου. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

```
Continent 0 : <gid0,1>, <gid0,2> .... <gid0,M1>
Continent 1 : <gid1,1>, <gid1,2> .... <gid1,M2>
...
Continent 4 : <gid4,1>, <gid4,2> .... <gid4,M4>
DONE
```

όπου 4 είναι το πλήθος των ηπείρων και για κάθε $i \in [1, 4]$ το M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που κατοικούν στην ήπειρο που αντιστοιχεί στην i -οστή θέση του πίνακα ηπείρων και για κάθε $j \in [1, M_i]$, $\langle \text{gid}_{i,j} \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών της ηπείρου.

W

Γεγονός τύπου `print evolution`, κατά το οποίο θα εκτυπώνεται η λίστα `homo Sapiens`. Μετά το πέρας της εκτέλεσης ενός τέτοιου γεγονότος, το πρόγραμμα θα πρέπει να τυπώνει την ακόλουθη πληροφορία:

```
W
Homo Sapiens: [<gid1,1, sid1,1>, ... <gid1,M1, sid1,M1>] .... [<gidN,1, sidN,1>, ... <gidN,MN, sidN,MN>]
DONE
```

όπου N είναι ο αριθμός των ειδών, για κάθε $i \in [1, N]$, M_i είναι το πλήθος των πληθυσμών που ανήκουν στο i -οστό είδος στη λίστα `homo sapiens`, ενώ για κάθε $j \in [1, M_i]$, $\langle \text{gid}_{i,j} \rangle$ είναι το αναγνωριστικό του πληθυσμού που αντιστοιχεί στον j -οστό κόμβο της λίστας πληθυσμών του είδους αυτού.

Δομές Δεδομένων

Στην υλοποίησή σας δεν επιτρέπεται να χρησιμοποιήσετε έτοιμες δομές δεδομένων (π.χ., ArrayList στην Java, κ.ο.κ.). Στη συνέχεια παρουσιάζονται οι δομές σε C που πρέπει να χρησιμοποιηθούν για την υλοποίηση της εργασίας.

```
struct Species {  
    int sid; // αναγνωριστικό είδους  
    struct Species *next;  
    struct Species *prev;  
    struct Population *Population_head;  
    struct Population *Population_tail;  
}
```

```
struct Population {  
    int gid; // αναγνωριστικό πληθυσμού  
    int sid; // αναγνωριστικό είδους  
    int cid; // αναγνωριστικό ηπείρου  
    struct Population *next;  
    struct Population *next_species;  
}
```

```
struct ContinentPopulation {  
    int gid; // αναγνωριστικό πληθυσμού  
    struct ContinentPopulation *next;  
}
```

```
struct ContinentList {  
    struct ContinentPopulation *populationList;  
    struct ContinentPopulation *sentinel;  
}
```

```
struct ContinentList *continents[5]; // Πίνακας ηπείρων
```

```
struct Species *Species_head; // Δείκτης στο πρώτο στοιχείο της λίστας ειδών  
struct Species *Species_tail; // Δείκτης στο τελευταίο στοιχείο της λίστας ειδών
```

```
struct Population *hs_L; // Δείκτης στο πρώτο στοιχείο της λίστας homo Sapiens
```