

## Zadanie 1

Zdefiniować pięć funkcji operujących na C-napisach (i jedną, **isLetter**, na pojedynczym znaku):

```
size_t length(const char* cstr);           // 1
bool  isLetter(char c);                     // 2
char* reverse(char* cstr);                 // 3
size_t words(const char* cstr);            // 4
size_t words2(const char* cstr);           // 5
char* concat(char* t, const char* s);      // 6
```

gdzie

1. **length** zwraca długość napisu nie licząc znaku `'\0'` na jego końcu;
2. **isLetter** sprawdza, czy przekazany znak `c` jest, dużą lub małą literą (nie używać znajomości kodów ASCII);
3. **reverse** odwraca kolejność znaków w przekazanym napisie i zwraca niezmienioną wartość przekazanego wskaźnika `cstr`;
4. **words** zwraca ilość słów w przekazanym napisie, przy czym za słowo uważamy niepusty ciąg *liter*, dużych i małych, taki, że bezpośrednio przed nim i za nim nie ma litery;
5. **words2** zwraca ilość słów w przekazanym napisie, ale tym razem liczymy tylko „słowa” co najmniej dwuliterowe;
6. **concat** „dokleja” do napisu `t` (od target) napis `s` (od source); oczywiście trzeba zadbać o to, aby zarezerwowany pod adresem `t` obszar pamięci wystarczał na pomieszczenie obu napisów wraz z kończącym znakiem `'\0'`! Funkcja zwraca niezmodyfikowaną wartość pierwszego argumentu.

UWAGA: wszystkie te funkcje powinny być zaimplementowane samodzielnie bez odwoływania się do funkcji z biblioteki standardowej — w szczególności **strlen**, **isupper**, **isalpha**, **strcpy** itd. Nie należy włączać żadnych plików nagłówkowych z wyjątkiem **iostream**. Nie twórz żadnych pomocniczych tablic.

Na przykład program:

```
#include <iostream>

size_t length(const char* cstr);
bool  isLetter(char c);
char* reverse(char* cstr);
size_t words(const char* cstr);
size_t words2(const char* cstr);
char* concat(char* t, const char* s);
```

```

int main() {
    using std::cout; using std::endl;
    char s1[] = "Alice in Wonderland";
    cout << "reverse: " << reverse(s1) << endl;
    cout << "length : " << length(s1) << endl;

    char s2[] = " ... for (int i = 0; i < n; ++i){...} ...";
    cout << "words : " << words(s2) << endl;
    cout << "words2 : " << words2(s2) << endl;

    char s3[100] = "Hello";
    cout << "concat : "
        << concat(concat(s3, " world"), "!") << endl;
}

// definicje funkcji

```

powinien wydrukować

```

reverse: dnaIrednoW ni ecilA
length : 19
words   : 6
words2  : 2
concat  : Hello, world!

```

## Zadanie 2

---

Napisz program definiujący funkcję, która

- pobiera wskaźnik do tablicy znaków (czyli napisu);
- modyfikuje tę tablicę tak, aby po wyjściu z funkcji:
  1. napis nie zawierał początkowych i końcowych spacji (jeśli takie były);
  2. każda sekwencja więcej niż jednej spacji była zastąpiona dokładnie jedną spacją.

**UWAGA:**

Nie wolno włączać do programu nagłówka `<cstring>` (ani, tym bardziej, `<string.h>`).  
 Przewidzieć sytuację, gdy napis składa się z samych spacji lub jest napisem pustym.  
 Nie tworzyć żadnych pomocniczych tablic.

Schemat programu mógłby zatem być następujący:

```

#include <iostream>
using namespace std;

void clean(char* n) {

```

```

    // implementacja funkcji
}

int main() {
    char n1[] = "a  bc def  ghijk";
    cout << "Przed: >" << n1 << "<" << endl;
    clean(n1);
    cout << "  Po: >" << n1 << "<" << endl;

    char n2[] = "  a  bc def  ghijk ";
    cout << "Przed: >" << n2 << "<" << endl;
    clean(n2);
    cout << "  Po: >" << n2 << "<" << endl;

    char n3[] = "    ";
    cout << "Przed: >" << n3 << "<" << endl;
    clean(n3);
    cout << "  Po: >" << n3 << "<" << endl;
}

```

Powyższy program powinien wydrukować:

```

Przed: >a  bc def  ghijk<
Po: >a bc def ghijk<
Przed: >  a  bc def  ghijk <
Po: >a bc def ghijk<
Przed: >    <
Po: ><

```

gdzie znaki mniejszości/większości drukowane są po to, aby zobaczyć czy nie ma zbędnych spacji na początku i końcu otrzymanego napisu.

### Zadanie 3

---

Napisz funkcję

```
bool checkpass(const char* pass);
```

która pobiera hasło (jako C-napis, czyli tablicę znaków) i sprawdza jego poprawność. Przyjmujemy, że poprawne hasło zawiera

1. co najmniej 8 znaków;
2. co najmniej 6 znaków różnych;
3. co najmniej 1 cyfrę;
4. co najmniej 1 dużą literę;
5. co najmniej 1 małą literę;
6. co najmniej 1 znak niealfanumeryczny (nie będący literą ani cyfrą).

Funkcja zwraca **true** jeśli hasło jest poprawne, a jeśli nie, to zwraca **false**, ale przedtem wypisuje komunikat o *wszystkich* przyczynach niepoprawności. Można założyć, że znaki są znakami ASCII o kodach w zakresie [32, 126]. [Może być przydatne zdefiniowanie też prostych funkcji pomocniczych.]

Na przykład program następujący

[download CStringPass.cpp](#)

```
#include <iostream>

// ...

bool checkpass(const char* pass) {
    // ...
}

int main() {
    using std::cout; using std::endl;
    const char* passes[] =
    {
        "AbcDe93", "A1b:A1b>", "Ab:Ac<",
        "abc123><", "Zorro@123", nullptr
    };
    for (int i = 0; passes[i] != nullptr; ++i) {
        cout << "checking " << passes[i] << endl;
        if (checkpass(passes[i])) cout << "OK" << endl;
        cout << endl;
    }
}
```

powinien wypisać coś w rodzaju

```
checking AbcDe93
Too short
No non-alphanumeric character

checking A1b:A1b>
Too few different characters

checking Ab:Ac<
Too short
Too few different characters
No digit

checking abc123><
No uppercase letter

checking Zorro@123
OK
```

Nie włączaj żadnych plików nagłówkowych innych niż *iostream*!

#### Zadanie 4

Sekwencje nukleotydów w cząsteczkach DNA oznaczane są ciągami liter A, C, G i T o dowolnej długości (skrótów pochodzą od *adenine*, *cytosine*, *guanine* i *thymine*). Bardzo uproszczona metoda mierzenia podobieństwa między dwoma sekwencjami jest następująca:

- Dla ciągów o tej samej długości za każdy identyczny odcinek kodów o długości  $d$  doliczamy  $d^2$  punktów; tak obliczona suma jest współczynnikiem podobieństwa obu sekwencji. Na przykład dla sekwencji ACGTC i AGGTG będzie to 5: jeden punkt za A na pierwszej pozycji i cztery za dwuznakowy ciąg GT na pozycjach 3-4.
- Dla sekwencji o niejednakowej długości obliczamy powyższym sposobem współczynniki podobieństwa między ciągiem krótszym, o długości, powiedzmy,  $d$ , a każdym podciągiem o tejże długości kolejnych elementów ciągu dłuższego. Obliczonym współczynnikiem jest wtedy największy z tak uzyskanych współczynników częściowych. Na przykład dla ciągów AGG i CCGAT obliczamy podobieństwa między trójznakowym ciągiem AGG a, kolejno, CCG (4 punkty), GGA (1 punkt) i GAT (0 punktów). Tak więc współczynnikiem podobieństwa będzie największa z tych wartości, czyli 4.

Napisz funkcję

```
int simil(const char a[], const char b[]);
```

która pobiera dwie sekwencje i zwraca ich podobieństwo (możesz też, jeśli uznasz to za wygodne, zdefiniować jakąś funkcję pomocniczą). Nie twórz żadnych dodatkowych tablic czy kolekcji i nie włączaj żadnych dodatkowych plików nagłówkowych. Na przykład program

```
#include <iostream>

int simil(const char a[], const char b[]) {
    // ...
}

int main() {
    char a[] = "AACTACGTC",
        b[] = "ACGTA";
    std::cout << a << " and " << b << " -> "
              << simil(a,b) << std::endl;
    char c[] = "GCGC",
        d[] = "AGGGCA";
    std::cout << c << " and " << d << " -> "
              << simil(c,d) << std::endl;
}
```

download DNA.cpp

powinien wydrukować

AACTACGTC and ACGTA -> 16

GCGC and AGGGCA -> 5

---