

DD1361 Programmeringsparadigm

Laborationer 2015



Innehåll

Labbkvitto	1
Allmänna Instruktioner	2
Labb F1: Uppvärmning i Haskell	3
Labb F2: Molekylärbiologi i Haskell	6
Labb F3: Evolutionära träd och I/O	10
Labb L1: Uppvärmning i Prolog	15
Labb L2: Konspirationsdetektion	17
Labb L3: Redovisningsschemaläggning	19
Labb S1: Reguljära Uttryck	22
Labb S2: Sköldpaddegrafik	24
Labb S3: Automatanalys	29
Labb S4: Leonardo++	31
Labb X1: Jämförelse av Paradigm	35
Labb X2: Programspråkstidsresa	37
Labb Inet: Internet/sockets	40

Senast uppdaterad: 14 januari 2016

Labbkvitto

DD1361 Programmeringsparadigm 2015

Underskrifter är **giltiga i 6 månader**. Det är *ditt ansvar* att kontrollera att dina labbresultat rapporterats in i rapp-systemet och att snarast kontakta kursledaren om så inte gjorts.

På kursen tillämpas **CSC-skolans hederskodex**. Jag intygar att jag har läst och förstått denna hederskodex, samt att jag har läst och förstått de allmänna labb-instruktionerna på nästa sida i labb-kompendiet.

.....

.....

Signatur

Namnförtydligande

Labb	Datum	Handledare
F1		
F2		
F3		
L1		
L2		
L3		
S1		
S2		
S3		
S4		
X1		
X2		
Inet		

Fet stil indikerar vilka labbar som är obligatoriska.

Allmänna Instruktioner

1 Kattis-systemet

De flesta av labbarna använder sig av systemet **Kattis** för automatisk rättning av er kod. För att stifta en första bekantskap med systemet kan man gå igenom de två korta **tutorials** som finns i Kattis-dokumentationen.

2 Kod/dokumentations-krav

Utöver att er kod ska bli godkänd av Kattis krävs följande:

1. Det ska vara tydligt dokumenterat i kommentar högst upp i koden vilka som har skrivit koden. Detta gäller *alla* inskickningar ni gör till Kattis, och är inte något ni kan lägga till i slutet när ni väl fått er kod att bli godkänd av Kattis.
2. Själva koden ska vara ordentligt kommenterad. Syftet med olika funktioner/predikat som ni definierar ska förklaras.

3 Gruppindelning

Observera att ni för laborationerna är indelade i tre grupper A-C, baserade på efternamn. Vilken grupp du tillhör påverkar vilka labb-tillfällen du ska gå på.

Se sidan om **gruppindelning** på kurshemsidan för att ta reda på vilken grupp du tillhör, och vilka bonusdatum som gäller för dig.

4 Tidsfrister

Se sidan om **laborationer** på kurshemsidan för information om vilka tidsfrister som gäller för att göra färdigt de olika typerna av labbar.

5 Kösystem

På labbarna använder vi kösystemet Stay A While, <http://queue.csc.kth.se/#/queue/Progp>.

6 Vid redovisning

När ni ställer er i kö för redovisning ska ni ha er godkända lösning öppnad i Kattis-systemet och vara förberedda på att diskutera denna. Båda i labbgruppen ska kunna svara på frågor.

Labb F1: Uppvärmning i Haskell

Problem-ID på Kattis: [kth:progp:warmup](#)

I denna labb ska du konstruera några enkla funktioner i Haskell. Alla funktioner du definierar i denna labb ska ligga i en modul som heter `F1`. Följande är ett kodskelett som man kan utgå ifrån, det innehåller triviala kodstubbar (som såklart inte gör rätt) för samtliga deluppgifter i labben.

```
module F1 where

-- Vad ska de andra funktionernas typsignaturer vara?
fib :: Integer -> Integer
fib n = 0
rovarsprak s = s
karpsravor s = s
medellangd s = 1.0
skyffla s = s
```

1 Fibonacci-talen

Fibonacci-talen är en talföljd som definieras så här:

$$F(n) = \begin{cases} 0 & \text{om } n = 0 \\ 1 & \text{om } n = 1 \\ F(n-1) + F(n-2) & \text{om } n > 1 \end{cases}$$

Uppgift Skriv en funktion `fib` som tar ett heltal n och returnerar $F(n)$. Du behöver inte hantera negativa tal. Funktionen ska klara att beräkna $F(n)$ för n upp till 30 på en bråkdel av en sekund. Hur lång tid tar det att beräkna $F(35)$? $F(40)$?

Tips Lättast är att definiera funktionen med flera ekvationer (analogt med definitionen ovan).

Exempel

`fib(7)` ska returnera 13

`fib(17)` ska returnera 1597

2 Rövarspråket

I *rövarspråket* dubblar man alla konsonanter och lägger ett “o” emellan, se exempel nedan. (För den här uppgiften ignorerar vi de specialfall som ibland tillämpas där t.ex. “x” behandlas som “ks”.)

Uppgift Skriv en funktion `rovarsprak` som tar en sträng och returnerar en ny sträng där varje konsonant x har ersatts av strängen xox . Skriv också en funktion `karpsravor` som gör det omvända, dvs tar en sträng på rövarspråk och “avkodar” den.

Funktionerna behöver bara hantera strängar med gemener (inga mellanslag, siffror, stora bokstäver, eller andra tecken), och behöver inte hantera åäö. Funktionen `karpsravor` behöver bara fungera på strängar som verkligen tillhör rövarspråket, ingen felhantering behövs för felaktig indata.

Funktionerna ska gå i linjär tid och hantera strängar på upp till 100 000 tecken inom en bråkdel av en sekund.

Tips Ni vill antagligen skriva en funktion som avgör om ett givet tecken är vokal eller konsonant. Funktionen `elem` kan vara en praktisk byggsten för detta. I den här uppgiften anser vi “y” vara en vokal (som i svenskan).

Exempel

```
rovarsprak("progp") ska returnera poprorogogpop
rovarsprak("cirkus") ska returnera cocirorkokusos
karpsravor("hohejoj") ska returnera hej
karpsravor("fofunonkottotionon") ska returnera funktion
```

3 Medellängd

Uppgift Skriv en funktion `medellangd` som tar en text (`String`) som indata och returnerar ett tal (`Double`) med medellängden på orden i texten.

Ett ord definierar vi som en sammanhängande delsträng av bokstäver ur alfabetet, stora eller små. Alla blanka tecken, kommatering, siffror, etc, är ord-delande.

Funktionen ska gå i linjär tid och hantera texter på upp till 100 000 tecken inom en bråkdel av en sekund.

Tips Funktionen `isAlpha :: Char -> Bool` returnerar sant på just de tecken som finns i alfabetet. För att komma åt `isAlpha` måste du importera modulen `Data.Char`.

En möjlig ansats är att först stycka upp texten i ord och sedan beräkna antal ord samt totala längden på orden.

Exempel

```
medellangd("No, I am definitely not a pie!") ska returnera 3.14285714...
medellangd("w0w such t3xt...") ska returnera 1.8
```

4 Listskyffling

Vi är intresserade av att kasta om elementen i en lista enligt följande: först tar vi varannat element (första, tredje, femte, etc). Vi upprepar sedan detta på elementen som återstår (dvs tar andra, sjätte, tionde, etc). Detta upprepas så länge det fortfarande finns element kvar. Om vi t.ex. börjar med listan (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9) kommer vi i första vändan få (1, 3, 5, 7, 9), och elementen (2, 4, 6, 8) återstår. I andra vändan lägger vi till (2, 6), och bara (4, 8) återstår. I tredje vändan lägger vi bara till 4, och bara 8 återstår. I fjärde och sista vändan lägger vi slutligen till 8, och slutresultatet blir listan (1, 3, 5, 7, 9, 2, 6, 4, 8).

Uppgift Skriv en funktion `skyffla` som tar en lista som indata och returnerar en omkastad lista enligt beskrivningen ovan.

Funktionen ska fungera på alla typer av listor.

Funktionen ska kunna hantera listor på upp till 5 000 element inom en bråkdel av en sekund (var försiktig med “++”-operatort!).

Exempel

```
skyffla(["kasta", "ord", "om"]) ska returnera ["kasta", "om", "ord"]
skyffla([3.4, 2.3, 5, 185, 23]) ska returnera [3.4, 5, 23, 2.3, 185]
```

`skyffla([1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12])` ska returnera `[1, 3, 5, 7, 9, 11, 2, 6, 10, 4, 12, 8]`
`skyffla([1,2..5000])` ska returnera sitt svar inom en bråkdel av en sekund.

Labb F2: Molekylärbiologi i Haskell

Problem-ID på Kattis: [kth:progp:f2](#)

I denna labb ska du konstruera verktyg för att arbeta med molekylärbiologi i Haskell. Alla funktioner du definierar i denna labb ska ligga i en modul som heter F2.

1 Exempeldata och testning

För att hjälpa till på traven i testningen av din kod tillhandahålls [molbio.hs](#). Den filen definierar en modul kallad Molbio som importerar din modul F2. Tanken är att du, om det passar dig, laddar molbio.hs i ghci och där kan testa din modul. Filen definierar följande dataset:

figur Ett mycket litet exempel på DNA-data, återfinns också i figur 1.

simple,sample Två små exempel på DNA-data.

foxp4 Sex proteiner från några ryggradsdjur.

fam1-fam5 Fem uppsättningar nukleära hormonreceptorer från ett flertal olika arter.

I filen finns också några funktioner för att köra snabba test av några av de olika funktioner du ska implementera i uppgifterna nedan. Mer information finner du i kommentarerna i filen.

2 Molekylära sekvenser

Det är främst två sorters molekyler som molekylärbiologer tittar på: DNA och proteiner. Båda har en linjär struktur som gör att man representerar dem som strängar, oftast benämnda “sekvenser”. DNA har välkänd struktur över fyra byggstenar, nukleotiderna A, C, G och T, och en DNA-sekvens kan därför se ut som t.ex. ATTATCGGCTCT. Proteinsekvenser är uppbyggda av 20 byggstenar, aminosyror, som brukar representeras med bokstäverna ARNDCEQGHILKMFPSTWYV.¹

Längder på både DNA och proteiner kan variera starkt, men man måste kunna representera sekvenser som är från några tiotal symboler långa till över 10^4 symboler.

En vanlig operation på *par* av sekvenser är att beräkna deras *evolutionära avstånd*. Att bara räkna mutationer är också vanligt, men det måttet är inte proportionellt mot tiden, så därför används statistiska modeller för sekvensers evolution.

Enligt en känd och enkel modell som kallas *Jukes-Cantor* låter man avståndet $d_{a,b}$ mellan två DNA-sekvenser a och b (av samma längd) vara

$$d_{a,b} = -\frac{3}{4} \ln(1 - 4\alpha/3)$$

där α är andelen positioner där sekvenserna skiljer sig åt (det *normaliserade Hamming-avståndet* mellan sekvenserna). Formeln fungerar dock inte bra om sekvenserna skiljer sig åt mer än väntat, så om $\alpha > 0.74$ låter man $d_{a,b} = 3.3$.

Det finns en nästan likadan modell (“Poisson-modellen”) för proteinsekvenser där man sätter avståndet till

$$d_{a,b} = -\frac{19}{20} \ln(1 - 20\alpha/19)$$

för $\alpha \leq 0.94$ och $d_{a,b} = 3.7$ annars. Parametrarna är alltså ändrade för att reflektera det större alfabetet hos proteinsekvenser.

¹Borde inte aminosyroras förkortningar ARNDCEQGHILKMFPSTWYV stå i bokstavsordning? Det gör de: A, R, och N representerar till exempel aminosyror Alanin, aRginin, och asparagiN.

Uppgifter

1. Skapa en datatyp `MolSeq` för molekylära sekvenser som anger sekvensnamn, sekvens (en sträng), och om det är DNA eller protein som sekvensen beskriver. Du behöver inte begränsa vilka bokstäver som får finnas i en DNA/protein-sträng.
2. Skriv en funktion `string2seq` med typsignaturen `String -> String -> MolSeq`. Dess första argument är ett namn och andra argument är en sekvens. Denna funktion ska automatiskt skilja på DNA och protein, genom att kontrollera om en sekvens bara innehåller A, C, G, samt T och då utgå ifrån att det är DNA.
3. Skriv tre funktioner `seqName`, `seqSequence`, `seqLength` som tar en `MolSeq` och returnerar namn, sekvens, respektive sekvenslängd. Du ska inte behöva duplicera din kod beroende på om det är DNA eller protein!
4. Implementera `seqDistance :: MolSeq -> MolSeq -> Double` som jämför två DNA-sekvenser eller två proteinsekvenser och returnerar deras evolutionära avstånd.

Om man försöker jämföra DNA med protein ska det signaleras ett fel med hjälp av funktionen `error`.

Du kan anta att de två sekvenserna har samma längd, och behöver inte hantera fallet att de har olika längd.

3 Profiler och sekvenser

Profiler används för att sammanfatta utseendet hos en mängd relaterade sekvenser. De är intressanta därför att man har funnit att om man vill söka efter likheter så är det bättre att söka med en profil, som sammanfattar liknande gener/proteiner, än att söka enskilda sekvenser. Vanligen används profiler för att sammanfatta viktiga delar av sekvenser, men i den här programmeringsövningen förenklar vi uppgiften till att arbeta med hela sekvenser.

En profil för en uppsättning DNA- eller protein-sekvenser är en matris $M = (m_{i,j})$ där element $m_{i,j}$ är frekvensen av bokstaven i på position j . Om alla sekvenser man studerar börjar med "A", då ska vi ha att $m_{A,0} = 1$. Om hälften av sekvenserna har "A" i position 1, och den andra hälften har "C", då ska vi ha $m_{A,1} = m_{C,1} = 0.5$. Figur 1 har ett exempel på hur man går från sekvenser till profil och exemplets data finns i `molbio.hs`.

$$\begin{array}{|c|} \hline \text{ACATAA} \\ \text{AAGTCA} \\ \text{ACGTGC} \\ \text{AAGTTC} \\ \text{ACGTAA} \\ \hline \end{array} \rightarrow C = \begin{array}{c} \begin{array}{ccccc} & 0 & 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \\ \begin{array}{c} A \\ C \\ G \\ T \end{array} & \begin{pmatrix} 5 & 2 & 1 & 0 & 2 & 3 \\ 0 & 3 & 0 & 0 & 1 & 2 \\ 0 & 0 & 4 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 5 & 1 & 0 \end{pmatrix} \end{array} \rightarrow M = \begin{array}{c} \begin{array}{ccccc} & 0 & 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \\ \begin{array}{c} A \\ C \\ G \\ T \end{array} & \begin{pmatrix} 1 & 0.4 & 0.2 & 0 & 0.4 & 0.6 \\ 0 & 0.6 & 0 & 0 & 0.2 & 0.4 \\ 0 & 0 & 0.8 & 0 & 0.2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0.2 & 0 \end{pmatrix} \end{array} \end{array}$$

Figur 1: Ett exempel på hur fem DNA-sekvenser av längd sex omvandlas till en profil. Matrisen C räknar hur många gånger varje bokstav används i varje position. Matrisen M skapas från C genom att dela varje element i C med antalet sekvenser.

Det finns flera sätt man kan mäta avståndet (eller skillnaden) mellan två profiler. Ett sätt är att räkna ut den totala elementvisa skillnaden. Låt $M = (m_{i,j})$ och $M' = (m'_{i,j})$ vara två profiler över n positioner. Deras avstånd kan då skrivas

$$d(M, M') = \sum_{i \in \{A, C, G, T\}} \sum_{j=0}^{n-1} |m_{i,j} - m'_{i,j}|$$


```

nucleotides = "ACGT"
aminoacids = sort "ARNDCEQGHILKMFPSTWYVX"

makeProfileMatrix :: [MolSeq] -> ???
makeProfileMatrix [] = error "Empty_sequence_list"
makeProfileMatrix sl = res
  where
    t = seqType (head sl)
    defaults =
      if (t == DNA) then
        zip nucleotides (replicate (length nucleotides) 0) -- Rad (i)
      else
        zip aminoacids (replicate (length aminoacids) 0) -- Rad (ii)
    strs = map seqSequence sl -- Rad (iii)
    tmp1 = map (map (\x -> ((head x), (length x))) . group . sort)
            (transpose strs) -- Rad (iv)
    equalFst a b = (fst a) == (fst b)
    res = map sort (map (\l -> unionBy equalFst l defaults) tmp1)

```

Figur 2: Hjälpkod för att konstruera profilmatrix

Man summerar alltså över såväl alfabetet samt positionerna.

Om man skapar en profil för protein-sekvenser arbetar man med matriser som har 20 rader istället för 4, en rad för var och en av de tjugo aminosyrorna (ARNDCEQGHILKMFPSTWYV).

Uppgifter

1. Skapa en datatyp `Profile` för att lagra profiler. Datatypen ska lagra information om den profil som lagras med hjälp av matrisen M (enligt beskrivningen ovan), det är en profil för DNA eller protein, hur många sekvenser profilen är byggd ifrån, och ett namn på profilen.
2. Skriv en funktion `molseqs2profile :: String -> [MolSeq] -> Profile` som returnerar en profil från de givna sekvenserna med den givna strängen som namn. Som hjälp för att skapa profil-matrisen har du koden i figur 2. Vid redovisning ska du kunna förklara exakt hur den fungerar, speciellt raderna (i)-(iv). Skriv gärna kommentarer direkt in i koden inför redovisningen, för så här kryptiskt ska det ju inte se ut!
3. Skriv en funktion `profileName :: Profile -> String` som returnerar en profils namn, och en funktion `profileFrequency :: Profile -> Int -> Char -> Double` som tar en profil p , en heltalsposition i , och ett tecken c , och returnerar den relativa frekvensen för tecken c på position i i profilen p (med andra ord, värdet på elementet $m_{c,i}$ i profilens matris M).
4. Skriv `profileDistance :: Profile -> Profile -> Double`. Avståndet mellan två profiler M och M' mäts med hjälp av funktionen $d(M, M')$ beskriven ovan.

4 Generell beräkning av avståndsmatriser

Du har nu definierat två relaterade datatyper, `MolSeq` och `Profile`. De är i grunden olika, men en operation som att beräkna avståndet mellan två objekt, till till exempel, förenar dem även om de två implementationerna är olika. Eftersom vi har två skilda datatyper men med liknande funktioner, kan det vara praktiskt att skapa en typklass för att samla dem.

Vid studier av såväl molekyllära sekvenser som profiler vill man ibland räkna ut alla parvisa avstånd och sammanfatta dessa i en *avståndsmatrix*. Eftersom en typklass kan samla generella metoder kan man skriva en sådan funktion i typklassen istället för att implementera den särskilt för de två datatyperna.

En avståndsmatrix kan representeras på många sätt, men i ett funktionellt språk är det ofta bra att ha en listrepresentation. Den representation du ska använda här är en lista av tripplar på formen (namn1, namn2, avstånd).

Uppgifter

1. Implementera typklassen `Evol` och låt `MolSeq` och `Profile` bli instanser av `Evol`. Alla instanser av `Evol` ska implementera en funktion `distance` som mäter avstånd mellan två `Evol`, och en funktion `name` som ger namnet på en `Evol`. Finns det någon mer funktion som man bör implementera i `Evol`?
2. Implementera funktionen `distanceMatrix` i `Evol` som tar en lista av någon typ som tillhör klassen `Evol`, och returnerar alla par av avstånd. Den här funktionen ska sedan automatiskt vara definierad för både listor av `MolSeq` och listor av `Profile`.

Som nämndes ska avståndsmatrisen som returneras representeras som en lista av tripler på formen (namn1, namn2, avstånd). Denna ska komma i följande ordning: först kommer avstånden från det första elementet till alla andra. Sedan kommer avstånden från det andra elementet till alla andra utom det första (eftersom det redan angetts). Och så vidare. T.ex.: om vi har fyra `MolSeq`-objekt `A`, `B`, `C`, `D` och skickar in listan `[A, B, C, D]`, så ska `distanceMatrix` returnera listan

`[(A, A, ·), (A, B, ·), (A, C, ·), (A, D, ·), (B, B, ·), (B, C, ·), (B, D, ·), (C, C, ·), (C, D, ·), (D, D, ·)]`

(fast med samtliga “·” utbytta mot avståndet mellan respektive objekt).

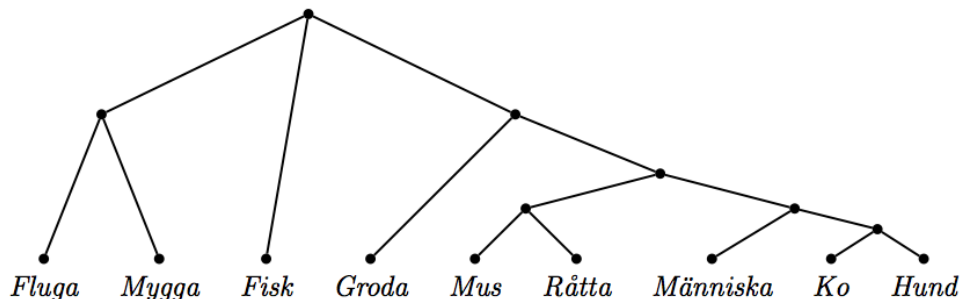
Lab F3: Evolutionära träd och I/O

Problem-ID på Kattis: [kth:progp:f3](#)

Det här är en laboration som dels testar din förmåga att arbeta funktionellt genom att överföra en abstrakt beskriven algoritm till ett funktionellt program, och dels låter dig skriva ett fullständigt Haskell-program med inläsning och utskrifter – operationer som har sido-effekter. Vi fortsätter arbeta med problem från molekylärbiologin och det är meningen att det du skriver ska bygga på laboration F2.

1 Bakgrund

Det finns många anledningar till att vara intresserad av hur arter och/eller gener har uppkommit, bland annat är det för många viktigt att helt enkelt förstå hur olika arter har uppstått. Inom medicin kan kunskap om geners utveckling ge kunskap om hur de fungerar och vilken funktion de har. En grundläggande fråga är då hur man rekonstruerar det evolutionära träd, en fylogeni, som gav upphov till sekvenserna? Figur 1 ger ett exempel på en fylogeni. Indata är alltså en mängd sekvenser, DNA eller protein, och utdata är ett träd där alla inre hörn har grad 3.



Figur 1: Exempelfylogeni för en hypotetisk gen funnen i fem arter. Lägg märke till att det här trädet inte är avsett att påstå något om var evolutionen började, dvs vilken punkt i trädet som är äldst. Man säger att trädet är orotat. (Med vår övriga kunskap om de olika arterna kan vi dock vara ganska säkra på att en eventuell rot skulle ligga på kanten mellan insekterna och fisken i den här specifika fylogenin).

2 Algoritmen Neighbor Joining

Den vanligaste och mest kända algoritmen för att återskapa träd givet avståndsdata är Neighbor Joining (NJ). Det är en iterativ algoritm som successivt väljer ut par av löv och slår ihop dem till ett nytt hörn. Vilket par man väljer är avgörande för att resultatet ska bli bra, och NJ garanterar faktiskt inte att det är det bästa trädet (i meningen: passar bäst med avstånden) som returneras: NJ är en girig heuristik.

Låt F_1 vara den mängd hörn som ska vara löv i det träd T vi bygger. Låt D_1 vara avståndsmatrisen över F_1 . I varje iteration i av NJ kommer vi att välja ut två element a, b i F_i och kombinera ihop dessa till ett träd. Detta skapar en ny mängd F_{i+1} och avståndsmatris D_{i+1} .

Urvalsfunktionen S

Vi väljer de två element $a, b \in F_i$ som minimerar följande urvalsfunktionen S :

$$S_i(x, y) = (|F_i| - 2)D_i(x, y) - \sum_{z \in F_i} (D_i(x, z) + D_i(y, z))$$

Funktionen ser vid en första anblick en smula underlig ut, men man kan göra en tolkning av den. Den andra termen mäter hur långt bort övriga hörn ligger från x och y , och den första termen mäter hur nära x och y ligger varandra, skalat med en faktor för att göra de två termerna jämförbara. Det S kan sägas välja ut är alltså de två hörn som ligger längst ifrån de andra.

Pseudokod

Vi använder oss av en förenklad version av NJ. Den som tittar på andra beskrivningar av NJ kommer att finna att steg 2d är lite hårigare än vad som ges här. Låt F_1 och D_1 vara indata.

1. $i \leftarrow 1$
2. Så länge $|F_i| > 3$:
 - (a) Hitta det par $a, b \in F_i$ som minimerar $S_i(a, b)$
 - (b) Skapa ett nytt träd T_i där träden a och b är barn till en nyskapad nod.
 - (c) $F_{i+1} \leftarrow F_i \cup \{T_i\} \setminus \{a, b\}$ – Lägg till det nya trädet till F och ta bort de gamla
 - (d) Skapa D_{i+1} från D_i enligt

$$D_{i+1}(x, y) = D_i(x, y) \quad \text{för } x, y \in F_{i+1} \setminus \{T_i\}$$

$$D_{i+1}(x, T_i) = D_{i+1}(T_i, x) = \frac{D_i(x, a) + D_i(x, b)}{2} \quad \text{för } x \in F_{i+1} \setminus \{T_i\}$$

- (e) $i \leftarrow i + 1$

3. Skapa ett nytt träd T där de tre kvarvarande träden i F_i är barn till en nyskapad nod
4. Returnera T

Exempelkörning

Antag att vi har de fem sekvenserna a, b, \dots, e som beskrivs i exempel-data 1 nedan. Använder vi vår kod från F2 för att beräkna avståndsmatrisen D_1 för dessa får vi:

$$D_1 \approx \begin{matrix} & \begin{matrix} a & b & c & d & e \end{matrix} \\ \begin{matrix} a \\ b \\ c \\ d \\ e \end{matrix} & \begin{pmatrix} 0 & 0.304 & 0.824 & 0.520 & 0.824 \\ & 0 & 3.300 & 1.344 & 0.824 \\ & & 0 & 0.137 & 0.304 \\ & & & 0 & 0.137 \\ & & & & 0 \end{pmatrix} \end{pmatrix}.$$

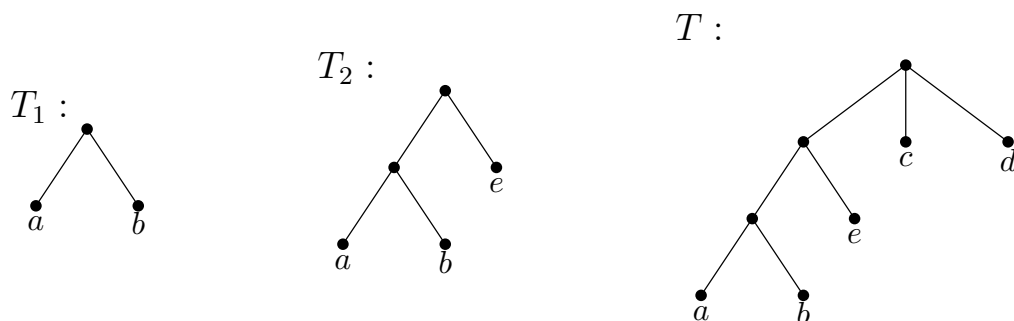
I algoritmens första iteration har vi "träden" $F_1 = \{a, b, c, d, e\}$, alla bestående av en enda nod. Urvalsfunktionen S_1 för första iterationen får följande värden:

$$S_1 \approx \begin{matrix} & \begin{matrix} b & c & d & e \end{matrix} \\ \begin{matrix} a \\ b \\ c \\ d \end{matrix} & \begin{pmatrix} -7.331 & -4.565 & -3.049 & -2.089 \\ & -0.437 & -3.878 & -5.389 \\ & & -6.292 & -5.741 \\ & & & -3.816 \end{pmatrix} \end{pmatrix}.$$

Den minimeras alltså av paret (a, b) , så vi skapar ett nytt träd T_1 som består av en ny nod med a och b som barn. Den nya avståndsmatrisen D_2 över de aktiva träden $F_2 = \{T_1, c, d, e\}$ och nya urvalsfunktionen S_2 kommer se ut som följer:

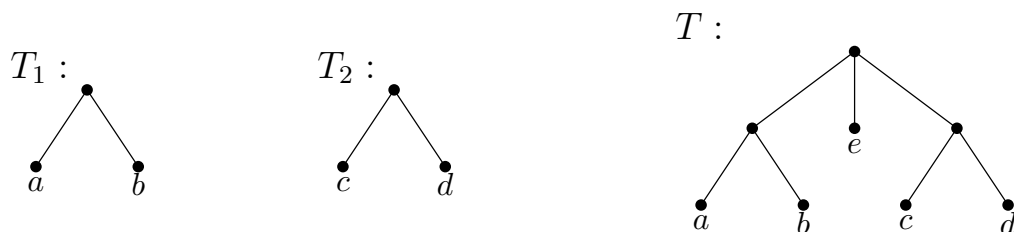
$$D_2 \approx \begin{matrix} & \begin{matrix} T_1 & c & d & e \end{matrix} \\ \begin{matrix} T_1 \\ c \\ d \\ e \end{matrix} & \begin{pmatrix} 0 & 2.062 & 0.932 & 0.824 \\ & 0 & 0.137 & 0.304 \\ & & 0 & 0.137 \\ & & & 0 \end{pmatrix} \end{pmatrix}, \quad S_2 \approx \begin{matrix} & \begin{matrix} c & d & e \end{matrix} \\ \begin{matrix} T_1 \\ c \\ d \end{matrix} & \begin{pmatrix} -2.197 & -3.159 & -3.435 \\ & -3.435 & -3.159 \\ & & -2.197 \end{pmatrix} \end{pmatrix}.$$

Urvalsfunktionen S_2 minimeras av endera paret (c, d) eller paret (T_1, e) , och vi kan välja vilket som helst av dem. Låt oss säga att vi väljer det senare, dvs (T_1, e) . Vi bildar då ett träd T_2 som består av en ny nod med T_1 och e som barn. Vi har nu bara tre aktiva träd kvar $F_3 = \{T_2, c, d\}$, och vi går till steg 3 i algoritmen och skapar trädet T bestående av en ny nod med T_2 , c , och d som barn. Figur 2 illustrerar de olika träden som byggs upp under körningen.



Figur 2: Träden som byggs upp när algoritmen kör på första exempel-fallet

Hade vi i iteration 2 istället valt att para ihop (c, d) istället för (T_1, e) hade vi fått resultatet som visas i figur 3. Eftersom vi betraktar träden som orotade så är slutresultatet i själva verket samma träd som T från figur 2 även om det ritats annorlunda pga att vi kopplade ihop noderna i en annan ordning.



Figur 3: Alternativ körning på första exempel-fallet

3 Indata

Ditt program ska läsa en uppsättning DNA-sekvenser på standard input (till end of file). Vi kommer använda ett enkelt format där varje sekvens beskrivs av en rad med namnet på sekvensen följt av själva sekvensen, åtskiljda av mellanslag (varken namnet eller sekvensen kommer att innehålla några mellanslag).

Du kan anta följande om indata-strömmen:

- Alla sekvenser kommer att ha samma längd.
- Den innehåller minst 3 och högst 32 sekvenser.
- Varje sekvens är minst 1 och högst 1000 tecken lång.
- Namnen består bara av tecknen 'a'-'z', 'A'-'Z', och '0'-'9', och är mellan 1 och 15 tecken långa.
- Sekvenserna är DNA-sekvenser dvs består bara av tecknen ACGT.

4 Utdata

Ditt program ska skriva ut ett evolutionärt träd på standard output. Ett evolutionärt träd (eller fylogeni), skrivs ofta på ett format som kallas Newick. Det träd som visas i figur 2 kan då se ut så här:

```
(( (a, b), e), c, d)
```

Så länge trädet saknar rot kan man skriva trädet på flera ekvivalenta sätt. Detta träd kan alltså även skrivas på följande sätt:

```
((a,b),e,(c,d))
(a,b,((c,d),e))
(b,a,((c,d),e))
```

och många fler. Ett löv i trädet representeras alltså av en sträng med lövets/sekvensens namn. Ett inre hörn i trädet representeras med hjälp av parenteser runt om två komma-åtskilda delträd. På den översta nivån använder vi parenteser runt tre delträd.

Alla ekvivalenta sätt att formatera trädet kommer att godkännas.

Tips

Börja med I/O-delen: skriva ett program som läser in indatasekvenserna, beräknar deras avståndsmatris (D_1) med hjälp av din lösning från F2, och sedan skriver ut avståndsmatrisen. Håll delarna av programmet som är inkapslade i `IO`-monaden `minimala` – du ska inte behöva gå in i din kod från F2 och ändra den!

I den här uppgiften är det bra att använda `ghc` för att kompilera Haskell-koden till ett körbart program (utöver att använda `ghci` för att testa olika funktioner i ert program). I terminalen i Unix kan man sedan använda omdirigering av standard input för att skicka en fil till programmet. Om ni t.ex. har sparat ned första exempel-fallet till filen `sample1.in` och kompilerat ert program till en körbar binär `Main` så ska ni i terminalen kunna skriva

```
> ./Main < sample1.in
```

för att köra ert program på det aktuella indata.

Implementera sedan något sätt att representera träden som används i algoritmen, och utskrift av dessa. Modulerna `Data.Either` eller `Data.Maybe` kan vara behändiga här – kolla upp dessa!

Med kringarbetet avklarat kan man gripa sig an själva algoritmen. Du vill nog ha något sätt att representera aktuellt tillstånd i algoritmen (mängden F_i av träd vi har kvar att knyta ihop och avståndsmatrisen D_i), och en funktion som givet avståndsmatrisen D_i och två element $x, y \in F_i$ beräknar urvalsfunktionen $S_i(x, y)$.

Det är antagligen bra att följa den ovan givna algoritmens struktur ganska nära. Indata kommer vara relativt litet, högst 32 sekvenser, vilket innebär att din implementation inte behöver vara speciellt effektiv och du kan använda naiva lösningar till de olika delproblemen. Om du vill är det såklart tillåtet att göra en smartare, snabbare implementation – modulerna `Data.Set` och `Data.Map` kan vara en bra början till detta.

Redovisning

När du är klar och vill redovisa, skicka ett e-brev till kurs-mailen progp-15@csc.kth.se. Brevet ska innehålla följande:

- Subject/ärende ska vara “progp: redovisning F3”
- Submission-id till godkänd Kattis-inskickning
- Ditt/era namn och kth.se-mail-adresser

Du/Ni kommer sedan bli inbokade på en redovisningstid och få info om detta via mail.

Sample Input 1

```
a AACCGGTT
b AACCGGGG
c AATTTTTT
d AACTTTTT
e AACTTTTG
```

Sample Output 1

```
(( (a,b) , e) , c , d)
```

Sample Input 2

```
C CCCCCCCCCCCC
Go GGGGGGGGGGGG
Python GAGGCACCGGGG
Java ACACAACCCCCC
Prolog TTTCATCTTTTT
Haskell CGCGCGTTTGTT
```

Sample Output 2

```
((Prolog,Haskell) , (Go,Python) , (C,Java) )
```

Sample Input 3

```
1 AAA
2 CCC
3 GGG
```

Sample Output 3

```
(1, 2, 3)
```

Labb L1: Uppvärmning i Prolog

Problem-ID på Kattis: [kth:progp:warmup](#)

I denna labb återvänder vi till uppgifterna från labb F1. Du ska nu lösa dessa även i Prolog. Följande är ett kodskelett som man kan utgå ifrån, det innehåller triviala kodstubar (som såklart inte gör rätt) för samtliga deluppgifter i labben.

```
fib(N, F) :- F = N.  
rovarsprak(Text, RovarText) :- RovarText = Text.  
medellangd(Text, AvgLen) :- AvgLen = 1.0.  
skyffla(Lista, Skyfflad) :- Skyfflad = Lista.
```

Nedan följer specifikationer för de prolog-predikat du ska skriva. Om du har glömt bort vad som ska beräknas i de olika deluppgifterna, se labb F1.

Vanlig fallgrop

I samtliga uppgifter ska predikaten ni skriver bara generera varje lösning en gång. Med andra ord, ska t.ex. “rovarsprak[100], X.” generera X = [100, 111, 100] som lösning exakt en gång, och “skyffla([1,2], X).” generera X = [1,2] exakt en gång. Om er lösning genererar samma svar flera gånger så kommer lösningen inte bli godkänd av Kattis.

1 Fibonacci-talen

Skriv ett predikat `fib(+N, ?F)` som är sant om och endast om F är det N'te Fibonacci-talet. Målet `fib(30, F)` ska alltså ha exakt en lösning, nämligen att F är det trettionde Fibonacci-talet.

Att diskutera vid redovisning. Jämför hur stora Fibonacci-tal du kan beräkna med din Prolog-lösning jämfört med din Haskell-lösning.

2 Rövarspråket

Skriv ett predikat `rovarsprak(?Text, ?RovarText)` som är sant om och endast om `RovarText` är `Text` översatt till rövarspråket.

De två strängarna `Text` och `RovarText` kommer att representeras som listor av tecken-koder. Strängen “hej” representeras t.ex. av listan [104, 101, 106] (ASCII-koderna för ‘h’, ‘e’, och ‘j’). Det finns många olika predikat för att arbeta med sådana listor (manualen är din vän). Ett praktiskt predikat att känna till är `writeln(+Atom)` som skriver ut listan formaterad som en sträng (`writeln([104, 101, 106])`). skriver alltså ut “hej”).

Predikatet `rovarsprak` ska gå att använda “åt båda hållen”, d.v.s. `rovarsprak(T, [104, 111, 104, 101, 106, 111, 106])` (vilken är strängen som representeras av andra argumentet?) unifiera T med [104, 101, 106].

3 Medellängd

Skriv ett predikat `medellangd(+Text, ?AvgLen)` som är sant om och endast om `AvgLen` är medellängden av texten `Text`. Texten `Text` representeras precis som i förra uppgiften av en lista med tecken-koder.

Tips. Det inbyggda predikatet `char_code` kan komma till användning, kolla upp det!

4 Listskyffling

Skriv ett predikat `skyffla(+Lista, ?Skyfflad)` som är sant om och endast om `Skyfflad` är `Lista` efter omskyffling.

Att diskutera vid redovisning. Kan man använda ditt predikat för att “avskyffla” en lista (dvs gå tillbaka till ursprunget från en omskyfflad lista)?

Tips. Det inbyggda predikatet `append` kan komma till användning.

Labb L2: Konspirationsdetektion

Problem-ID på Kattis: [kth:progp:l2](#)

1 Bakgrund

Foliehattarnas Riksförbund har beställt en programvara för att söka efter möjliga konspirationer i sociala nätverk. Ett socialt nätverk i den här uppgiften består av en uppsättning personer, och information om vilka par av personer som är bekanta med varandra.

En konspiration består av ett flertal personer: en mängd konspiratörer samt en spindel i nätet, med följande egenskaper:

- Spindeln i nätet är bekant med alla konspiratörer (men kanske även andra personer som inte är konspiratörer).
- Ingen av konspiratörerna är bekant med någon annan konspiratör (eftersom detta skulle dra misstanke till sig).
- Alla personer som inte redan är konspiratörer eller spindeln i nätet känner någon av konspiratörerna (så att konspirationen har inflytande över hela nätverket).

Databas

Det sociala nätverket du ska söka i kommer vara definierat via följande två predikat.

person(?X) är sant om X är en person (så "`person(X)`" kan användas för att lista alla personer i databasen).

knows(?X, ?Y) är sant om X och Y är bekanta. Observera att vi i den här uppgiften betraktar bekantskapsrelationen som symmetrisk – om X är bekant med Y så är Y bekant med X – men i den Prolog-databas som ditt program kommer arbeta med kommer bara en av de två ordningarna vara definierad.

Databasen kommer att definiera ett relativt litet socialt nätverk, det kommer att ha högst 32 personer.

Exempeldata och testning

Till er hjälp finns en uppsättning test-databaser att ladda hem som ni kan provköra med: [l2_examples.zip](#). I den första databasen "`example1.pl`" finns även tips på hur man kan göra för att provköra samt hur man använder trace.

2 Uppgift

1. Skriv ett predikat `spider(?X)` som är sant om X kan vara spindeln i nätet i en konspiration. När predikatet anropas med en okänd ska det generera varje möjlig spindel i nätet. Det spelar ingen roll i vilken ordning de genereras, men samma person ska inte genereras flera gånger (se exempel-databasen "`example2.pl`").
2. Konstruera en egen exempel-databas för problemet där ert program tar ohemult lång tid på sig (säg, mer än 10 sekunder). Ert exempel får inte vara för stort – högst 100 personer, och ju mindre desto bättre.

Redovisning

Vid redovisning ska ni (förutom att visa upp godkänd Kattis-lösning):

- Visa er egenkonstruerade testdatabas som tar lång tid för ert program att lösa.
- Kunna förklara hur sökningen efter lösningar fungerar i ert program (t.ex. på er egenkonstruerade databas), med hjälp av trace.

3 Vägledning

En bra början är att skriva predikat för de olika del-egenskaperna vi är intresserade av, t.ex.:

- Ett predikat som givet en lista med personer avgör om ingen av personerna känner varandra
- Ett predikat som givet en lista med personer kollar om det finns någon utanför listan som inte känner någon i listan.
- Etc

Givet dessa kan en första lösning på problemet ha följande struktur, enligt “generate-and-test”-metoden.

1. Låt s vara en person och K en lista med (andra) personer.
2. Testa om K kan vara konspiratörerna med s som spindeln i nätet.

Utöver predikaten för att verifiera de önskade egenskaperna behöver du alltså skriva ett predikat som genererar alla möjliga delmängder av personer, ungefär på samma sätt som vi i exemplet från föreläsningen med permutations-sortering har ett predikat som genererar alla permutationer av en lista.

Du kan skicka in denna lösning till Kattis för att se hur långt den klarar sig. Du borde då klara ca hälften av testfallen i Kattis (och sedan få Time Limit Exceeded), om du inte gör det så är det antagligen något som du gjort konstigt som vore värt att fixa innan du går vidare med en mer komplicerad lösning.

Hur ska vi ändra lösningen så att den blir snabbare? Istället för att generera hela listan K och sedan testa om den uppfyller villkoren för att vara konspiratörerna kan man ju kolla vissa av villkoren medans listan genereras. Om t.ex. Anna och Kalle känner varandra, och vi börjar generera en lista K som innehåller både Anna och Kalle så kommer den aldrig kunna utökas till en lösning och den aktuella delen av sökningen kan brytas.

För att få din lösning tillräckligt snabb kommer du att behöva förstå *hur* Prolog letar efter en lösning. Prologs trace-verktyg är mycket användbart för detta – om du inte redan använde det till labb L1 så ska du använda det nu. Den första exempel-databasen har lite instruktioner för hur man kan använda trace.

Labb L3: Redovisningsschemaläggning

I denna labb ska du skriva en villkorsprogrammerings-modell för att schemalägga redovisningar av labbar. Modelleringsspråket du ska använda är **MiniZinc**.

Komma igång med MiniZinc

MiniZinc finns installerat i CSC:s Ubuntu-miljö. För att få tillgång till det kör du kommandot `module add minizinc`. Detta ger tillgång till kommandot `minizinc`. (Du kan även skriva `module initadd minizinc` för att göra så att minizinc-modulen automatiskt läggs till varje gång du loggar in, så att du inte behöver göra `module add` om och om igen.) Om du använder egen dator kan du ladda hem MiniZinc för ditt OS från MiniZincs hemsida.

Ladda hem **Sudoku-lösnings-exemplet** från gästföreläsningen om villkorsprogrammering. Den innehåller två filer, `sudoku.mzn` som är själva modellen, och `pussel.dzn` som är en konkret Sudoku-instans. Du kan köra MiniZinc på denna för att lösa pusslet, enligt

```
> minizinc -s sudoku.mzn pussel.dzn
1 8 5 9 2 3 7 6 4
2 3 4 6 8 7 5 1 9
6 9 7 5 1 4 3 8 2
4 7 1 3 9 8 2 5 6
9 6 8 2 7 5 4 3 1
5 2 3 4 6 1 9 7 8
3 1 6 7 4 2 8 9 5
7 4 9 8 5 6 1 2 3
8 5 2 1 3 9 6 4 7
%
% 13 choice points explored.
%
-----
```

(Flaggan “-s” säger att statistik över antalet “choice points” som utforskats ska skrivas ut, detta anger hur många gånger lösaren behövde gissa ett värde på en variabel.)

MiniZinc har en bra **tutorial** som man kan titta på för att bekanta sig närmare med modelleringsspråket. En annan användbar resurs är **dokumentationen** över alla olika inbyggda funktioner och villkor som finns i MiniZinc.

Det finns ett rudimentärt **Emacs-mode** för MiniZinc-modeller som kan laddas hem från **Håkan Kjellerstrands MiniZinc-sida** som i övrigt innehåller en stor mängd exempel på MiniZinc-modeller.

Redovisnings-schemaläggning

Vi vill automatisera schemaläggning av redovisning av labbar i en kurs. Kursen har ett antal olika labbar, och studenter har skickat in lösningar på dessa. De data som är givna är en mängd labb-lösningar, samt hur många labbhandledare som är tillgängliga, och hur många redovisningstider som finns för varje labbhandledare.

Varje *labb-lösning* specificeras av två parametrar:

1. Vilken labb som lösts
2. Vilken delmängd studenter som gjort lösningen (typiskt två studenter då de jobbar i par).

Antal handledare och redovisningstider ges helt enkelt av varsitt heltal.

Givet dessa data vill vi schemalägga en mängd redovisningar. Varje *redovisning* specificeras av fyra parametrar:

1. Vilken labb som redovisas
2. Vilka studenter som ingår i denna redovisningsgrupp
3. Vilken handledare som de ska redovisa för
4. Vilken tid de ska redovisa

Följande villkor gäller för redovisningspassen:

- Varje student ska få redovisa exakt de labbar hen löst, och inte behöva redovisa någon labb mer än en gång.
- Redovisningsgrupperna ska bestå av grupper om 2 studenter (i undantagsfall en grupp per labb med 3 studenter, om det är ett udda antal studenter som gjort den labben).
- Varje student ska redovisa varje labb tillsammans med en annan student (eller två andra, i undantagsfallet med en redovisningsgrupp av storlek 3) än den/de studenter som hen gjort labben tillsammans med. Med andra ord: om två studenter jobbat tillsammans på en lab ska de inte hamna i samma redovisningsgrupp för den labben (men om de båda ska redovisa någon annan labb och inte jobbat tillsammans på den så är det OK om de hamnar i samma redovisningsgrupp för den andra labben).
- En labbhandledare kan inte vara inbokad på två olika redovisningar vid samma tidpunkt.
- En student kan inte vara inbokad på två olika redovisningar vid samma tidpunkt.

Skelett

Ladda hem [skelett](#) till MiniZinc-modell för labben. Detta skelett definierar alla problemets datavariabler och lösningsvariabler, samt innehåller kod för utskrift av lösningen. Det du behöver göra är att konstruera de villkor som lösningen ska uppfylla.

Skelettet definierar även flera olika hjälpvariabler som kan vara användbara i en lösning. Du kan såklart välja huruvida du vill eller inte vill använda dessa, och huruvida du vill definiera ytterligare hjälpvariabler.

I slutändan ska de variabler som definieras i kodskelettet ges en korrekt tilldelning, så att modellen producerar utskrift enligt det givna utskriftsformatet.

Datafiler

En uppsättning datafiler med testfall att köra på finns att ladda hem [här](#). De är indelade i tre olika “svårighetsgrader”: easy, medium och hard. För att bli godkänd på labben krävs att din modell klarar samtliga easy-instanser, och minst hälften (avrundat uppåt) av alla medium-instanser. Din modell behöver inte klara någon av hard-instanserna (kursledarens modell gör inte det!), dessa tillhandahålls bara som en extra utmaning för den som är intresserad.

Att “klara” en instans här betyder att en lösning ska hittas (eller icke-satisfierbarhet upptäckas) inom högst någon minut på en normal dator.

Dokumentation

Du ska skriva ett kort dokument som beskriver vad som gjorts. Detta ska innehålla:

1. Namn på vem/vilka som skrivit lösningen.
2. Vilka av testfallen du klarar och vilka lösningar du får, samt hur många choice points som användes och hur mycket CPU-tid varje testfall tog att lösa.
3. Kort reflektion över resultatet och dina intryck av villkorsprogrammering i allmänhet och minizinc i synnerhet. Vad var bra och vad var dåligt? Vad var lätt och vad var svårt?

Rapporten kan vara en enkel txt-fil eller en pdf. *Word-dokument eller liknande format är ej OK.* En typisk längd är 1 sida men det är inget krav att rapporten måste vara så lång.

Redovisning

När du är klar och vill redovisa, skicka ett e-brev till kurs-mailen progp-15@csc.kth.se. Brevet ska innehålla följande:

- Subject/ärende ska vara “progp: redovisning L3”
- Ditt/era namn och kth.se-mail-adresser
- En zip-fil innehållandes:
 - Din lösning.
 - Den korta rapporten som beskriver vad du/ni gjort, enligt beskrivningen ovan.

Du/Ni kommer sedan bli inbokade på en redovisningstid och få info om detta via mail.

Labb S1: Reguljära Uttryck

Problem-ID på Kattis: [kth:progp:s1](#)

Reguljära uttryck och deras varianter är mycket praktiska vid vardaglig programmering. I denna laboration ska du konstruera reguljära uttryck för lite olika strängsökningssproblem. För att kommunicera dina reguljära uttryck till Kattis ska du använda programspråket Python. Du kommer inte behöva skriva någon avancerad Python-kod, så du behöver inte ha använt Python tidigare. **Dina funktioner måste ligga i en fil som heter `s1.py`** annars kommer du få Run Time Error (“ImportError”) i Kattis.

Ladda hem [kodskelettet](#). Skelettet definierar flera funktioner. I skelettet returnerar alla funktionerna en tom sträng, men de ska i din lösning returnera strängar som innehåller olika regex för att lösa de olika deluppgifterna nedan. T.ex. ska alltså den första funktionen, `dna()`, returnera ett regex för att matcha DNA-sekvenser. Kodskelettet innehåller även lite kod för att testa din lösning, se kommentarer i kodskelettet för hur man kan gå tillväga med detta.

I två av uppgifterna ska det reguljära uttryck du konstruerar bero på en söksträng som skickas som indata. Här kan du behöva skriva lite minimal Python-kod (Python-manualens [tutorial om strängar](#) är nog till hjälp om du aldrig använt Python förut).

De regex du konstruerar får vara högst 250 tecken långa (detta är en generöst tilltagen gräns), förutom i de två uppgifterna som tar en söksträng som indata. Om du i någon av de andra uppgifterna returnerar ett för långt regex kommer din inskickning att få ett Run Time Error i Kattis. I de två uppgifterna med en söksträng som indata finns ingen specifik övre gräns på hur långt ditt regex får vara, men om det är för långt och komplicerat kommer din lösning att få Time Limit Exceeded.

Matchningen som kommer att utföras med de regex du konstruerar är att den kommer söka efter någon del av strängen som matchar ditt uttryck. Det betyder att i uppgifter där kravet är att hela strängen ska uppfylla något villkor så måste du använda de speciella regex-symbolerna “^” och “\$”. Du kan läsa mer om dessa, samt om vilken regex-funktionalitet som finns i Python i allmänhet, [här](#).

Uppgifterna är ungefär sorterade efter kursledarens subjektiva åsikt om deras svårighetsgrad, och Kattis kommer att testa uppgifterna i samma ordning. När du är klar med första uppgiften kan du alltså skicka in din lösning och se om du klarar alla testfall som hör till första uppgiften, och så vidare.

Uppgifter

1. DNA

Skriv ett regex som matchar en sträng om och endast om den är en DNA-sekvens, dvs bara består av tecknen ACGT (endast stora bokstäver, ej acgt).

2. Sorterade tal

Skriv ett regex som matchar en sträng över tecknen 0-9 om och endast om tecknen strängen är sorterade i fallande ordning. Till exempel ska “42”, “9876543210”, och “000” matchas, men “4711”, “11119”, “123”, och “777a” inte matchas.

3. Sök efter given sträng – del 1

Skriv ett regex som matchar en sträng s om och endast en given söksträng x förekommer som *delsträng* i s . Om söksträngen x är “progp” ska alltså t.ex. strängarna “popororpoprogpepor” och “progprog” matchas, men inte “PROGP”, “programmeringsparadigm”, eller “inda”. Du kan anta att indatasträngen x bara består av bokstäver och siffror.

4. Sök efter given sträng – del 2

I den här uppgiften kan man ha användning av metoden [string.join](#) (exempel [här](#)).

Skriv ett regex som matchar en sträng s om och endast en given söksträng x förekommer som *delsekvens* i s , dvs om man genom att ta bort några tecken ur s kan bilda x . Om söksträngen x är “progp” ska alltså alla strängar som matchade i exemplet för del 1 fortfarande matcha, men nu ska

även t.ex. “programmeringsparadigm” och “p r o g p” matcha (men inte “inda” eller “poprg”). Du kan anta att indatasträngen x bara består av bokstäver och siffror.

5. Ekvationer utan parenteser

Eftersom reguljära uttryck (och även regex) inte kan användas för att kolla om en uppsättning parenteser är balanserade så kan man inte skriva regex för att matcha allmänna ekvationer. Men vi kan skriva ett regex för att matcha aritmetiska uttryck och ekvationer som inte tillåts innehålla parenteser, och det ska vi göra nu.

De aritmetiska uttrycken vi vill matcha består av ett eller flera heltal, åtskiljda av någon av operatorerna för de fyra räknesätten: +, -, *, /. Heltalen kan ha inledande nollor (matchande exempel 4 nedan). I början av ett uttryck kan det finnas ett plus- eller minustecken för att explicit säga att första talet är positivt eller negativt (matchande exempel 2, 3, 5 nedan), men vi tillåter inte detta på tal i mitten av uttryck (icke-matchande exempel 2 nedan). En ekvation är två uttryck separerade av ett likhetstecken. Bara ett likhetstecken kan förekomma (icke-matchande exempel 4 nedan).

Strängar som ska matchas	Strängar som inte ska matchas
1589+232	5*x
-12*53+1-2/5	18/-35
18=+17/25	*23
000=0	7=7=7
+1+2+3=-5*2/3	3.14159265358

6. Parenteser med begränsat djup

Reguljära uttryck kan inte användas för att beskriva balanserade parentesuttryck i allmänhet, men om vi begränsar oss till parentesuttryck med begränsat djup kan man göra det. Med “djupet” för ett parentesuttryck menar vi det maximala antalet nästlade parentespar. Djupet för “()” är 1, och djupet för “()()()()” är 3.

Skriv ett regex för att känna igen balanserade parentesuttryck som har djup högst 5. Till exempel ska strängarna “()()”, “((((())))”, “()((()()()))” matcha, men strängarna “()()”, “((((()()()())))” och “(x)” inte matcha.

Tänk på att “(” och “)” har speciell betydelse i regex, och att man måste använda “\” och “\)” för att matcha vänster- och höger-parentestecken.

7. Sorterade tal igen

Skriv ett regex som matchar en sträng över tecknen 0-9 om och endast om det finns tre intilliggande siffror någonstans i talet som är sorterade i strikt stigande ordning. Till exempel ska “123”, “9876456000”, “123456789” och “91370” matcha, men “111”, “415263”, “xyz123xyz” ska inte matchas.

(Tips: börja med att skriva ett reguljärt uttryck för tre siffror i stigande ordning där den mittersta siffran är t.ex. “4”, och fundera sedan på hur detta kan användas.)

Att diskutera vid redovisning.

Kan man göra en variant av lösningen på uppgift 4 där glappen mellan bokstäverna måste vara lika långa? Isåfall ungefär hur? I denna variant skulle “p123r123xyzgoooo” alltså innehålla söksträngen “prog” eftersom den återfinns med ett glapp på 3 tecken mellan varje bokstav i söksträngen, men “p123r123o123g12p” skulle inte anses innehålla “prog” eftersom glappet mellan “g” och “p” inte är lika stort som övriga.

Kan man kombinera lösningarna för uppgifterna 5 och 6 för att skriva ett regex för att matcha aritmetiska uttryck och ekvationer som tillåts innehålla parentesuttryck upp till ett begränsat djup? Isåfall ungefär hur?

Kan man generalisera lösningen på uppgift 7 och skriva ett regex som matchar strängar med fyra, intilliggande siffror istället för tre? Och vidare till fem, sex, etc intilliggande sorterade siffror? Isåfall ungefär hur?

Labb S2: Sköldpaddegrafik

Problem-ID på Kattis: [kth:progp:s2](#)

I denna labb ska du implementera en parser för ett enkelt programmeringsspråk för grafik, baserat på det klassiska programmeringsspråket **Logo** (som du inte behöver känna till sedan tidigare eller ens när du är klar med den här labben). Du får använda vilket programmeringsspråk du vill bland de som finns på Kattis, men du får inte använda inbyggda bibliotek/verktyg för att konstruera parsers (t.ex. DCG i Prolog) utan ska implementera denna “från scratch”. Däremot får du använda inbyggda bibliotek/verktyg för reguljära uttryck för din lexikala analys, om du vill (även om språket som ska parsas är såpass enkelt att det inte finns något egentligt behov av det).

Sköldpaddegrafik

Till vår hjälp har vi en sköldpadda (låt oss kalla den Leonardo) med en penna. Vi kan instruera Leonardo att gå till olika platser och linjer ritas då längs vägen Leonardo går. Instruktionerna till Leonardo ges som “program” i Leonardo-språket. Språket har följande instruktionsuppsättning:

FORW d	Leonardo går framåt d punkter (för ett <i>positivt</i> heltal d).
BACK d	Leonardo går bakåt d punkter (för ett <i>positivt</i> heltal d).
LEFT θ	Leonardo svänger vänster θ grader (för ett <i>positivt</i> heltal θ), utan att flytta sig från sin nuvarande position.
RIGHT θ	Leonardo svänger höger θ grader (för ett <i>positivt</i> heltal θ), utan att flytta sig från sin nuvarande position.
DOWN	Leonardo sänker ned pennan så att den lämnar spår efter sig när Leonardo rör sig
UP	Leonardo höjer pennan så att inget spår lämnas när Leonardo rör sig
COLOR c	byter färg på pennan till färgen c . Färg specas på hex-format, t.ex. #FFA500 för orange (om du är osäker på vad detta innebär så är din favoritsökmotor din vän, som vanligt).
REP r <REPS>	Leonardo upprepar <REPS> r gånger (för ett <i>positivt</i> heltal r). <REPS> är en sekvens av en eller flera instruktioner, omgivna av citationstecken (“”). Om sekvensen bara består av en enda instruktion är citationstecknen valfria.

Språket är case insensitive – i både kommando-namn och beskrivning av färger kan man blanda små och stora bokstäver hur man vill. Kommandon i språket avslutas med punkt (‘.’), med undantag för REP-kommandon, efter dessa har man inga punkter (däremot har man punkt efter kommandon i REP-sekvensen). Man kan skriva kommentarer i språket med procenttecken (‘%’), allt som står efter ett procenttecken på en rad anses vara en kommentar. All whitespace (mellanslag, tabbar och nyradstecken) är ekvivalent förutom i kommentarer (där nyrad betyder “slut på kommentar”). Det måste finnas whitespace mellan ett kommando och dess parameter (t.ex. mellan RIGHT och θ), i övrig är all whitespace optional.

Leonardo startar på positionen (0,0) och är vänd i riktning mot punkten (1,0). Pennan är initialt blå (#0000FF) och i upphöjt läge.

Notera att även om alla indataparametrar är heltal så kan Leonardo hamna på koordinater som inte är heltal. Om vi t.ex. från startläget utför LEFT 30. FORWARD 2. kommer Leonardo att befinna sig på positionen $(\sqrt{3}, 1) \approx (1.732, 1)$.

Uppgifter

Det övergripande målet med uppgiften är att skriva en *översättare* för Leonardo-språket, som översätter ett program på Leonardo-språket till en lista med linjesegment givna i kartesiska koordinater. För varje instruktion där Leonardo går framåt eller bakåt och pennan är nedsänkt ska du alltså konstruera ett linjesegment från punkten (x_1, y_1) där Leonardo startar till punkten (x_2, y_2) där Leonardo stannar.

För att göra detta ska du utföra följande uppgifter:

1. Skriv en grammatik för Leonardo-språket. Detta inkluderar att välja en lämplig nivå på hur indatafilen ska delas upp i tokens, d.v.s. vilka delar av parsningen som ska skötas i det lexikala analyssteget, och vilka delar som ska skötas av själva parsern. Senare ska en rekursiv medåknings-parser skrivas enligt grammatiken, så försök se till att grammatiken är lämpad för detta (annars kommer den antagligen behöva modifieras).
2. Som första steg i en parser för din grammatik, skriv en lexikal analysator som delar upp indatafilen i tokens.
3. Skriv en parser för Leonardo-språket med rekursiv medåkning. Parsern ska ta sekvensen av tokens som produceras av den lexikala analysatorn, och producera ett syntaxträd.
4. Skriv kod för att översätta det syntax-träd som produceras av parsern till en lista med linjesegment.
5. Slå ihop lexikal analys, parsning, och översättning till ett fullständigt program som läser ett Leonardo-program och konstruerar linjesegmenten. Se nedan för detaljerad information om hur indata ska läsas och utdata skrivas.

Vägledning

För att göra översättningen behöver man kunna beräkna vilken position Leonardo befinner sig på. Låt oss påminna om följande grundläggande trigonometriska faktum: om Leonardo befinner sig på koordinaterna (x, y) , är vänd i riktning v (antal grader moturs från rakt högerut), och går d punkter framåt, så kommer Leonardos nya position att vara $(x + d \cos(\pi v/180), y + d \sin(\pi v/180))$

Indata

Indata består av ett Leonardo-program och ges på standard input (vid behov, se Kattis-tutorial 2 för information om vad detta betyder och hur man går tillväga).

Du kan anta att om det givna programmet är syntaktiskt korrekt så kommer alla alla tal som är obegränsade i språkdefinitionen (avståndsparametrar d och repetitionsparametrar r) vara högst 10^5 , och att det totala antalet instruktioner som utförs när man kör programmet kommer vara högst $2 \cdot 10^5$ (dessa är alltså garantier på indata, inget du behöver kontrollera).

Indatafilen är högst 1 MB stor.

Utdata

- Om det givna Leonardo-programmet är syntaktiskt felaktigt ska följande meddelande skrivas ut, där r är den rad på vilken (första) syntaxfelet finns:

Syntaxfel på rad r

- Annars, om det givna programmet är syntaktiskt korrekt, ska en lista med linjesegment som ritas av programmet skrivas ut. Segmenten ska skrivas ut i samma ordning som de ritas av Leonardo, och varje segment skrivs ut på en ny rad, på följande format:

$c \ x_1 \ y_1 \ x_2 \ y_2$

Här är c färgen linjesegmentet har (i hex-format precis som i språket), (x_1, y_1) är startpunkten för linjesegmentet (den punkt där Leonardo började när segmentet ritades) och (x_2, y_2) är slutpunkten för linjesegmentet (den punkt där Leonardo slutade). Koordinaterna ska vara korrekta upp till en noggrannhet på 10^{-3} (om man använder `double`-variabler och skriver ut dem med 4 eller fler decimaler ska detta inte orsaka några bekymmer).

Sample Input 1

```
% Det här är en kommentar
% Nu ritar vi en kvadrat
DOWN.
FORW 1. LEFT 90.
FORW 1. LEFT 90.
FORW 1. LEFT 90.
FORW 1. LEFT 90.
```

Sample Output 1

```
#0000FF 0.0000 0.0000 1.0000 0.0000
#0000FF 1.0000 0.0000 1.0000 1.0000
#0000FF 1.0000 1.0000 0.0000 1.0000
#0000FF 0.0000 1.0000 0.0000 0.0000
```

Sample Input 2

```
% Space runt punkt valfritt.
DOWN . UP.DOWN. DOWN.
% Rader kan vara tomma

% radbrytning/space/tabbar för
% att göra koden mer läsbar.
REP 3 "COLOR #FF0000.
    FORW 1. LEFT 10.
    COLOR #000000.
    FORW 2. LEFT 20."
% Eller oläslig
    COLOR
% färgval på gång
#111111.
REP 1 BACK 1.
```

Sample Output 2

```
#FF0000 0.0000 0.0000 1.0000 0.0000
#000000 1.0000 0.0000 2.9696 0.3473
#FF0000 2.9696 0.3473 3.8356 0.8473
#000000 3.8356 0.8473 5.3677 2.1329
#FF0000 5.3677 2.1329 5.8677 2.9989
#000000 5.8677 2.9989 6.5518 4.8783
#111111 6.5518 4.8783 6.5518 3.8783
```

Sample Input 3

```
% Syntaxfel: felaktig färgsyntax
COLOR 05AB34.
FORW 1.
```

Sample Output 3

```
Syntaxfel på rad 2
```

Sample Input 4

```
% Oavslutad loop
REP 5 "DOWN. FORW 1. LEFT 10.
```

Sample Output 4

```
Syntaxfel på rad 2
```

Sample Input 5

```
% Syntaxfel: ej heltal
FORW 2,3.
```

Sample Output 5

```
Syntaxfel på rad 2
```

Sample Input 6

```
%&(CDH*(
FORW
#123456.
&C(*N&(*#NRC
```

Sample Output 6

```
Syntaxfel på rad 3
```

Sample Input 7

```
% Måste vara whitespace mellan
% kommando och parameter
DOWN. COLOR#000000.
```

Sample Output 7

```
Syntaxfel på rad 3
```

Sample Input 8

```
% Syntaxfel: saknas punkt.
DOWN
% Om filen tar slut mitt i ett kommando
% så anses felet ligga på sista raden
% i filen där det förekom någon kod
```

Sample Output 8

```
Syntaxfel på rad 2
```

Sample Input 9

```
% Måste vara space mellan argument
REP 5"FORW 1."
% Detta inte OK heller
REP 5FORW 1.
```

Sample Output 9

```
Syntaxfel på rad 2
```

Sample Input 10

```
% Nästlad loop 1
REP 2 "UP. FORW 10. DOWN. REP 3 "LEFT 120. FORW 1.""
% Nästlad loop 2
REP 3 "REP 2 "RIGHT 2. FORW 1."
      COLOR #FF0000. FORW 10. COLOR #0000FF."
% COLOR #000000. % Bortkommenterat färgbyte
BACK 10.
% Upper/lower case ignoreras
% Detta gäller även hex-tecknen A-F i färgerna i utdata,
% det spelar ingen roll om du använder stora eller små
% bokstäver eller en blandning.
color #AbCdEf. left 70. foRw 10.
```

Sample Output 10

```
#0000FF 10.0000 0.0000 9.5000 0.8660
#0000FF 9.5000 0.8660 9.0000 0.0000
#0000FF 9.0000 0.0000 10.0000 0.0000
#0000FF 20.0000 0.0000 19.5000 0.8660
#0000FF 19.5000 0.8660 19.0000 0.0000
#0000FF 19.0000 0.0000 20.0000 0.0000
#0000FF 20.0000 0.0000 20.9994 -0.0349
#0000FF 20.9994 -0.0349 21.9970 -0.1047
#FF0000 21.9970 -0.1047 31.9726 -0.8022
#0000FF 31.9726 -0.8022 32.9671 -0.9067
#0000FF 32.9671 -0.9067 33.9574 -1.0459
#FF0000 33.9574 -1.0459 43.8601 -2.4377
#0000FF 43.8601 -2.4377 44.8449 -2.6113
#0000FF 44.8449 -2.6113 45.8230 -2.8192
#FF0000 45.8230 -2.8192 55.6045 -4.8983
#0000FF 55.6045 -4.8983 45.8230 -2.8192
#ABCDEF 45.8230 -2.8192 51.1222 5.6613
```

Sample Input 11

```
% Ta 8 steg framåt  
REP 2 REP 4 FORW 1.  
REP% Repetition på gång  
2% Två gånger  
"%Snart kommer kommandon  
DOWN% Kommentera mera  
.% Avsluta down-kommando  
FORW 1  
LEFT 1. % Oj, glömde punkt efter FORW-kommando  
"
```

Sample Output 11

Syntaxfel på rad 9

Labb S3: Automatanalys

Problem-ID på Kattis: [kth:progp:s3](#)

I den här labben ska du skriva kod för att analysera en ändlig automat (deterministic finite automaton, DFA). Mer specifikt ska du skriva ett program som genererar “alla” (upp till en övre gräns) strängar som accepteras av en given automat.

Labben är primärt avsedd att utföras i Java. Det är möjligt att använda något annat språk men i detta fall kommer du behöva göra lite mer saker själv (se avsnittet “Använda annat språk” nedan).

Du ska implementera en klass `DFA` som representerar en automat. Klassen ska ha följande metoder:

- `public DFA(int stateCount, int startState);`
Konstruktör som skapar en automat med `stateCount` antal tillstånd, där tillstånd nummer `startState` är starttillstånd. Tillstånden numreras från 0 till `stateCount - 1`.
- `public void setAccepting(int state);`
Anger att tillståndet `state` är ett accepterande tillstånd.
- `public void addTransition(int from, int to, char sym);`
Anger att det finns en övergång från `from` till `to` med tecknet `sym`.
- `public List<String> getAcceptingStrings(int maxCount);`
Metod som returnerar upp till `maxCount` olika strängar som automaten accepterar. Om automaten accepterar färre (eller lika med) `maxCount` strängar ska alla strängar som automaten accepterar returneras. Om automaten accepterar fler strängar ska exakt `maxCount` olika strängar returneras. I det senare fallet får metoden i princip returnera vilka accepterande strängar som helst (det behöver t.ex. inte vara de första i alfabetisk ordning, eller något sådant), men av tekniska skäl får de returnerade strängarna inte vara allt för långa (se “Begränsningar” nedan). Listan som returneras behöver inte vara sorterad, strängarna kan returneras i godtycklig ordning.

Testkod

För att komma igång tillhandahålls ett [kodskelett](#), inklusive en main-klass och några testfall, som du kan använda för att provköra din lösning. Mer information finns i den medföljande README-filen.

Till Kattis ska du bara skicka in din lösning `DFA.java`, inte main-klassen `Main.java` eller inläsningsrutinerna i `Kattio.java` (som main-klassen använder sig av).

Använda annat språk

Om du väldigt gärna vill använda något annat språk än Java så är det tillåtet (men det måste vara ett språk som finns på Kattis). I detta fall behöver du själv hantera inläsning av automaten och utskrift av svaret genom att konvertera `Main.java` från Java-skelettet till det språk du vill använda.

Begränsningar

I Kattis-testerna kommer automaten inte att ha mer än 50 tillstånd, och parametern `maxCount` kommer inte överstiga 1000. De tecken som kommer användas i Kattis-testerna är `a-z`, `A-Z`, och `0-9`. (Dessa begränsningar är inte något ni ska hård-koda i er lösning, utan en vägledning om ni har problem att bli godkända i Kattis och vill begränsa vad ni testar.)

Strängarna som `getAcceptingStrings` returnerar får vara högst 5000 tecken långa (detta kommer alltid vara tillräckligt med väldigt god marginal).

Du kan anta att alla anrop till din klass är korrekta och *behöver inte* skriva någon speciell felhantering. T.ex. kommer alltså parametrarna `from` eller `to` i `addTransition` alltid ges värden som är mellan 0 och `stateCount - 1`, och från varje tillstånd och tecken kommer det finnas högst en övergång från tillståndet för det tecknet.

Redovisning

När du är klar och vill redovisa, skicka ett e-brev till kurs-mailen progp-15@csc.kth.se. Brevet ska innehålla följande:

- Subject/ärende ska vara “progp: redovisning S3”
- Submission ID på Kattis för din godkända lösning.
- Ditt/era namn och kth.se-mail-adresser

Du/Ni kommer sedan bli inbokade på en redovisningstid och få info om detta via mail.

Labb S4: Leonardo++

I denna labb ska du arbeta med en utökning av Leonardo-språket från labb S2. Du **ska** konstruera en parser för det utökade språket med hjälp av en parser-generator (du får alltså inte lösa uppgiften genom att bygga vidare på din egenkonstruerade lexer+parser från S2), och ta översättningen av språket ett steg längre genom att översätta programmen till faktiska bilder.

Tillåtna verktyg

Du *ska* skriva en helt ny parser med hjälp av en lexer- och en parser-generator (däremot kan du med fördel bygga vidare på din syntaxträds-representation från S2). Du kan välja att använda något av följande språk/verktyg:

- Java, med jflex och Cup
- C, med flex och bison
- C++, med flex++ och bison

Om du vill använda något annat språk och lexer/parser-generator, maila till progp-15@csc.kth.se först och fråga om det går bra.

Om du väljer att använda Java kan du utgå från exemplet från syntaxföreläsning 4 (finns att ladda hem från kurshemsidan). Om du väljer att använda C/C++ får du söka bland den rikliga information som finns på nätet om hur man kommer igång med dessa.

Utökning av språket

För grunderna i Leonardo-språket, se lydelsen till laboration S2. Det utökade språket Leonardo++ har följande extra delar.

Aritmetiska uttryck Till alla kommandon som tar en heltalsparameter (d.v.s. FORW, BACK, LEFT, RIGHT, REP) kan man nu skriva ett aritmetiskt uttryck. Uttrycken kan använda de binära operatorerna '+', '-', '*', '/', de unära operatorerna '+' och '-', samt parenteser för gruppering. Divisionsoperatoren '/' är heltalsdivision, dvs " $-5/3$ " ska ge -2 , och " $5/3$ " ska ge 1. De vanliga precedensreglerna för operatorerna ska gälla, dvs multiplikation och division ska binda hårdare än addition och subtraktion. Alla operatorer ska vara vänsterassociativa, dvs " $42-17-23$ " ska ge 2, och " $100/3/3$ " ska ge 11.

Exempel:

FORW 9-2+-3. går 4 steg framåt.

REP 2*(1+1) "LEFT 360/7. FORW 9/2-2*3+7." upprepar sekvensen "sväng vänster 51 grader, gå framåt 5 steg" fyra gånger.

Variabler Leonardo++ innehåller även variabler som ska spara heltalsvärden. Giltiga variabelnamn är strängar över stora och små bokstäver, siffror och underscore, med regeln att ett variabelnamn måste börja på en stor eller liten bokstav (ej siffra eller underscore), och att de olika kommandonamnen (FORW, BACK, LEFT, RIGHT, DOWN, UP, REP, COLOR) inte är giltiga variabelnamn (kom ihåg att kommandona är case insensitive, så t.ex. coLoR är inte heller ett giltigt variabelnamn).

Variabler kan tilldelas genom ett kommando på formen <variabelnamn> = <uttryck>, där <uttryck> är ett aritmetiskt uttryck (dvs samma typ av sträng som kan anges som parameter till en del kommandon).

Variabler kan användas i aritmetiska uttryck istället för tal. Om t.ex. variabeln x7 satts till 10 kan man alltså skriva "FORW x7*x7." för att gå 100 steg framåt.

Alla variabler är globala. **Exempel:**

```
REP 5 "LEFT 10. FORW 10. inre = 42."  
FORW inre.
```

Trots att `inre` bara tilldelas inne i `REP`-loopen så lever dess värde kvar utanför loopen (och används i exemplet för att ta 42 steg framåt).

Översättning till bilder

Utöver en parser för Leonardo++ ska du alltså gå ett steg längre i “kompileringen” av Leonardo-program än i labb S2, genom att producera faktiska bilder i PDF-format. PDF är ett relativt komplicerat filformat, och du vill antagligen inte skriva kod från scratch för att producera PDF-bilder (du får göra det om du vill, men vi avråder ifrån det).

Det finns några olika sätt att lösa detta på. Vi rekommenderar följande lösning. Välj ett enkelt textbaserat filformat för vektorgrafik, till exempel [postscript](#) eller [svg](#), och skriv kod för att spara bilderna i detta format. Använd sedan ett externt program för att konvertera från det textbaserade formatet till pdf (tanken är alltså att din lösning automatiskt kör det externa programmet, inte att man behöver göra det manuellt).

I linux kan man konvertera mellan nästan alla typer av bildformat med kommandot `convert` från ImageMagick. Det har dock bristen att det [rasteriserar](#) vektorgrafik, så använder man detta kommer man få fula och pixliga pdf-bilder. En bättre lösning för att konvertera till pdf är kommandot `epstopdf` för (encapsulated) postscript. För att det ska fungera bra behöver man beräkna en *bounding box* för bilden, dvs inom vilka *x*- och *y*-koordinater bilden befinner sig. Exempel på hur en intermediär postscript-fil kan se ut finns bland exemplen nedan. För SVG kan man läsa följande [tråd på StackOverflow](#).

In- och utdata

Denna labb rättas inte på Kattis, så du kan själv välja hur du vill skicka en fil till programmet, om du vill skicka den på standard input som i S2, eller om du vill skicka den som kommandoradsparameter (som man brukar göra i kompilatorer).

Utdata från ditt program ska, som beskrivits ovan, vara en pdf-bild som visa upp den bild som det givna Leonardo++-programmet beskriver. Eftersom denna uppgift inte körs på Kattis är det inte lika noga som i labb S2 med felhantering.

Exempelfall

Några exempelfall, tillsammans med postscript-versioner av bilderna för att illustrera hur man kan använda postscript-formatet, finns att [ladda hem](#). Dessa fall finns även illustrerade i slutet av den här problemlöydelsen.

Du ska konstruera några egna exempel-program i Leonardo++, och de bilder som dessa genererar. Exempel-fallen ska innehålla alla de olika kommandon som finns, och generera bilder med linjer i flera olika färger. Åtminstone ett av dina testfall ska vara så stort att det genererar flera hundra linjer (lätt att åstadkomma med lite loopar).

Redovisning

När du är klar och vill redovisa, skicka ett e-brev till kurs-mailen progp-15@csc.kth.se. Brevet ska innehålla följande:

- Subject/ärende ska vara “progp: redovisning S4”
- En zip-fil, innehållandes:
 - Ditt program med källkod
 - Instruktioner om och exempel på hur man kompilerar och använder programmet

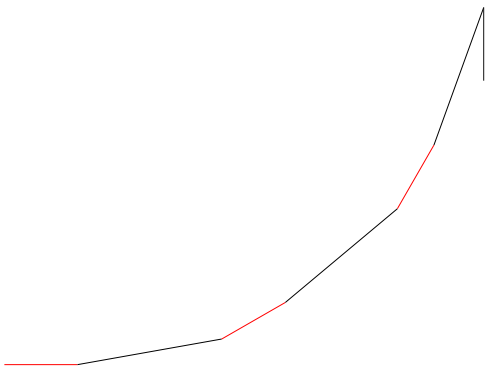
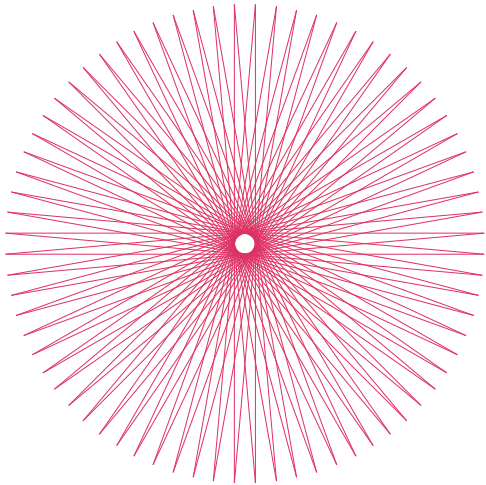
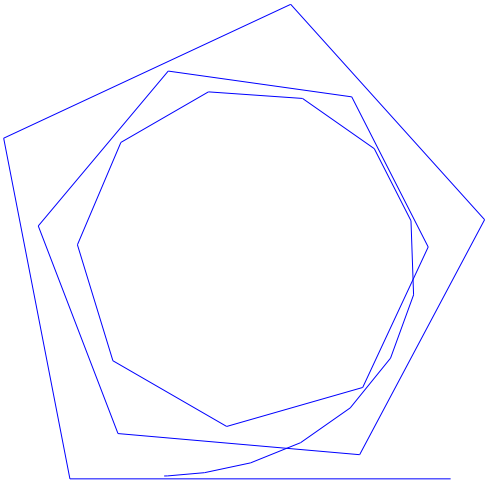
- Dina exempel-program och -bilder (se ovan).

Alla filer i zip-filen ska ligga i en underkatalog (med andra ord, om man packar upp zip-filen i en katalog X ska endast en ny katalog skapas i X, och alla filer ligga i den nya katalogen).

- Ditt/era namn och kth.se-mail-adresser

Du/Ni kommer sedan bli inbokade på en redovisningstid och få info om detta via mail.

Exempelfall

Leonardo++-program	Resultande bild
<pre> % Space runt punkt valfritt. DOWN . UP.DOWN. DOWN. % Rader kan vara tomma % radbrytning/space/tabbar för % att göra koden mer läsbar. REP 3 "COLOR #FF0000. FORW 1. LEFT 10. COLOR #000000. FORW 2. LEFT 20." % Eller oläslig COLOR % färgval på gång #111111. REP 1 BACK 1. </pre>	
<pre> COLOR #DE3163. DOWN. REP 72 "FORW 5. LEFT 175." </pre>	
<pre> down. turn = 1. speed = 1. rep (turn+2*speed)*(10/turn-1) " left turn. forw speed. speed=speed*11/10+10/turn. turn=turn+3. " </pre>	

Labb X1: Jämförelse av Paradigm

I denna labb ska du lösa flera olika mindre uppgifter, i flera olika programmeringsparadigm.

De tre uppgifter du ska lösa är följande Kattis-uppgifter:

- **Alphabet Spam**
- **Flexible Spaces**
- **Pebble Solitaire** (om du vill ha en extra utmaning finns problemet pebblesolitaire2 som är likadant fast med större bräden, men det behöver du inte ge dig på för att bli godkänd på den här labben)

De tre paradigm som du ska använda är:

- imperativ/objektorienterad programmering, där du får välja mellan C, C++ och Java.
- funktionell programmering, i form av Haskell
- logikprogrammering, i form av Prolog

Du ska lösa *var och en av de tre uppgifterna i minst två paradigm*, och du ska använda *var och en av de tre paradigmerna för att lösa minst två uppgifter*. Totalt ska du alltså ha skrivit minst 6 st. program (men de är alla ganska små).

Om ni jobbar tillsammans, observera följande: som vanligt är grundprincipen att ni ska lösa uppgifterna tillsammans (inte bara dela upp de olika uppgifterna sinsemellan och göra dem på varsitt håll), och som vanligt gäller att båda i gruppen ska ha full koll på all kod som ni vill redovisa. Ni kommer inte att redovisa labben tillsammans med er labbpartner.

Sidospår: Prolog

I/O

I/O i Prolog kan vara lite krångligt, och är inte tänkt att vara fokus för den här labben. Därför tillhandahålls en fil **kattio.pl** som innehåller inläsningsrutiner för att läsa in tal och strängar. Filen innehåller dokumentation om hur man använder den, men för att ge ett exempel tillhandahålls även en lösning på Kattis-problemet **A Different Problem** här: **different.pl**.

(Rutinerna i kattio.pl går säkert att förbättra så att de blir lite snabbare. Om du tycker detta är kul och kommer på sätt att förbättra rutinerna får du gärna informera Per om det!)

Kompilering

För att kompilera ett prolog-program till en körbar binär på samma sätt som Kattis gör kan man skriva följande i terminalen:

```
swipl -O -q -g main -t halt -o {binär} -c {källkods-filer}
```

Där {binär} är vad man vill att binären som man sedan kör ska heta, och {källkods-filer} är en lista med de filer man vill kompilera. Den körbara binären kan man sedan provköra på sedvanligt sätt från terminalen, och använda "<" för att dirigera in en indatafil som indata till programmet.

Dokumentation

Du ska skriva ett kort dokument som beskriver vad som gjorts. Denna ska innehålla:

1. Namn på vem/vilka som skrivit den.
2. För vart och ett av de tre problemen:
 - (a) Submission-ID i Kattis för de olika lösningarna på problemet.
 - (b) Vilka paradigmer du valde att använda på denna, och varför.
 - (c) Kort reflektion över resultatet – var det mycket enklare att lösa problemet i det ena paradigmet, isåfall varför, kunde man ta lösningen i ett av språken och direkt översätta till ett annat, etc.
3. Avslutningsvis en kort allmän reflektion över labben – styrkor/svagheter hos de olika paradigmen, etc.

Rapporten kan vara en enkel txt-fil eller en pdf. *Word-dokument eller liknande format är ej OK.* En typisk längd är 1-2 sidor men det är inget krav att rapporten måste hålla sig inom detta intervall.

Redovisning

När du/ni är klara och vill redovisa, skicka ett e-brev till kurs-mailen progp-15@csc.kth.se. Brevet ska innehålla följande:

- Subject/ärende ska vara “progp: redovisning X1”
- Ditt/era namn och kth.se-mail-adresser
- Den korta rapporten som beskriver vad du/ni gjort, enligt beskrivningen ovan.

Du/Ni kommer sedan bli inbokade på en redovisningstid och få info om detta via mail.

Labb X2: Programspråkstidsresa

I denna labb ska vi titta lite på hur programmeringsspråken utvecklats över tiden, genom att skriva program för en uppgift (beräkning av så kallade Bernoulli-tal) i några olika språk från olika tidsperioder.

Lite programspråksbakgrund

Vad som var den **första datorn** och det första programspråket beror lite på hur man definierar dessa termer. Man brukar säga att världens första programmerare var grevinnan Ada Lovelace, som på mitten av 1800-talet konstruerade en algoritm för att beräkna Bernoulli-tal på Charles Babbages Difference Engine (den första mekaniska datorn – som dock aldrig byggdes utan stannade på koncept-stadiet).

Att konstruera algoritmer för Babbages Difference Engine hade inte så mycket gemensamt med dagens algoritmkonstruktion. Det skulle dröja till 1940-talet, då de första elektroniska datorerna började dyka upp, tills det började dyka upp språk som liknar det vi idag kallar för programmeringsspråk.

En längre men aningen ironisk beskrivning av programmeringens historia finns **här**.

Bernoulli-tal

Din uppgift är att göra vad Ada Lovelace gjorde för Babbages Difference Engine – att beräkna Bernoulli-tal – men att göra det i några olika historiska programmeringsspråk.

Bernoulli-talen är en klassisk serie tal med många användningsområden. Även om dessa tal är väldigt många intressanta egenskaper så behöver man inte någon faktiskt kunskap om dem för att göra labben, det enda man behöver veta är att det n :te Bernoulli-talet, B_n , kan beräknas med hjälp av följande pseudokod²:

```
1: function B( $n$ )
2:    $B[0] \leftarrow 1$ 
3:   for  $m \leftarrow 1$  to  $n$  do
4:      $B[m] \leftarrow 0$ 
5:     for  $k \leftarrow 0$  to  $m - 1$  do
6:        $B[m] \leftarrow B[m] - \text{BINOM}(m + 1, k) \cdot B[k]$ 
7:      $B[m] \leftarrow B[m] / (m + 1)$ 
8:   return  $B[n]$ 

9: function BINOM( $n, k$ )
10:   $r \leftarrow 1$ 
11:  for  $i \leftarrow 1$  to  $k$  do
12:     $r \leftarrow r \cdot (n - i + 1) / i$ 
13:  return  $r$ 
```

Funktionen BINOM beräknar de så kallade *binomialtalen* $\binom{n}{k}$. Om man inte redan känner till dessa kommer man att få lära sig mer om dem när man läser diskret matematik.

Implementerar man denna algoritm och anropar $B(4)$ så borde man få svaret ≈ -0.033333 ($-1/30$ för att vara mer exakt). Beroende på vilket språk och vilken datatyp för flyttal man använder får man overflow-problem när n blir större. Använder man double-variabler borde det hända någonstans runt $n = 30$.

²Det finns några olika uppsättningar Bernoulli-tal, denna algoritm beräknar vad som ibland kallas de "första Bernoullitalen".

Språk

Du ska implementera beräkning av Bernoulli-tal i följande språk. Exakt hur programmet ska fungera får du välja själv, det kan t.ex. skriva ut en tabell med de 20 första Bernoulli-talen, eller be användaren mata in n och sedan mata ut det n :te Bernoulli-talet.

Informationen nedan om språken är avsiktligt ganska sparsam om hur man kommer igång med språken (med undantag för COBOL). En del av uppgiften är att själv söka reda på tillräckligt mycket info för att kunna komma igång och skriva ett enkelt program i respektive språk.

50/60-tal: COBOL

COBOL (COmmon Business Oriented Language) utvecklades i slutet av 1950-talet och början av 1960-talet (även om viss modernisering och vidareutveckling skett sedan dess). **Mycket ont** har sagts om COBOL, det mesta välförtjänt, men det brukar sägas att det fortfarande idag existerar stora komplexa monolitiska system (ofta hos regeringar/militär/stora företag) skrivna för länge sedan i COBOL, för dyra för att byta ut mot något annat. Det producerades faktiskt, så sent som 2014, **debattinlägg** om att återinföra COBOL-undervisning³.

Paradigm-mässigt är COBOL helt imperativt, och nästan direkt svårt att skriva strukturerad kod i (moderniseringar av språket har dock lagt till koncept som objekt-orientering).

Det finns många dialekter av COBOL. Ditt program ska fungera i OpenCobol/GNU Cobol, som finns installerat på i CSC:s Ubuntu-miljö (kommandot för kompilatorn är `cobc`). **Wikipedia**-sidan om GNU Cobol har lite exempel för att komma igång. En stor mängd mer komplicerade exempel finns **här** (man behöver kommentera bort första raden i dessa exempel-program och istället använda kommandoradsparametern “-free” till `cobc`).

70-tal: Smalltalk

Smalltalk var ett av de allra första objekt-orienterade språken, och har haft ett stort inflytande på dagens moderna objekt-orienterade språk. Språket kan sägas ta objektorientering till absurdum – i Smalltalk är *allt* objekt, och alla beräkningar sker genom att meddelanden skickas mellan objekt.

T.ex. beräkningen “5 + 4” betraktas i Smalltalk som “skicka meddelandet ‘+’ med parameter 4 till objektet 5”.

Precis som när det gäller COBOL finns många olika varianter och implementationer av Smalltalk. I CSC:s Ubuntu-miljö finns GNU Smalltalk installerat, och ditt program ska funka i detta. Kompilatorn/interpretatorn startas med kommandot `gst`.

80-tal: Erlang

Erlang utvecklades på Ericsson under 1980-talet. Det har de senaste åren börjat bli populärt igen, mycket tack vare att samtidighet (eng. concurrency) är inbyggt i språket, vilket gör det enkelt att använda för att skriva distribuerade program, något som ju numera med moln etc har blivit allt viktigare.

Syntaxmässigt lånar Erlang mycket från Prolog, men paradigmmässigt är det snarast ett funktionellt språk.

Erlang finns installerat i CSC:s Ubuntu-miljö, med kommandona `erl` och `erlc` (emulator och kompilator, på samma sätt som det finns `ghci` och `ghc` för Haskell).

³Skrivet av en Cobol-försäljare, så kanske mer underhållning än seriöst debattinlägg.

90-tal: PHP

PHP dök upp i mitten på 1990-talet och är främst ett språk för server-side-programmering av websidor. Paradigm-mässigt är det imperativt och objektorienterat. PHP är på många sätt vår tids Cobol. Till skillnad från de flesta andra moderna språk var det aldrig avsett att ens bli ett programmeringsspråk, och har växt fram lite hipp som happ utan tanke eller design. Allting från funktionsnamn till semantik är ofta godtyckligt, inkonsekvent och inte sällan förvånande. Det är svårt att programmera i PHP en längre tid utan att bli upprörd över språket. Många är de diatriber över språket man kan hitta online, två läsvärda exempel är [The PHP Singularity](#) och [PHP: a fractal of bad design](#).

Trots detta är PHP idag ett av de vanligaste språken (om inte det vanligaste) för webb-server-programmering, och dess breda användning gör att det, precis som Cobol, antagligen aldrig helt kommer gå att ta kål på.

PHP finns installerat i CSC:s Ubuntu-miljö och PHP-program kan köras direkt i terminalen utan web, med kommandot `php`. En lösning ska gå att köra på detta sättet snarare än via en web-sida.

00-tal: Clojure

Clojure dök upp första gången 2009. Det är ett funktionellt språk baserat på det klassiska språket **Lisp** (som skapades redan på 50-talet). Bland Clojures features kan nämnas **transaktionellt minne**. Det finns många bra videor online med Clojures skapare och evangelist Rich Hickey, se t.ex. [Clojure Made Simple](#) eller [Clojure for Java Programmers Part 1](#).

Clojure finns installerat i CSC:s Ubuntu-miljö, med kommandot `clojure`.

Dokumentation

Du ska skriva ett kort dokument som beskriver vad som gjorts. Denna ska innehålla:

1. Namn på vem/vilka som skrivit den.
2. För vart och ett av språken, en kort reflektion över implementationen – t.ex. vad som var lätt, vad som var svårt, vad du tyckte om språket, hur det skulle vara att göra ett större program/projekt i språket. (Själva algoritmen som ska implementeras är ju tämligen enkel, så det som kan vara svårt är typiskt mer språk/kompilator-specifika detaljer.)
3. Avslutningsvis en kort allmän reflektion över labben – sammanfattande intryck om de olika språken och ev. andra tankar.

Rapporten kan vara en enkel txt-fil eller en pdf. *Word-dokument eller liknande format är ej OK*. En typisk längd är 1-2 sidor men det är inget krav att rapporten måste hålla sig inom detta intervall.

Redovisning

När du/ni är klara och vill redovisa, skicka ett e-brev till kurs-mailen progp-15@csc.kth.se. Brevet ska innehålla följande:

- Subject/ärende ska vara “progp: redovisning X2”
- Ditt/era namn och kth.se-mail-adresser
- En zip-fil med era lösningar, inklusive instruktioner för hur de kompileras och körs i CSC:s Ubuntu-miljö (t.ex. i form av en Makefil)

Du/Ni kommer sedan bli inbokade på en redovisningstid och få info om detta via mail.

Labb Inet: Internet/sockets

I denna laboration ska du rätta och förbättra ett bankomatprogram. För att bli godkänd på labben måste ditt program fungera, uppfylla en del krav och vara dokumenterat.

Syftet med labben är att studera internet-orienterad programmering och då speciellt kommunikation via sockets (det finns en [officiell tutorial](#) om sockets att läsa för den som är intresserad). Det är särskilt viktigt att du kan beskriva hur kommunikationen fungerar och därför är det viktigt att ni kan specificera i detalj det så kallade protokollet som de kommunicerande programmen använder.

Exempelkoden är skrivet i java. Det brukar gå att skriva i ett annat språk som t.ex. Python men skriv till föreläsaren (alba) innan du börjar. Särskilt lärorikt kan vara att skriva i t.ex. Go eller Erlang som är konstruerat för att hantera en parallell programmeringsparadigm. Erlang är däremot inte så bra på att hantera strängar och man kan behöva skriva en liten front-end i java för användargränssnittet.

(Denna labb rättas inte på Kattis.)

Bakgrund

Ladda hem [exempelkoden](#). Det finns en serverdel med två klasser `ATMServer`, `ATMServerThread` som datorkonsultföretaget Viebrapadata har skrivit. Klientdelen `ATMClient` har företaget Snilledata skrivit. Programmen fungerar nästan.

Sätt dig in i koden. Kompilera den. Starta en server med `java ATMServer &`. Öppna en ny terminal på samma maskin och starta klienten med `java ATMClient 127.0.0.1`. Prova att köra programmet några gånger. Prova med två samtidigt uppkopplade klienter. Lagg märke till att saldo återställs för den andra klienten. Det tycker inte banken är bra.

Uppgift

De båda företagen är sura på varandra för att det går dåligt att samarbeta. När Viebrapadata släppte en ny version av server slutade klienten att fungera för att servern hade ändrat sin meny så att den skrev ut alternativen lodrätt på skärmen. Man var tvungen att återgå till den gamla serverversionen. Varför slutade klienten att fungera?

Banken är missnöjd med att man var tvungen att gå tillbaka till den gamla versionen. Förutom att skriva menyvalen kors och tvärs vill man expandera utrikes och då måste klienten kunna visa menyvalen på olika språk. Dessutom har ledningen fått dyra råd från managementkonsulter som betonat vikten av att ha ett fält där man kan skriva välkomsthälsningar och tipsa om tjänster som fonder eller säkra sydeuropeiska placeringar.

Banken har skrivit ett 30-årigt dyrt smalbandsavtal och är missnöjd med att det skickas alltför mycket trafik (långa strängar) från servern till klienten. En mossig gammal assemblerprogrammerare i bankens styrelse har därför bestämt att alla trafikmeddelanden mellan server och klient högst får vara tio (10!) bytes.

Det enda undantaget när man får skicka mer data är när klientens programvara ska uppdateras. Banken har planer på att expandera utrikes och då måste klienten kunna visa menyvalen på olika språk. Dessutom vill man ha ett fält där man kan skriva välkomsthälsningar och tipsa om tjänster.

Ett par säkerhetskonsulter från McFinurley har skrivit en rapport där de förordar att programmet ska utökas så att man kan logga in på banken med kortnummer och kod. Men det är inte allt. Eftersom man är orolig för kortbedrägerier ska användaren bekräfta varje uttag med en särskild engångskod. Listor med engångskoder skickas ut till användaren separat.

Banken har nu beslutat sig att vända sig till dig. Du ska skriva om både klient- och serverdelen så att följande krav uppfylls.

Krav

Kommunikationen

1. Du ska specificera protokoll så att
 - (a) serverdelen kan uppdatera de meddelanden som visas i klienten
 - (b) Övriga meddelanden (login, transaktioner ...) är högst tio byte stora
2. Protokoll ska kommenteras och illustreras separat. Visa bild på data som ska skickas samt en eller flera scenarion med dataflödet.

Systemet

1. Man ska kunna logga in med kortnummer och sifferkod
2. Vid varje uttag ska en tvåsiffrig kod matas in och kontrolleras mot en till användaren utskickad kodlista. För att förenkla redovisningen ska samtliga listor hårdkodas till alla udda tal 01, 03, 05 ... 99
3. Banken ska kunna spara tillstånd för flera användare. Olika användare ska kunna logga in och ändra sitt saldo. Vid redovisningen ska minst tre personer finnas inlagda.
4. Menyn som skrivs ut ska innehålla ett fält på max 80 tecken där banken kan skriva välkomsthälsningar eller göra reklam för bankens tjänster (jämför en banner på en internsajt).
5. Banken ska kunna byta meddelande på välkomsthälsningen (till godtycklig sträng) utan att starta om server eller klient.
6. Klientprogrammet ska kunna välja språk. Banken ska kunna erbjuda ett nytt språk utan att klienten behöver göras om.
7. Banken kräver att koden ska kommenteras bra!

Vid redovisning

1. ... ska du ha tre terminalfönster uppe med en server och två klienter som körs.
2. ... ska du visa en **illustration** över ditt protokoll. Även de enklaste protokoll godkänns bara de är bra illustrerade. Skilj på beskrivningen av datat och dataflödet.
3. ... ska protokolldokumentationen (illustration + kort beskrivning) vara **så bra att en godtycklig D-student ska kunna skriva en ny klient utan att behöva fråga om klargöranden.**
4. ... ska du kunna redogöra för olika tillstånd i klient och serverdelen.
5. ... ska du ha en editor uppe med all källkod.
6. ... ska du kunna redogöra för alla detaljer i koden. Det är tillåtet att skriva om hela koden.