9. Laboratorio 9

Esercizio 1

Argomento: ereditarietà, sovrascrivere i metodi della classe Object

Si consideri la gerarchia di ereditarietà costituita dalla superclasse **BankAccount** e dalle sue due sottoclassi **SavingsAccount** e **CheckingAccount** (tutti i file sono disponibili nella cartella "File Utili e soluzioni degli esercizi", sottocartella "Lab9").

BankAccount e SavingsAccount sono state viste in classe, CheckingAccount e' una classe derivata da BankAccount in cui si tiene conto del numero di transazioni. Se si supera un certo limite si paga un costo per ogni transazione. Studiare il codice della classe.

Si completi la scrittura di queste tre classi sovrascrivendo in ciascuna di esse i metodi **toString** e **equals**, ereditati dalla superclasse universale **Object**. Per il metodo **toString** in particolare si richiede di adottare la convenzione della libreria standard.
Si verifichi il corretto funzionamento di tutti i metodi delle tre classi usando la classe di collaudo **AccountTester**. In particolare, i metodi **toString** sono corretti se le stampe a standard output dei vari oggetti rispettano le convenzioni della libreria standard; i metodi **equals** sono corretti se i controlli di uguaglianza forniscono i risultati attesi. La classe di collaudo utilizza un costrutto che non abbiamo visto ma il cui nome e' piuttosto intuitivo: a.getClass().getName() restituisce il nome della classe a cui appartiene l'oggetto a cui la variabile "a" si riferisce.

Esercizio 2

Argomento: ereditarietà, sovrascrivere metodi, metodi polimorfici

Si consideri la gerarchia di ereditarietà vista a lezione, costituita dalla superclasse **BankAccount**, e dalla sua sottoclasse **SavingsAccount** (i file sono disponibili nella cartella "File Utili e soluzioni degli esercizi", sottocartella "Lab9")
Si richiede di aggiungere a questa gerarchia di ereditarieta` una nuova classe **TimeDepositAccount** ("conto di deposito vincolato"). Un conto di deposito vincolato e` identico a un conto di risparmio, a parte il fatto che l'intestatario si impegna a lasciare il denaro sul conto per un certo numero di mesi (definito all'apertura del conto insieme al tasso di interesse), senza fare prelievi durante questo periodo iniziale. E` prevista una penale di 20€ in caso di prelievo anticipato.
Completare la classe **TimeDepositAccount** sovrascrivendo in essa i metodi **toString** e **equals**, ereditati dalla sua superclasse. Effettuare il collaudo utilizzando la classe **AccountTester2** (disponibile nella cartella "File Utili e soluzioni degli esercizi", sottocartella "Lab9"), dopo averla opportunamente studiata.

Suggerimenti *(da non leggere subito)*:

- La definizione di **TimeDepositAccount** appena data ci fa capire come questa nuova classe si deve inserire nella gerarchia di ereditarietà. Sarà una sottoclasse di ...
- Scrivere almeno due costruttori di **TimeDepositAccount**: uno che consente di inizializzare il tasso di interesse e i mesi di deposito vincolato, e uno che oltre a questi due parametri consente di inizializzare anche il saldo ad un valore non nullo.
- Il metodo **addInterest** viene invocato alla fine di ogni mese per accreditare gli interessi. Quindi il numero di mesi di deposito vincolato si deve ridurre ad ogni invocazione di questo metodo.
- Se al momento di un prelievo il numero di mesi di deposito vincolato e' ancora positivo, allora bisogna addebitare la penale

Esercizio 3

Argomento: interfaccia Comparable, algoritmi di ordinamento

Modificare la classe BankAccount in modo da farle implementare l'interfaccia Comparable (dichiarazione nell'intestazione + implementazione di compareTo). In una classe ArrayAlgorithms implementare le versioni "Comparable" degli algoritmi di ordinamento visti a lezione (selection sort, insertion sort, mergesort). Creare una classe eseguibile TestCompare.java in cui si crea un array di 10 elementi di tipo BankAccount e lo si inizializza con un saldo a caso tra 1 e 1000 euro. Visualizzare il saldo dei conti in banca nell'ordine in cui sono stati creati. Ordinare poi l'array con ciascuno dei metodi di ordinamento (ricordarsi di non passare l'array ordinato al secondo metodo di ordinamento invocato, ma di farne prima una copia e passare quella).

Esercizio 4

Argomento: ereditarietà, sovrascrivere metodi, metodi polimorfici

Realizzare una classe **Square** che estenda la classe **Rectangle** della libreria standard. La classe deve realizzare i seguenti comportamenti:

- Il costruttore crea un quadrato ricevendo come parametri espliciti le coordinate **(x,y)** del centro del quadrato, e la dimensione del quadrato (ovvero la lunghezza del lato). Per realizzare il costruttore sarà necessario invocare costrutttori e/o metodi della classe **Rectangle** (si consiglia in particolare di studiare la documentazione dei metodi **setLocation** e **setSize** della classe **Rectangle**). Osservare anche che, dal momento che che i campi **x**, **y**, **width**, **height** di **Rectangle** sono tutti di tipo **int**, il posizionamento del centro del quadrato avrà una approssimazione di ±1.
- La classe possiede un nuovo metodo **getArea()**, che calcola e restituisce l'area del quadrato.
- La classe sovrascrive il metodo **setSize(int width, int height)** della classe **Rectangle** (studiarne la documentazione): se **width=height**, il metodo esegue correttamente ridimensionando il quadrato alla nuova dimensione **width**, altrimenti lancia un'eccezione di tipo **IllegalArgumentException**.
- La classe possiede un nuovo metodo **setSize(int dim)**, che esegue il ridimensionamento del quadrato sulla base dell'unico parametro esplicito **dim**.

Collaudare la classe scrivendo un programma di test che

  - Riceve da standard input due triple di numeri interi (una tripla per riga), rappresentanti le coordinate (x,y) del centro e la dimensione di ciascuno dei due quadrati.
  - Crea due oggetti di tipo **Square** usando tali valori, e stampa gli oggetti a standard output in ordine di area (il primo oggetto stampato e` quello di area più piccola).
  - Riceve da standard input due coppie di numeri interi (una coppia per riga), rappresentanti i nuovi valori (width,height) di larghezza e altezza per ciascuno dei due quadrati.
  - ridimensiona i due quadrati usando il metodo

    setSize(int width, int height) sovrascritto nella classe **Square**

- Se **setSize** termina correttamente la propria esecuzione (ovvero se **width=height**), stampa nuovamente i due oggetti a standard output in ordine di area; altrimenti segnala l'errore e termina l'esecuzione.

Suggerimenti: non dimenticate che la classe **Rectangle** ha già sovrascritto i metodi **toString** e **equals** di **Object**. Inoltre, poniamoci questa domanda: la nostra classe **Square** ha oppure no necessità di avere dei nuovi campi di esemplare rispetto a **Rectangle**? Quindi è necessario oppure no sovrascrivere **equals**?

Esercizio 5 - ripasso in/out

Argomento: lettura e scrittura su file

Scrivere un programma che legga da standard input il nome di un file di input e di un file di output. Predisporre il file di input in modo che contenga parole (o brevi frasi) su diverse righe. Leggere il contenuto del file di input e scrivere sul file di output ciascuna riga rovesciata (prevedere un metodo statico per l'inversione della stringa corrispondente alla riga). Gestire tutte le eccezioni obbligatorie. Provare a verificare cosa succede se si da in ingresso come nome del file di input un file inesistente.

Esercizio 6 - ripasso progettazione classi

Argomento: progettazione e collaudo di classi

Scrivere un programma per la risoluzione di equazioni di secondo grado $\mathbf{ax^2 + bx + c = 0}$. La realizzazione del programma va articolata in due fasi:

1. Progettare e scrivere una classe **QuadraticEquation**, il cui "scheletro" si trova a questo link. Questa interfaccia lascia aperte alcune scelte di progetto, che ciascuno potrà effettuare in autonomia, eventualmente aggiungendo altri metodi e/o campi di esemplare alla classe. In particolare:
   - Si puo` decidere che un oggetto di tipo **QuadraticEquation** sia *immutabile*, ovvero non possa piu` essere modificato una volta creato. Oppure si può dare la possibilità (tramite scrittura di opportuni *metodi modificatori*) di modificare oggetti di tipo **QuadraticEquation** già esistenti
   - Si puo` prevedere la presenza di *metodi di accesso*, che restituiscano informazioni sullo stato di un oggetto di tipo **QuadraticEquation**
   - Si puo` migliorare il progetto in modo da gestire correttamente i seguenti casi degeneri
     - **a=b=0** e **c!=0** (l'equazione non ha soluzioni)
     - **a=0**, **b!=0** (l'equazione ha una soluzione)
     - **a=b=c=0** (l'equazione ha infinite soluzioni)
2. Scrivere un programma di collaudo **QuadraticEquationTester** che utilizzi la classe **QuadraticEquation**. Il programma deve
   - leggere in ingresso i valori dei parametri a, b, c
   - (se esistono soluzioni reali) visualizzare le due soluzioni reali
   - (se non esistono soluzioni reali) visualizzare un messaggio di segnalazione

Esercizio 7

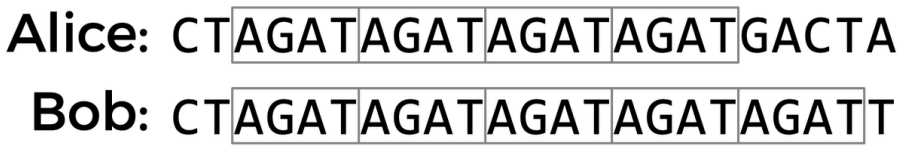
Siete stati incaricati dal Reparto Investigazioni Scientifiche di analizzare il DNA ritrovato in 3 casi insoluti e confrontarlo con quello di 3 indagati per scoprire il colpevole. Ad oggi avete acquisito tutte le conoscenze necessarie per poter implementare un programma di questo tipo: sapete realizzare le classi, sovrascrivere i metodi di Object, rendere eseguibile una classe, leggere da file, analizzare le stringhe, utilizzare i cicli, anche annidati, e prendere delle decisioni con gli if.

Il progetto e' un po' impegnativo, ma dovete anche cominciare ad abituarvi a scrivere codice che mette insieme diverse cose che abbiamo visto. Tuttavia, per chi avesse bisogno di un punto o da cui partire o di una guida da seguire, ho aggiunto un file alla file della consegna con delle indicazioni. Chi ritiene di non aver bisogno di guida puo' semplicemente ignorare il file.

Background

Il DNA, portatore dell'informazione genetica negli esseri viventi, e' utilizzato nelle investigazioni scientifiche da decenni. Ma come, esattamente, funziona la profilazione del DNA? Dato un campione di DNA, come riescono gli investigatori forensi a identificare a chi appartiene?

Il DNA e' in realta' composto da una sequenza di molecole, dette nucleotidi, che formano una doppia elica. Ogni nucleotide di DNA contiene una tra quattro basi: adenine (A), cytosine (C), guanine (G), or thymine (T). Ogni cella umana contiene miliardi di questi nucleotidi sistemati in sequenza. Alcune porzioni di questa sequenza, che altro non e' che il genoma, sono le stesse o sono molto simili, a tutti gli esseri umani. Tuttavia, altre porzioni di sequenza hanno una diversita' genetica piu' alta e quindi variano tra individui di una stessa specie. Uno dei posti dove il DNA tende ad avere un'elevata diversita' genetica e' nelle Short Tandem Repeats (STRs). Una STR e' una breve sequenza di DNA che tende a ripetersi piu' volte consecutivamente. Il numero di volte in cui una particolare STR si ripete varia molto tra individui diversi. Per esempio nell'immagine qui sotto Alice ha la STR "AGAT" ripetuta 4 volte nel suo DNA, mentre Bob ha la stessa STR ripetuta 5 volte.



La probabilita' che due individui diversi abbiano lo stesso numero di ripetizioni per una stessa STR e' molto basso. Se poi si usano piu' STR, invece di una, possiamo migliorare l'accuratezza della profilazione del DNA, riducendo ancora di piu' questa probabilita'. I database dell'FBI, per esempio, usano 20 diversi STR, con una probabilita' che due DNA coincidano "per caso" pari o inferiore a uno su 1000000000000000000 (ovvero 10^-18).

Semplificando un po' le cose possiamo immaginare questi database come dei file, dove ogni riga corrisponde ad un individuo e ne riporta il nome, seguito dal numero di STR rilevate per ciascuna STR considerata e descritta nella prima riga.

```
name    AGAT AATG TATC
Alice    28    42   14
Bob      17    22   19
Charlie 36    18   25
```

Nell'esempio sopra, Alice ha la sequenza AGAT ripetuta 28 volte consecutive da qualche parte nel suo DNA, la sequenza AATG ripetuta 42 volte e TATC ripetuta 14 volte. Bob ha queste stesse sequenze ripetute 17, 22 e 19 volte, rispettivamente. Charlie invece 36, 18 e 25 volte.

Quindi, data una sequenza di DNA, che per noi altro non e' che una stringa, possiamo individuare a chi appartiene utilizzando tecniche bioinformatiche, ovvero sviluppando un algoritmo che analizzi tale sequenza e le informazioni presenti nel "database". In particolare si dovra':

- Analizzare la sequenza di caratteri che rappresenta il DNA ritrovato nella scena del crimine cercando il numero di occorrenze consecutive di ciascuna STR presente nel database investigativo;
- Confrontare i valori trovati (= profilo) con quelli corrispondenti agli individui "schedati" e se c'e' corrispondenza allora c'e' una buona probabilita' che quell'individuo sia il colpevole.

In realta' l'analisi e' un po' piu' complessa di come descritto qui, ma accontentiamoci!

Specifiche

Scrivere un programma eseguibile DNAProfile.java che identifica a chi appartiene la sequenza di DNA.

Il programma richiedera' due argomenti da riga di comando: il nome del file che contiene i profili degli indagati e il nome del file che contiene la sequenza di DNA da identificare.

La prima riga del file dei profili conterra' la parola "name" e poi le sequenze delle STR considerate. Le righe successive conterranno il nome dell'individuo seguito dalla numerosita' delle STR rilevate nel suo DNA.

Per ciascuna sequenza STR il programma dovra' calcolare la piu' lunga run di ripetizioni consecutive della STR nel DNA da identificare. Questa e' la parte, dal punto di vista algoritmico piu' complessa e sulla quale vi invito a ragionare su carta (potete utilizzare comunque i metodi della classe String, ad esempio substring).

Se i conteggi di STR hanno un match con qualche profilo noto, il nome del presunto colpevole dovra' essere riportato in uscita, altrimenti si scrivera' "nessun match trovato". Potete assumere che il conteggio di STR avra' un match con al massimo un individuo.

Utilizzando i file linkati sotto, se pensate possa semplificare, potete assumere inizialmente che il numero di individui sia 3 e che il numero di STR sia 3, poi potete generalizzare in un secondo momento.

Utilizzo:

java DNAprofile fileProfile fileDNA

File:

sospetti.txt
caso1.txt
caso2.txt
caso3.txt
caso4.txt

Soluzione guidata

credits: ispirato da nifty assignments