Δομές Δεδομένων: Εργασία 1

απο Βασιλης Παπαδημας (3220150) & Μαριος Ματσα (3220120)

Μέρος Α: υλοποίηση της διεπαφής StringDoubleEndedQueue

Στο αρχείο `StringDoubleEndedQueueImpl.java` έχουμε υλοποιήσει την διεπαφή `StringDoubleEndedQueue` χρησιμοποιώντας μια διπλά συνδεδεμένη λίστα με generics. Συγκεκριμένα, στο αρχείο `Node.java` έχουμε υλοποιήσει τους κόμβους που χρησιμοποιούμε στην λίστα ως εξής:

```
public class Node<T> {
    protected T data;
    protected Node<T> next = null;
    protected Node<T> previous = null;
```

Δηλαδή, οι κόμβοι μας περιέχουν δείκτες στους προηγούμενους και επόμενους κόμβους (double ended) και έχουν δεδομένα data παραμετρικού τύπου. Οι μέθοδοι addFirst, removeFirst, addLast, removeLast, getFirst, getLast και size έχουν υλοποιηθεί με χρονική πολυπλοκότητα $O(1)$, καθώς:

- οι getFirst και getLast καλούν την μέθοδο getData ενός Node (του προηγούμενου ή επόμενου στην Queue), το οποίο επιστρέφει το πεδίο data του σε $O(1)$
- η size() επίσης επιστρέφει το πεδίο size της StringDoubleEndedQueueImpl σε $O(1)$
- οι addFirst και addLast δημιουργούν ένα Node (ο αντίστοιχος constructor κάνει μόνο την `this.data = data` σε $O(1)$, μετά καλούν την isEmpty() της StringDoubleEndedQueueImpl, δηλαδή `return head == null` άρα $O(1)$ και τέλος καλούν την setNext() μιας Node, δηλαδή `this.next = next` άρα $O(1)$. Επίσης, εκτελούν έναν σταθερό αριθμό assignments, άρα $O(1)$. Άμα αθροίσουμε όλα τα μέρη αυτών των μεθόδων, το αποτέλεσμα είναι $O(1)$.
-

Επίσης, σημειώνουμε ότι οι μέθοδοι που δεν μπορούν να λειτουργήσουν σωστά σε περίπτωση που η λίστα είναι κενή, δηλαδή removeFirst και removeLast, όντως πετάνε την εξαίρεση NoSuchElementException, viz.

```
@Override
public T removeFirst() throws NoSuchElementException {
    if (isEmpty()) throw new NoSuchElementException("The␣list␣is␣empty...");
    ...
```

Μέρος Β: μετατροπή μεταθεματικής σε ενθεματική μορφή

Στη μέθοδο main του PrefixToInfix.java, χρησιμοποιούμε έναν Scanner(System.in) ώστε να λάβουμε την έκφραση σε μεταθεματική μορφή από τον χρήστη, την οποία την μετατρέπουμε σε ενα char[] που μεταβιβάζεται στην μέθοδο prefixToInfix.

Στην μέθοδο prefixToInfix αρχικά δημιουργούμε ένα κενό StringDoubleEndedQueueImpl<String> (έστω *stack*, καθώς έτσι το χρησιμοποιούμε). Τότε, αρχίζοντας από το τελευταίο στοιχείο του char[] (`i = expression.length - 1`), είτε το προσθέτουμε στο τέλος της stack (εφόσον είναι αριθμός), είτε (εφόσον είναι τελεστής) δημιοργούμε την αντίστοιχη έκφραση $(x \odot y)$ όπου $\odot$ ο τελεστής και x, y οι δυο τελευταίοι αριθμοί του stack και την προσθέτουμε στην θέση τους στο stack. Σε κάθε περίπτωση, μειώνουμε το i κατά 1 και προχωρούμε στο προηγούμενο στοιχείο της stack. Μέσα στο loop επίσης ελέγχουμε σε κάθε επανάληψη αν το στοιχείο είναι τελεστής ή αριθμός: εάν δεν είναι, προειδοποιούμε τον χρήστη και τερματίζουμε την εκτέλεση. Στην περίπτωση που το loop έχει τερματιστεί με περισσότερα από ένα στοιχεία στην stack, προφανώς έχει συμβεί σφάλμα (η έκφραση που μας δώθηκε δεν ήταν μαθηματικά έγκυρη ή οι αριθμοί δεν ήταν μονοψήφιοι) άρα

προειδοποιούμε τον χρήστη και τερματίζεται η εκτέλεση. Αλλιώς, εκτυπώνουμε το μοναδικό στοιχείο που περιέχει η stack, το οποίο είναι η έκφραση που μας δόθηκε σε ενθεματική μορφή. Εάν συμβεί οποιοδήποτε Exception κατά την διάρκεια της κλήσης της prefixToInfix, την χειριζόμαστε με catch() και ενημερώνουμε τον χρήστη.

Μέρος Γ: συμπληρωματικά παλίνδρομη ακολουθία DNA

Στην μέθοδο main του DNAPalindrome.java, δημιουργούμε ξανά ένα StringDoubleEndedQueueImpl, έστω q (από queue), αυτή τη φόρα με δεδομένα τύπου Character (πρακτικά λειτουργέι και αυτό σαν ένα char[]). Χρησιμοποιούμε ένα BufferedReader(new InputStreamReader(System.in)) για να αναγνώσουμε την είσοδο από τον χρήστη. Κάνουμε ένα loop μέχρι να συναντήσουμε τον χαρακτήρα EOF, διαβάζοντας ένα char κάθε φορά και εφόσον ελέγξουμε ότι είναι έγκυρο (δηλαδή ένα από τα A, T, C, G), εισάγοντάς το ως το τελευταίο στοιχείο της q. Εάν συμβεί κάποιο απρόβλεπτο σφάλμα, το διαχειριζόμαστε με το `catch (IOException e)`.

Αφού διαβάσουμε την είσοδο, πρώτα ελέγχουμε εάν το μέγεθος της q (και άρα το μήκος της δεδομένης ακολουθίας DNA) είναι περιττός άριθμος (`if ((q.size() & 1) == 1)`) και αν είναι προειδοποιούμε τον χρήστη και σταματάμε την εκτέλεση, αφού μια τέτοια ακολουθία προφανώς δεν μπορεί να είναι παλίνδρομη (το διάμεσο στοιχείο θα είναι διαφορετικό μετά τον μετασχηματισμό).

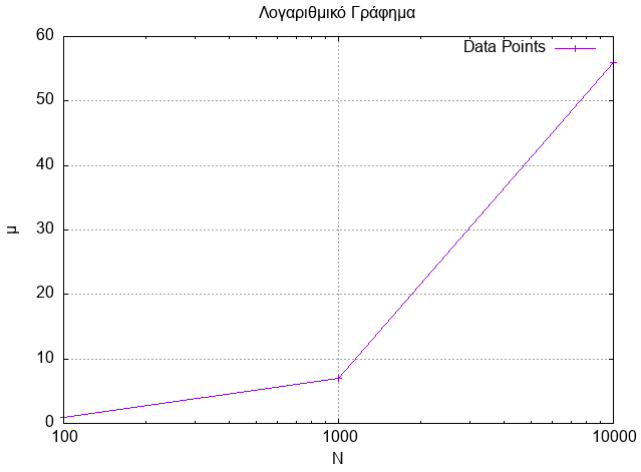
Εάν η ακολουθία είναι άρτιου μήκους (έστω N), κάνουμε ένα loop το πολύ $\log_2(N)$ εκτελέσεων. Σε κάθε εκτέλεση αφαιρούμε το πρώτο και το τελευταίο στοιχείο από τη q και τα προσθέτουμε ως char. Εάν το άθροισμα ισούται με 138 ή 149, αυτό σημαίνει ότι τα στοιχεία ήταν είτε το A και το T (149), είτε το C και το G (138). Δεν θα μπορούσαν να είναι και τα δύο στοιχεία το ίδιο, ή να μην άνηκαν και τα δύο στο ίδιο σύνολο ({A, T}, {C, G}) καθώς η κωδικοποίηση ASCII δίνει διαφορετικές τιμές στο κάθε σύμβολο (A: 65, T: 84, C: 67, G: 71). Εάν αυτή η ισότητα δεν ισχύει για κάποιο ζευγάρι στοιχείων τότε η ακολουθία προφανώς δεν θα είναι παλίνδρομη, άρα ενημερώνουμε τον χρήστη και σταματάμε την εκτέλεση. Αλλιώς, εάν ολοκληρωθεί το loop χωρίς να έχει προκύψει αυτό το σφάλμα, τότε η ακολουθία είναι παλίνδρομη και ενημερώνουμε τον χρήστη.

Ωστε να επιβεβαιώσουμε ότι η υλοποιήση μας είναι $O(\mathrm{N})$, εκτελούμε την εξής εντολή:

```
hyperfine "java DNAPalindrome <<< $(perl -E 'say "AT" x (N/2)')"
```

όπου η εντολή `perl -E 'say "AT" x N'` δημιουργεί την ακολουθία AT…AT, μήκους N. Προφανώς η ακολουθία είναι παλίνδρομη. Τα στατιστικά του χρόνου εκτέλεσης για διαφορετικές τιμές του N στην ίδια μηχανή δίνονται στον πίνακα παρακάτω:

N	μ (ms)
10^2	1
10^3	7
10^4	56



Σχήμα 1. Αναπαράσταση του πίνακα. Προφανώς η πολυπλοκότητα είναι $O(N)$.