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;
```

 Δ ηλαδή, 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 άφα O(1) και τέλος καλούν την setNext() μιας Node, δηλαδή this.next = next άφα O(1). Επίσης, εκτελούν έναν σταθερό αριθμό assignments, άφα O(1). Άμα αθροίσουμε όλα τα μέρη αυτών των μεθόδων, το αποτέλεσμα είναι O(1).
- οι removeFirst και removeLast καλούν επίσης την isEmpty() και μετά καλούν την μέθοδο getData ενός Node (του head και του tail αντίστοιχα). Η removeLast καλει επίσης την getPrevious του tail. Τότε, αν η queue είναι κενή, εκτελούν δύο αναθέσεις και τελειώνουν. Αλλιώς, η removeFirst καλεί τις μεθόδους getNext και setPrevious του head και μετά κάνει μια ανάθεση, και η removeLast καλεί την μέθοδο setNext της προτελευταίας Node και μετά κάνει δύο αναθέσεις. Οπως είδαμε προηγουμένως οι μέθοδοι isEmpty, getData και setNext είναι O(1). Επίσης, η getPrevious (return previous) και setPrevious (this.previous = previous) είναι προφανώς O(1). Αρα, αφού όλες αυτές οι πράξεις είναι O(1), και οι μέθοδοι 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.

Μέρος Γ: συμπληρωματικά παλίνδρομη ακολουθία DNA

Στην μέθοδο main του DNAPalindrome.java, δημιοργούμε 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 χαφακτήρα 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 (I0Exception 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 προειδοποιύμε 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).

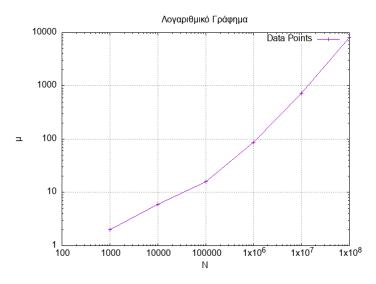
Εάν η ακολουθία είναι άρτιου μήκους (έστω N), κάνουμε ένα loop το πολύ $\log_2(N)$ εκτελέσεων. Σε κάθε εκτέλεση αφαιρούμε το πρώτο και το τελευταίο στοιχείο από τη q και τα προσθέτουμε ως char. Εάν το άθροισμα ισούται με 138 ή 149, αυτό σημαίνει ότι τα στοιχεία ήταν είτε το A και το T (149), είτε το 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. Aλλιώς, εάν ολοκληρωθεί το loop χωρίς να έχει προκύψει αυτό το σφάλμα, τότε η ακολουθία είναι παλίνδρομη και ενημερώνουμε τον χρήστη.

 Ω στε να επιβεβαιώσουμε ότι η υλοποιήση μας είναι O(N), εκτελούμε την εξής εντολή:

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

όπου η εντολή perl -Ε 'say "AT" x (N/2)' (την τρέξαμε μια φορά και χρησιμοποιήσαμε το αποτέλεσμα ώστε να μην τρέχει σε κάθε επανάληψη) δημιουργεί την ακολουθία AT...AT, μήκους Ν. Προφανώς η ακολουθία είναι παλίνδρομη. Επίσης μετρήσαμε τον χρόνο φόρτωσης του JVM και τον αφαιρέσαμε από όλα τα αποτελέσματα. Τα στατιστικά του χρόνου εκτέλεσης για διαφορετικές τιμές του N στην ίδια μηχανή δίνονται στον πίνακα παρακάτω:

N	$\mu \text{ (ms)}$
10^{3}	2
10^{4}	6
10^{5}	16
10^{6}	87
10^{7}	730
10^{8}	8150



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