

Laboratorio di Algoritmi e Strutture Dati

Docenti: M. Goldwurm, S. Aguzzoli

Appello del 4 Aprile 2006

Progetto “Microcolture”
Consegna entro il 23 Aprile 2006

Il problema

Obiettivo del progetto è lo studio di una colonia di microorganismi viventi sul piano.

Il piano Π è definito dall'insieme dei punti (x, y) tali che x e y sono numeri interi:

$$\Pi = \{(x, y) \in \mathbb{Z}^2\}.$$

Un *microorganismo* M occupa un punto (x, y) del piano detto *posizione* di M e denotato da $P(M)$. Ogni microorganismo M ha un *nome* $N(M)$, che è una stringa α di lunghezza arbitraria costruita sull'alfabeto \mathcal{A} dei caratteri alfanumerici.

Tutti i microorganismi presenti sul piano formano un'unica *colonia* stabilendo dei legami simbiotici. Un microorganismo M in posizione $P(M) = (x_0, y_0)$ è *estremale sinistro* di una colonia se, per ogni altro microorganismo M' tale che $P(M') = (x, y)$ si ha $x_0 < x$. Analogamente, un microorganismo M è *estremale destro* se $P(M) = (x_1, y_1)$ e ogni altro microorganismo M' ha posizione $P(M') = (x, y)$ tale che $x < x_1$. Nel seguito assumiamo che:

- per ogni valore $x \in \mathbb{Z}$ può esistere al più un solo microorganismo M tale che $P(M) = (x, y)$.

Pertanto ogni colonia con almeno due microorganismi ha esattamente un estremale sinistro e un estremale destro. Due microorganismi M_1 e M_2 possono stabilire fra loro un legame simbiotico. L'*energia* $E(M_1, M_2)$ richiesta per realizzare il legame tra due microorganismi M_1 e M_2 tali che $P(M_1) = (x_1, y_1)$ e $P(M_2) = (x_2, y_2)$ è data da

$$E(M_1, M_2) = |x_2 - x_1| + |y_2 - y_1|.$$

Una colonia con almeno due microorganismi è *vitale* se ogni microorganismo del piano ha un legame con uno o due microorganismi nel modo seguente:

- Se la colonia contiene esattamente due microorganismi M_1 e M_2 , allora M_1 ha un legame con M_2 .
- Supponiamo che la colonia contenga più di due microorganismi. Allora:
 1. L'estremale sinistro deve avere un legame con due microorganismi distinti (uno dei due può essere l'estremale destro).
 2. L'estremale destro deve avere un legame con due microorganismi distinti (uno dei due può essere l'estremale sinistro).
 3. Sia M un microorganismo qualunque non estremale e sia $P(M) = (x, y)$. Allora, M ha un legame con due altri microorganismi M_s e M_d tali che, posto $P(M_s) = (x_s, y_s)$ e $P(M_d) = (x_d, y_d)$, deve valere:

$$x_s < x \quad \text{e} \quad x < x_d$$

(M_s può essere l'estremale sinistro e M_d può essere l'estremale destro).

4. L'energia di un insieme di legami tra microorganismi è data dalla somma delle energie dei legami. Sia \mathcal{M} l'insieme di tutti i microorganismi presenti nel piano. Una colonia è *vitale* se l'insieme di legami che stabilisce ha energia minima tra tutti gli insiemi di legami che verificano 1,2 e 3 per \mathcal{M} .

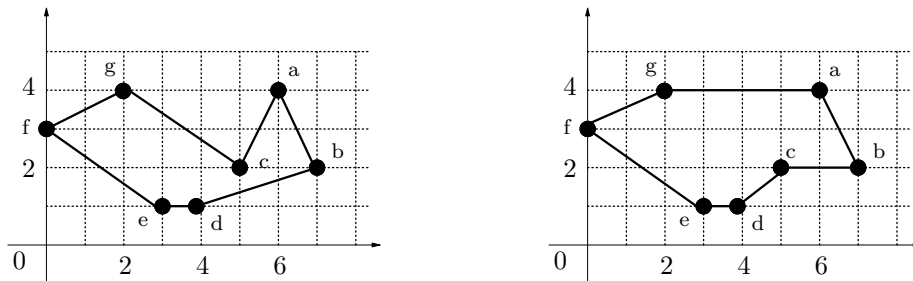
Si noti che l'energia di una colonia vitale dipende solo dalle posizioni dei microorganismi presenti nel piano, e non da eventuali legami preesistenti. In particolare, quando si stabilisce una nuova colonia vitale o si riorganizza una colonia vitale preesistente (poiché sono stati introdotti nuovi microorganismi, oppure sono stati distrutti vecchi microorganismi, o sono mutate le posizioni di alcuni microorganismi), tutti i legami preesistenti vengono distrutti.

Esempio 1

Supponiamo che la colonia contenga sette microorganismi M_1, \dots, M_7 tali che

$$\begin{aligned} P(M_1) &= (6, 4) & N(M_1) &= a & P(M_2) &= (7, 2) & N(M_2) &= b \\ P(M_3) &= (5, 2) & N(M_3) &= c & P(M_4) &= (4, 1) & N(M_4) &= d \\ P(M_5) &= (3, 1) & N(M_5) &= e & P(M_6) &= (0, 3) & N(M_6) &= f \\ P(M_7) &= (2, 4) & N(M_7) &= g \end{aligned}$$

L'estremale sinistro della colonia è M_6 , l'estremale destro è M_2 . La figura a sinistra rappresenta una configurazione di legami fra i microorganismi della colonia che verificano le proprietà 1,2 e 3 precedenti; l'energia richiesta per stabilire tali legami è 24. La figura a destra rappresenta un'altra possibile configurazione che verifica le proprietà 1,2 e 3 e l'energia richiesta è 20. Si può provare che ogni configurazione compatibile con le proprietà 1,2 e 3 richiede almeno energia 20, quindi la figura a destra rappresenta una colonia vitale.

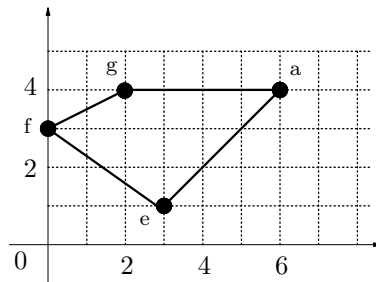


In una colonia vitale possono essere generati nuovi microorganismi a partire da due microorganismi esistenti fra cui è stabilito un legame. Siano (M_a, M_b) una coppia di microorganismi aventi un legame e tali che $P(M_a) = (x_a, y_a)$ e $P(M_b) = (x_b, y_b)$, con $x_a < x_b$. I microorganismi generati dalla coppia (M_a, M_b) sono definiti come segue. Siano $(x_1, y_1), \dots, (x_n, y_n)$ i punti del piano che giacciono sul segmento di estremi (x_a, y_a) e (x_b, y_b) , ordinati in ordine crescente rispetto alle ascisse (quindi $x_1 < x_2 < \dots < x_n$). Allora, per ogni $1 \leq i \leq n$:

- nella posizione i -esima (x_i, y_i) nasce un nuovo microorganismo il cui nome sarà $N(M_1) \cdot N(M_2) \cdot x_i$ (dove \cdot indica la concatenazione di stringhe), a meno che non esista già un microorganismo M' tale che $P(M') = (x_i, z)$ per qualche z o che non esista già un microorganismo di nome $N(M_1) \cdot N(M_2) \cdot x_i$.

Esempio 2

Si supponga di eliminare dalla colonia i microorganismi di nome b, c e d . Se si crea una colonia vitale, si ottiene la colonia in figura (l'energia richiesta è 18).



Supponiamo di calcolare i microorganismi generati dalla coppia (M_5, M_1) (dove $N(M_5) = e$ e $N(M_1) = a$). L'elenco dei punti da prendere in considerazione è: $(4, 2)$, $(5, 3)$ che danno origine a due microorganismi M_8, M_9 tali che:

$$P(M_8) = (4, 2), \quad N(M_8) = ea4, \quad P(M_9) = (5, 3), \quad N(M_9) = ea5.$$

Supponiamo di eliminare M_9 e di compiere una generazione per (M_7, M_1) (dove $N(M_7) = g$). Viene generato un solo microorganismo M' tale che $P(M') = (5, 4)$ e $N(M') = ga5$.

Si noti che l'aggiunta di un microorganismo non crea automaticamente nuovi legami fra i microorganismi della colonia; analogamente, l'eliminazione di un microorganismo M non produce automaticamente nuovi legami per i microorganismi M' che erano legati a M . Nuovi legami vengono stabiliti solo nel momento in cui si costituisce una nuova colonia vitale.

Si richiede di implementare una struttura dati efficiente che permetta di eseguire le operazioni seguenti (si tenga presente che la minima porzione rettangolare di piano contenente tutti i microorganismi può essere molto grande rispetto al numero di microorganismi presenti nel piano, quindi *non è sicuramente efficiente rappresentare il piano mediante una matrice*).

- **crea** $()$

Crea un nuovo piano, eliminando tutti i microorganismi presenti.

- **inserisci** (x, y, α)

Inserisce un microorganismo di nome α nella posizione (x, y) . Se esiste già un microorganismo con quel nome o se esiste già un microorganismo M tale che $P(M) = (x, z)$ per qualche z , allora non compie alcuna operazione.

- **elimina** (α)

Elimina, se esiste, il microorganismo di nome α , altrimenti non compie alcuna operazione.

- **muovi** (x, y, α)

Sposta il microorganismo M di nome α e posizione $P(M) = (x_0, y_0)$ alla posizione $(x_0 + x, y_0 + y)$. Se non esiste alcun microorganismo di nome α o se esiste già un microorganismo M' tale che $P(M') = (x_0 + x, z)$ per qualche z , allora non compie alcuna operazione.

- **colonia** $()$

Calcola una colonia vitale per i microorganismi attualmente presenti sul piano e la visualizza nel formato descritto nell'apposita sezione.

- **genera** (α, β)

Supponiamo che esistano due microorganismi M_1 e M_2 tali che $N(M_1) = \alpha$, $N(M_2) = \beta$ e siano $P(M_1) = (x_1, y_1)$, $P(M_2) = (x_2, y_2)$. Si calcola una colonia vitale. Se in questa colonia M_1 e M_2 hanno un legame e se $x_1 < x_2$, allora vengono aggiunti i microorganismi generati dalla coppia (M_1, M_2) . Se le condizioni precedenti non valgono, non viene effettuata alcuna operazione.

- **censimento** ()

Elenca tutti i microorganismi presenti secondo il formato descritto nell'apposita sezione.

Si noti che le operazioni richieste sono liberamente implementabili; in particolare, non vanno necessariamente intese come prototipi di funzioni.

Specifiche di implementazione

Il programma deve leggere dallo standard input (`stdin`) una sequenza di righe (separate da `\n`), ciascuna delle quali corrisponde a una riga della prima colonna della Tabella 1, dove x, y sono interi e α, β sono stringhe non vuote sull'alfabeto \mathcal{A} .

I vari elementi sulla riga sono separati da uno o più spazi. Quando una riga è letta, viene eseguita l'operazione associata; le operazioni di stampa sono effettuate sullo standard output (`stdout`), e ogni operazione deve iniziare su una nuova riga.

RIGA DI INPUT	OPERAZIONE
c	crea ()
i $x y \alpha$	inserisci (x, y, α)
e α	elimina (α)
m $x y \alpha$	muovi (x, y, α)
C	colonia ()
g $\alpha \beta$	genera (α, β)
s	censimento ()
f	Termina l'esecuzione del programma

Tabella 1: Specifiche del programma

Note

1. Non devono essere presenti vincoli sulla dimensione del piano, sul numero di microorganismi e legami presenti nel piano (se non quelli determinati dal tipo di dato intero). Non si richiede – anzi si sconsiglia – l'uso di grafica, se non per test personali: in modo particolare, non si usi `conio.h` e neppure `clrscr()`.

- Per semplicità si suppone che l'input sia sempre conforme alle specifiche di Tabella 1, per cui non è necessario controllare la correttezza dell'input. Per leggere l'input si usino le funzioni standard ANSI C `getchar()` e/o `scanf()`.
- Sia $x_1 < x_2 < \dots < x_u$ l'elenco ordinato delle ascisse x_i tali che esiste un microorganismo M_i per cui $P(M_i) = (x_i, y_i)$ per qualche $y_i \in \mathbb{Z}$. Sia inoltre $N(M_i) = nome_i$ e si denoti con E l'energia necessaria a stabilire la colonia vitale. Se $u = 2$ allora l'output del comando `C` va visualizzato nel seguente formato:

E : `nome1, (x1, y1); nome2, (x2, y2).`

Se $u > 2$, per ogni $i = 1, \dots, u$ denotiamo con $M_{a(i)}$ e $M_{b(i)}$ i due microorganismi con cui M_i ha stabilito un legame, in modo che $x_{a(i)} < x_{b(i)}$. Allora l'output del comando `C` va visualizzato nel seguente formato:

E :

`nomea(1), (xa(1), ya(1)) < -nome1, (x1, y1) - > nomeb(1), (xb(1), yb(1))`
`nomea(2), (xa(2), ya(2)) < -nome2, (x2, y2) - > nomeb(2), (xb(2), yb(2))`
 ...
`nomea(u), (xa(u), ya(u)) < -nomeu, (xu, yu) - > nomeb(u), (xb(u), yb(u))`

- Sia $nome_1, nome_2, \dots, nome_u$ l'elenco ordinato lessicograficamente dei nomi dei microorganismi presenti nel piano e sia M_i il microorganismo tale che $N(M_i) = nome_i$. Si ponga $P(M_i) = (x_i, y_i)$. Allora l'output del comando `s` va visualizzato nel seguente formato:

`nome1, (x1, y1)`
`nome2, (x2, y2)`
 ...
`nomeu, (xu, yu)`

Esempio

Si supponga che le righe di input siano:

```
c
i 1 5 a
i 2 15 c
i 3 8 e
i 4 2 f
i 5 10 b
i 6 9 d
s
C
g f d
s
m 0 -5 e
C
m 1 -7 d
C
g f d
```

```

s
C
c
i -6 4 alfa
i 3 10 beta
i -5 -4 gamma
i 5 4 delta
i 8 2 epsilon
i 2 -5 zeta
C
g alfa beta
g beta delta
g epsilon zeta
s
e beta
m 0 8 alfa
m 0 -10 epsilon
i 1 1 eta
C
f

```

L'output prodotto dal programma deve essere:

```

a,(1,5)
b,(5,10)
c,(2,15)
d,(6,9)
e,(3,8)
f,(4,2)
40 :
c,(2,15) <- a,(1,5) -> f,(4,2)
a,(1,5) <- c,(2,15) -> e,(3,8)
c,(2,15) <- e,(3,8) -> b,(5,10)
a,(1,5) <- f,(4,2) -> d,(6,9)
e,(3,8) <- b,(5,10) -> d,(6,9)
f,(4,2) <- d,(6,9) -> b,(5,10)
a,(1,5)
b,(5,10)
c,(2,15)
d,(6,9)
e,(3,8)
f,(4,2)
36 :
c,(2,15) <- a,(1,5) -> e,(3,3)
a,(1,5) <- c,(2,15) -> b,(5,10)
a,(1,5) <- e,(3,3) -> f,(4,2)
e,(3,3) <- f,(4,2) -> d,(6,9)
c,(2,15) <- b,(5,10) -> d,(6,9)
f,(4,2) <- d,(6,9) -> b,(5,10)
38 :

```

```

c,(2,15) <- a,(1,5) -> e,(3,3)
a,(1,5) <- c,(2,15) -> b,(5,10)
a,(1,5) <- e,(3,3) -> f,(4,2)
e,(3,3) <- f,(4,2) -> d,(7,2)
c,(2,15) <- b,(5,10) -> d,(7,2)
f,(4,2) <- d,(7,2) -> b,(5,10)
a (1,5)
b (5,10)
c (2,15)
d (7,2)
e (3,3)
f (4,2)
fd6 (6,2)
38 :
c,(2,15) <- a,(1,5) -> e,(3,3)
a,(1,5) <- c,(2,15) -> b,(5,10)
a,(1,5) <- e,(3,3) -> f,(4,2)
e,(3,3) <- f,(4,2) -> fd6,(6,2)
c,(2,15) <- b,(5,10) -> d,(7,2)
f,(4,2) <- fd6,(6,2) -> d,(7,2)
b,(5,10) <- d,(7,2) -> fd6,(6,2)
58 :
gamma,(-5,-4) <- alfa,(-6,4) -> beta,(3,10)
alfa,(-6,4) <- gamma,(-5,-4) -> zeta,(2,-5)
gamma,(-5,-4) <- zeta,(2,-5) -> epsilon,(8,2)
alfa,(-6,4) <- beta,(3,10) -> delta,(5,4)
beta,(3,10) <- delta,(5,4) -> epsilon,(8,2)
zeta,(2,-5) <- epsilon,(8,2) -> delta,(5,4)
alfa,(-6,4)
alfabeta-3,(-3,6)
alfabeta0,(0,8)
beta,(3,10)
betadelta4,(4,7)
gamma,(-5,-4)
delta,(5,4)
epsilon,(8,2)
zeta,(2,-5)
82 :
gamma,(-5,-4) <- alfa,(-6,12) -> alfabeta-3,(-3,6)
alfa,(-6,12) <- gamma,(-5,-4) -> eta,(1,1)
alfa,(-6,12) <- alfabeta-3,(-3,6) -> alfabeta0,(0,8)
alfabeta-3,(-3,6) <- alfabeta0,(0,8) -> betadelta4,(4,7)
gamma,(-5,-4) <- eta,(1,1) -> zeta,(2,-5)
eta,(1,1) <- zeta,(2,-5) -> epsilon,(8,-8)
alfabeta0,(0,8) <- betadelta4,(4,7) -> delta,(5,4)
betadelta4,(4,7) <- delta,(5,4) -> epsilon,(8,-8)
zeta,(2,-5) <- epsilon,(8,-8) -> delta,(5,4)

```

Presentazione del progetto

Il progetto deve essere inviato per posta elettronica all'indirizzo `aguzzoli@dsi.unimi.it` entro il 23 aprile 2006 (incluso). La discussione del progetto e l'esame orale si svolgeranno in data e luogo da specificarsi (consultare al riguardo il sito: <http://homes.dsi.unimi.it/~goldwurm/algo>).

Occorre presentare:

1. il codice sorgente (rigorosamente ANSI C, compilabile con `gcc`);
2. una sintetica relazione (formato pdf o rtf) che illustra le strutture dati utilizzate e analizza il costo delle diverse operazioni richieste dalla specifica.

I due o più file (file sorgenti C + relazione) devono essere contenuti in un unico file `.zip` il cui nome dovrà essere `cognome.zip`. La relazione e il codice devono riportare il vostro nome, cognome e matricola.

Una copia cartacea della relazione e del codice deve inoltre essere consegnata al dr. Aguzzoli entro il 24 aprile 2006 (lasciandola eventualmente nella sua casella postale presso il dipartimento in via Comelico).

Si ricorda infine di presentarsi alla prova orale con una copia stampata della relazione e del codice.

Per ogni ulteriore chiarimento:

E-mail: `aguzzoli@dsi.unimi.it`

Ricevimento: il mercoledì, ore 15-16, stanza S204.

Avvisi

La versione aggiornata del progetto è pubblicata in `.pdf` sul sito:

<http://homes.dsi.unimi.it/~aguzzoli/algo.htm>.

Si consiglia di consultare periodicamente questo sito per eventuali correzioni e/o precisazioni relative al testo del progetto.

Si richiede allo studente di effettuare un adeguato collaudo del proprio progetto su numerosi esempi diversi per verificarne la correttezza e valutarne le prestazioni.

La realizzazione del progetto è una prova d'esame da svolgersi **individualmente**. I progetti giudicati frutto di **collaborazioni** saranno **estromessi** d'ufficio dalla valutazione.