

Distância genômica

Dada a sequência de genes de dois indivíduos diferentes, podemos inferir quão distantes eles estão evolutivamente contando o número de mutações gênicas necessárias para transformar o genoma de um indivíduo no do outro.

Existem diversos tipos de mutações gênicas, mas uma das mais comuns é a troca da posição de genes adjacentes, ou seja, a inversão de dois genes.

Vamos focar apenas neste tipo de mutação, o que nos leva a supor que os dois indivíduos analisados tem os mesmos genes.

Para simplificar, vamos numerar os genes de um dos indivíduos de 1 até n e cada um dos genes do outro indivíduo recebe o mesmo número, ainda que apareça em posição distinta.

Seu objetivo é, dada uma sequência de números inteiros correspondendo ao genoma do indivíduo~2 (numerado de acordo com a ordem do indivíduo 1), determinar a distância genômica baseada apenas em inversões entre os dois indivíduos.

Entrada:

A primeira linha da entrada informa a quantidade N de genes dos indivíduos comparados, a segunda linha apresenta uma sequência de N números inteiros correspondendo ao genoma do indivíduo 2, numerados de acordo com a ordem em que os genes aparecem no indivíduo 1.

Saída:

Deve ser impresso o menor número de inversões de genes necessário para transformar o genoma do indivíduo 2 no genoma do indivíduo 1.

Exemplos de entrada com a respectiva saída:

Entrada	Saída esperada
5	7
2 5 4 3 1	

Entrada	Saída esperada
5	0
1 2 3 4 5	

Entrada	Saída esperada
5	10
5 4 3 2 1	