

Algoritmos e Estruturas de Dados 1

Quarto Trabalho Prático
DC-UFSCar

1 Introdução

Neste trabalho prático é solicitada a entrega de um programa que solucione o problema apresentado na próxima seção. O arquivo entregue deve seguir os itens abaixo:

- O trabalho deverá ser feito individualmente e plágio não será tolerado;
- O cabeçalho de cada função pedida deve seguir o modelo indicado na sua descrição;
- Você pode adicionar mais bibliotecas caso necessite;
- Outras funções auxiliares podem ser criadas para facilitar o desenvolvimento, desde que as funções pedidas no enunciado estejam presentes e se comportem de acordo com o que foi pedido;
- O trabalho deve ser entregue no run codes (<https://run.codes>) em um arquivo contendo código em linguagem C e com um cabeçalho com as informações do estudante (nome, curso, RA);
- Cada estudante deve se cadastrar no run codes (<https://run.codes>) informando Nome Completo, escolhendo “UFSCar - Universidade Federal de São Carlos” no campo Universidade e colocando seu RA no campo Núm. Matrícula. Depois de cadastrado, basta logar no run codes e se matricular na disciplina "1001502 - Algoritmos e Estruturas de Dados 1" usando o Código de Matrícula SCL5.
- Compile o seu TP usando o compilador GCC com flags -Wall -pedantic -O2 -Wno-unused-result, pois warnings podem impedir o código de funcionar no run codes ainda que funcionem no seu computador.

2 O problema

3 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 do indivíduo 1 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, numerado 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:

Entrada	Saída
5	7
2 5 4 3 1	

Entrada	Saída
5	0
1 2 3 4 5	

Entrada	Saída
5	10
5 4 3 2 1	