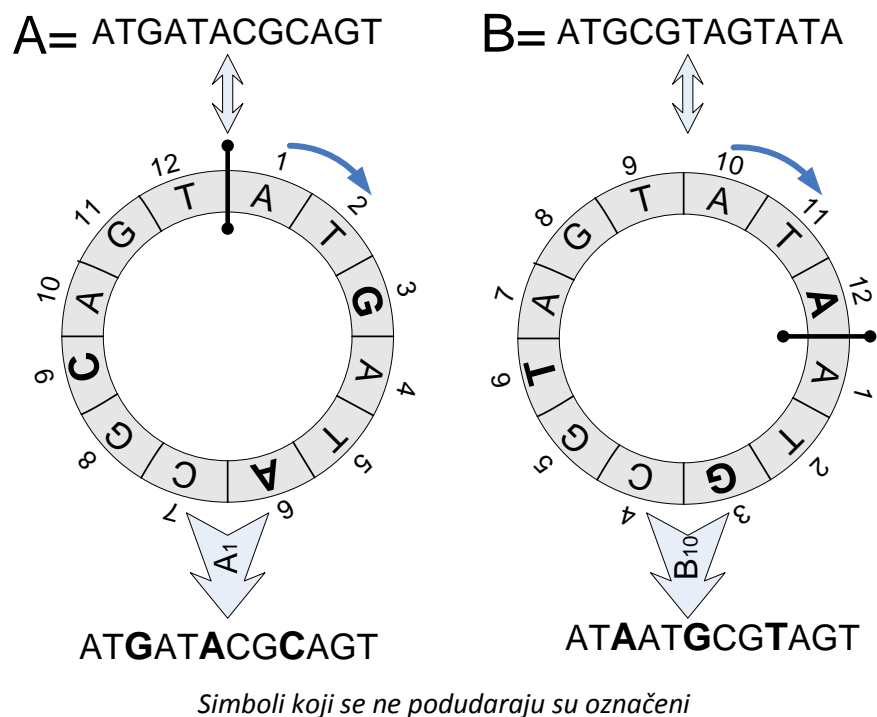


Cirkularna genomika (genomika)

Naučnici na Institutu za kompjutacionu genetiku i optimizacije u okviru jednog multinacionalnog projekta za razvoj novih antivirusnih lijekova in silico su iznenada došli do interesantnog otkrića - dizajnirali su metodu za sekvenciranje DNK svih dostupnih bakterija. Da bi ovo otkriće imalo još veću vrijednost sada žele razviti metod koji određuje stepen sličnosti između dvije bakterije.

Poznato je da gotovo sve DNK molekule mogu biti predstavljene kao nizovi simbola (slova) 'A', 'G', 'T', 'C'. Stepenn sličnosti dva organizma je onda određen kao stepenn sličnosti njihovih linearnih genoma. Stepenn sličnosti dva linearna genoma je jednak ukupnom broju istih simbola na istim pozicijama u dvije sekvence.

Poznato je da bakterijski genomi nisu linearni nego cirkularni, tj. prvi i posljednji simbol DNK su susjedni. Prema tome, ako je $S = s_1s_2s_3...s_n$ - jedan genom date bakterije, onda su i $S_1 = S = s_1s_2s_3...s_n$, $S_2 = s_2s_3...s_ns_1$, ..., $S_n = s_ns_1...s_{n-2}s_{n-1}$ također genomi date bakterije. Pored toga, S_x koji je linearan genom, se naziva i modifikacija datog cirkularnog genoma. Naučnici žele da pokažu da je stepenn sličnosti dvije bakterije sa pripadajućim cirkularnim genomima A i B proporcionalan maksimalnoj sličnosti koju možemo imati između neke dvije njihove modifikacije A_x i B_y .



Zadatak

Vaš zadatak je da napišete funkciju *BakterijaSlicnost* koja računa i vraća pozitivan cijeli broj koji je mogući maksimum sličnosti modifikacija datog cirkularnog genoma. Funkcija prima tri argumenta. Prvi argument je pozitivan cijeli broj N , drugi argument je niz A od N simbola 'A', 'G', 'T' i 'C' i treći argument je niz B od N simbola 'A', 'G', 'T' i 'C'.

Primjeri

Primjer br. 1

$\text{BakterijaSlicnost}(2, \{\text{AG}\}, \{\text{TA}\}) = 1$

Objašnjenje: $A_1 = \text{AG}$, $B_2 = \text{AT}$

Primjer br. 2

$\text{BakterijaSlicnost}(2, \{\text{AGTC}\}, \{\text{CTGA}\}) = 2$

Objašnjenje: $A_2 = \text{GTCA}$, $B_3 = \text{GACT}$

Primjer br. 3

$\text{BakterijaSlicnost}(12, \{\text{ATGATACGCAGT}\}, \{\text{ATGCGTAGTATA}\}) = 9$

Objašnjenje: $A_1 = \text{ATGATACGCAGT}$, $B_{10} = \text{ATAATGCGTAGT}$

Ograničenja

$$2 \leq N \leq 100$$

Vremensko i memorijsko ograničenje, kao i raspored bodova po testnim primjerima su dostupni na sistemu za ocjenjivanje.

Detalji implementacije

Sa servera za takmičenje možete preuzeti pripremljeno okruženje (*genomika_cpp.zip*), sa osnovnim fajlovima za jezik C++.

Napišite funkciju sa prototipom `int BakterijaSlicnost(int N, char *A, char *B)`; u fajlu *genomika.cpp*.

Samo unutar ovog fajla treba da implementirate svoje rješenje. Pri tome smijete koristiti i druge pomoćne funkcije koje ste vi napisali, te standardna zaglavlja/biblioteke jezika C++, kao i funkcije iz ovih biblioteka. Kada šaljete svoje rješenje, šaljete samo fajl *genomika.cpp*. Ne smijete ni na koji način vršiti interakciju sa standardnim ulazom/izlazom niti sa bilo kojom datotekom. U pripremljenom okruženju nalazi se fajl *grader.cpp* koji testira ispravnost rada funkcije koju ste napisali na javne testne primjere, dok komisija koristi svoj *grader.cpp* koji nije javni. U skladu s tim, slobodni ste da modifikujete *grader.cpp* i prilagođavate ga svojim potrebama u svrhu testiranja na lokalnom računaru.