

## Problema 1

Joãozinho mora em uma rua que tem  $N$  casas. Marquinhos é o melhor amigo dele, mas sempre gosta de pregar peças em Joãozinho. Desta vez, ele pegou os dois brinquedos prediletos de Joãozinho e os escondeu em duas casas distintas da rua. Em compensação, Marquinhos deu uma dica importante para Joãozinho: a soma dos números das casas em que escondei teus brinquedos é igual a  $K$ . Além disso, escolhi as casas de tal forma que não existe outro par de casas cuja soma tenha esse mesmo valor. Sabendo disto, encontre qual é o par de casas em que se encontram os brinquedos de Joãozinho. Para auxiliar seu amigo, Marquinhos entregou a Joãozinho uma lista com o número das casas já em ordem crescente (isto é, do menor para o maior número).

Entrada: A primeira linha da entrada contém um número inteiro  $N$ , que representa o número de casas que existem na rua. Cada uma das  $N$  linhas seguintes contém um número inteiro, representando o número de uma casa. Note que esses  $N$  números estão ordenados, do menor para o maior. A última linha da entrada contém um inteiro  $K$ , que é a soma dos números das duas casas onde os brinquedos estão escondidos.

Saída: Se programa deve imprimir uma única linha, contendo dois inteiros,  $A$  e  $B$ ,  $A < B$ , que representam os números das casas em que estão escondidos os brinquedos. Os dois números devem ser separados por um espaço em branco.

Exemplo de Entrada	Exemplo de Saída
4 1 2 3 5 8	3 5
4 1 2 3 5 5	2 3

## Problema 2

Watson, Crick e Wilkins receberam em 1962 o prêmio Nobel de Medicina especialmente pelo seu trabalho que resultou na descoberta da estrutura das moléculas do DNA e na sua importância na transmissão de informações entre as gerações de seres vivos. Watson e Crick publicaram na revista “Nature” em 1953 o artigo em que mostravam que a molécula de DNA apresentava uma estrutura de dupla hélice. O artigo assume enorme importância nos dias de hoje, especialmente depois dos vários avanços na área.

Muitas pesquisas têm sido feitas na área de Bioinformática ligadas à descoberta da sequência de bases que compõem as moléculas de DNA dos vários seres vivos. Em especial, a estrutura destas moléculas tem sido usada para compor teorias de como os seres vivos evoluíram e quais têm ancestrais comuns. Acredita-se que os seres vivos presentes hoje no planeta podem descender de ancestrais comuns, sendo que as modificações nos seus respectivos DNAs são devidas a fenômenos de mutação ocorridos durante a evolução. Muitos biólogos acreditam no princípio da parcimônia, que diz que o número destas mutações deve ser o mínimo possível, uma vez que a Natureza busca, de certa forma, o caminho “mais barato” para a modificação desejada.

Sua tarefa neste problema é auxiliar os pesquisadores na tarefa de determinar se duas sequências de DNA podem ter um ancestral comum. Considere dadas duas sequências (podemos imaginar como sequências de números inteiros). O seu objetivo é determinar o menor número de trocas de elementos de uma das sequências (os elementos não precisam estar em posições adjacentes na sequência) que leva uma das sequências na outra. Observe que podemos considerar uma das sequências fixa (por exemplo, em ordem crescente), dessa forma buscamos o número mínimo de tais trocas que ordena a sequência dada.

### Entrada

A entrada é composta por diversas instâncias. A primeira linha da entrada contém um inteiro T indicando o número de instâncias. A primeira linha de cada instância possui um inteiro N ( $1 \leq N \leq 10000$ ) indicando o número de inteiros na sequência. A segunda linha contém uma permutação dos inteiros 1, 2, ..., N separados por espaço.

### Saída

Para cada instância imprima uma linha contendo o número mínimo de tais trocas que ordena a sequência dada.

Exemplo de Entrada	Exemplo de Saída
2	4
5	3
2 3 4 5 1	
5	
2 1 4 5 3	