

Problema B

Mutação comum

Problema

Imagine o cenário hipotético seguinte: a Terra foi exposta a uma radiação desconhecida vinda do espaço que alterou subtilmente os genes da população mundial. Embora de aparência inócua, esta mutação merece o estudo pelos cientistas.

Estes lançaram um estudo nas diferentes comunidades a que têm acesso. Parece que as mutações se formam conforme as mutações existentes em redor do indivíduo, família, vizinhos, comunidade. É preciso estudar estas relações! É relevante tentar destacar mutações parentes, como estas aparecem nas diferentes comunidades e como estas se interligam entre elas.

Foi possível codificar cada mutação existente para um inteiro. Um estudo preliminar determinou que a genealogia das mutações em cada comunidade é determinada pela ordem em que as mutações aparecem e que as relações de dependência nas mutações se adaptam à medida que novas mutações aparecem na comunidade. Acontece que esta hierarquia segue a política de equilíbrio AVL de uma árvore binária de pesquisa induzida pela ordem natural sobre os inteiros!

Assim, é-lhe dado uma sequência de números inteiros que é preciso organizar numa floresta de árvores de inteiros. Relembra-se que, até na área das estruturas de dados, uma floresta é um conjunto de árvores.

Cada árvore da floresta representa uma comunidade e é uma **árvore binária de pesquisa equilibrada conforme a política AVL**.

Dado dois inteiros a e b , pretendemos neste problema determinar a **primeira mutação comum**, se existir, para cada uma das árvores da floresta.

Por exemplo, consideremos uma comunidade de 9 indivíduos cujas mutações são 7, 3, 11, 14, 2, 8, 5, 6 e 4.

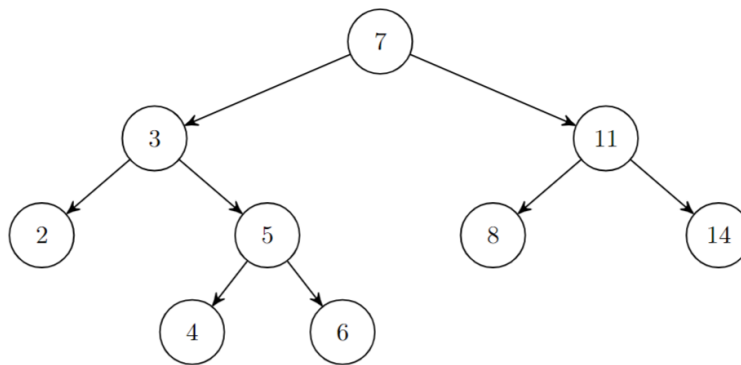


Figura 1: Exemplo de uma hierarquia de mutações

Nesta comunidade, a primeira mutação comum de 2 e 6 é o elemento 3. Para 2 e 8, é 7. Para 5 e 4, é 5. Não há mutação comum para os elementos 5 e 12.

Entrada

Na primeira linha encontramos um inteiro N que indica quantas árvores tem a floresta.

O resto do *input* é organizado em N grupos de linhas (um por cada árvore) mais uma linha.

O *input* para uma determinada árvore está organizado da seguinte forma:

Primeiro uma linha com o inteiro n , o número total de nodos contidos na árvore.

Seguem n linhas com um inteiro em cada linha que representa um valor por juntar na árvore. Se houver valores repetidos, estes não serão considerados na árvore, por definição das árvores de pesquisa.

Depois da definição das N árvores, temos uma linha com dois inteiros a e b separados por um espaço.

Saída

Quantas mutações comuns foram encontradas, apresentadas pela mesma ordem das árvores da floresta, em que cada linha identifica a primeira mutação comum encontrada.

Se não houver mutação comum, para nenhuma árvore da floresta, apresenta-se uma linha única com a palavra NO.

Limites

Os valores constituintes das árvores são inteiros **positivos ou nulos** regulares de tipo OCaml `int`. O valor N tem por limite: $0 < N \leq 5000$. Cada árvore tem por número máximo de elementos 10 000.

Exemplo de Entrada

```
3
5
3
2
5
6
1
7
8
2
4
10
34
21
5
5
1
3
6
4
7
1 6
```

Este exemplo de *input* introduz 3 árvores de tamanho respetivo 5, 7 e 5. Nestas árvores/comunidades é preciso determinar quais são as mutações mais próximas das mutações 1 e 6.

Exemplo de Saída

```
3
3
```