

Egzamin, termin III

imię i nazwisko _____

dyn

liczba punktów _____ / 10

dokument klasy **B1**, archiwizować do **2020-01-01**

W programie zdefiniowano następujące typy:

```
struct stBakteria
{
    string nazwa;
    stBakteria * pNast;
    stGenom * pGenom;
};

struct stGenom
{
    double gen;
    stGenom * pNast;
};
```

Korzystając z nich można utworzyć strukturę danych, której przykład jest przedstawiony na rys. 1. Bakterie (struktury **stBakteria**) tworzą listę jednokierunkową. Każda bakteria ma genom zapisany w postaci listy jednokierunkowej cyklicznej. Genom nie może być pusty – musi zawierać przynajmniej jeden gen (jeden element listy cyklicznej).

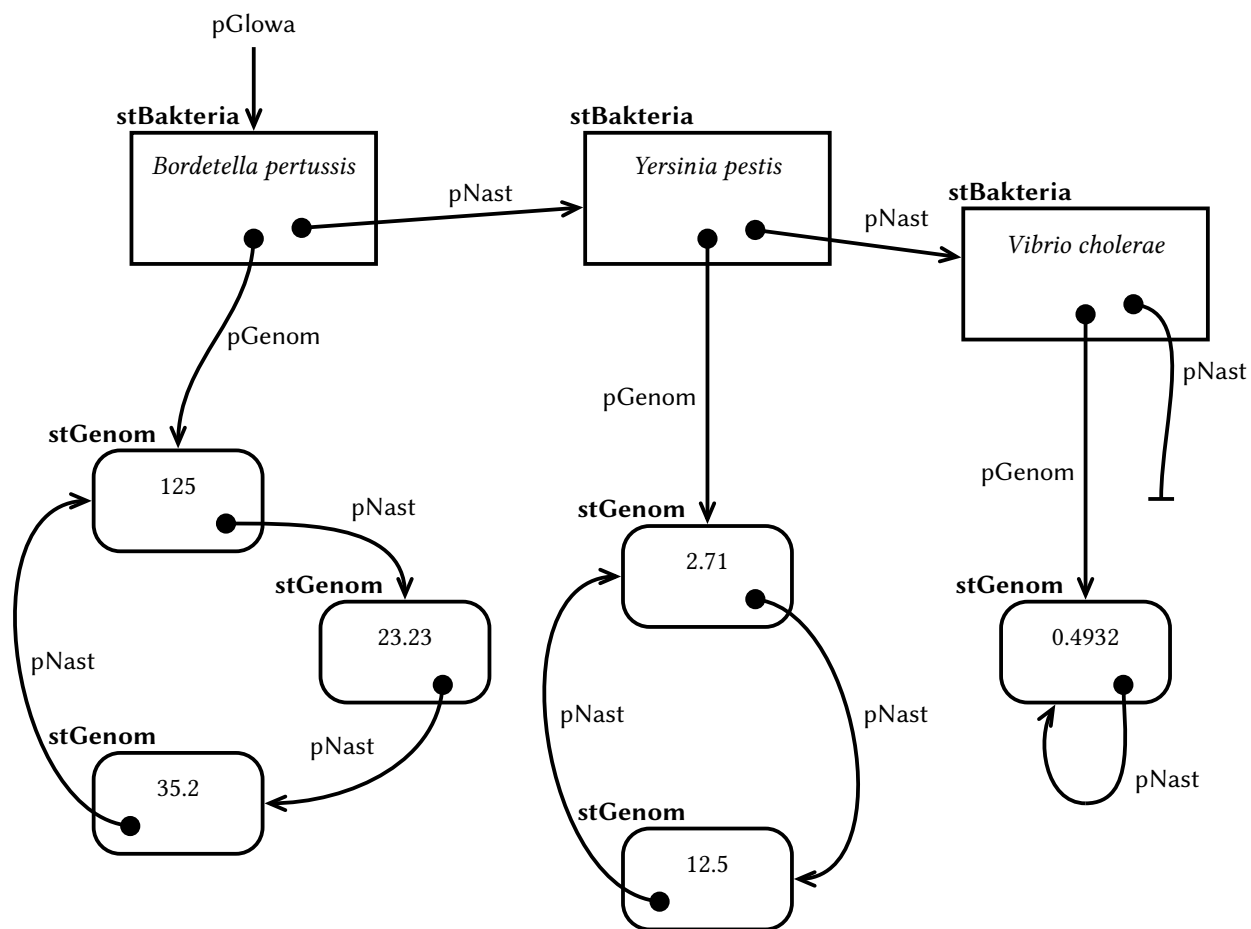
Zadanie

Proszę zdefiniować funkcje:

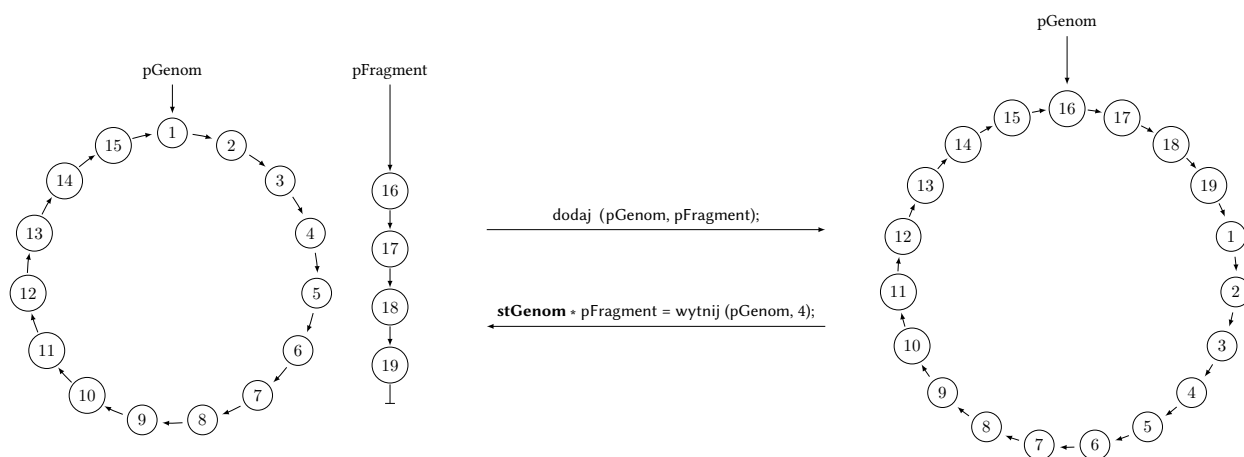
1. **void** dodaj (**stGenom** *& pGenom, **stGenom** * pFragment);
(3 punkty) Funkcja dodaje do genomu bakteryjnego o głowie pGenom fragment o adresie pFragment. Fragment jest dodawany na początek genomu, tzn. że po dodaniu głowa listy cyklicznej wskazuje na nowo dodany fragment. Przykład dodawania do genomu przedstawia rys. 2.
2. **stGenom** * wytnij (**stGenom** *& pGenom, **int** ile);
(3 punkty) Funkcja wycina z genomu o głowie pGenom fragment o długości ile. Funkcja zwraca adres wyciętego fragmentu. Genom bakteryjny po wycięciu nadal jest kolisty. Przykład wycinania do genomu przedstawia rys. 2.
3. **void** znajdzNajlepszaNajgorszaBakterie (**stBakteria** * pGlowa, **stBakteria** * & pNajgorsza, **stBakteria** * & pNajlepsza);
(2 punkty) Funkcja wyszukuje bakterie najlepszą i najgorszą ze względu na uzyskaną wartość funkcji ocen, która jest zdefiniowana w programie i ma nagłówek: **double** ocen (**stGenom** * pGenom); Funkcji tej nie trzeba definiować!
4. **void** krzyzuj (**stBakteria** * pGronkowiec, **stBakteria** * pPaciorkowiec);
(2 punkty) Krzyżowanie dwóch bakterii polega na wymianie fragmentów genów tych bakterii. Odbywa się to w następujący sposób: Z obu bakterii wycinane są fragmenty od długości $\lfloor \frac{n}{2} \rfloor$, gdzie n to liczba genów bakterii, a następnie zamieniane. Długości wymienianych fragmentów nie muszą być jednakowe. Funkcja korzysta z funkcji zdefiniowanych w punktach 1 i 2.

Ułatwienie: W programie zdefiniowana jest funkcja wyznaczająca liczbę genów w genomie, tzn. liczbę elementów struktury **stGenom** w liście cyklicznej. Nagłówek funkcji: **int** ile (**stGenom** * pGenom); Funkcji tej nie trzeba definiować!

Wskazówka: Funkcja *podłoga* $\lfloor x \rfloor$ oznacza największą liczbę całkowitą nie większą od x , tzn. $\lfloor x \rfloor = \max\{k \in \mathbb{Z} : k \leq x\}$, np. $\lfloor \pi \rfloor = 3$.



Rysunek 1: Przykładowa struktura danych przechowująca bakterie i ich genomy.



Rysunek 2: Dodawanie fragmentu do genomu i wycinanie fragmentu z genomu.