

Allenamenti 2010

Papà? (papa)

Difficoltà D = quattroterzipigrecoeretre (tempo limite 3 sec).

Descrizione del problema

Un campione di DNA è una stringa di caratteri sull'alfabeto dei nucleotidi G, A, T, C. Per i limitati mezzi disponibili, esistono dei vincoli sui test di DNA. In particolare:

- il campionamento di DNA può essere eseguito solo parzialmente: dato un campione di DNA è possibile conoscerne solo alcune sottostringhe;
- le sottostringhe non sono perfette: alcuni nucleotidi sono danneggiati, per cui sono rappresentati dal carattere speciale ? (il punto interrogativo);
- ad ogni sottostringa è associata la sua posizione nella stringa del campione originale del DNA.

In un laboratorio di analisi, per distrazione, sono state mescolate le sottostringhe di più stringhe di DNA: è noto che due stringhe sono state sicuramente coinvolte, ma potrebbe essercene una terza o di più. Il vostro compito è di aiutare i biologi a capire se ulteriori stringhe sono state mescolate con le prime due.

Dati di input

Il file `input.txt` contiene N istanze del problema. Il file contiene sulla prima riga l'intero N , e sulla seconda riga gli interi M_1, M_2, \dots, M_N , separati da uno spazio, che denotano il numero M_i di sottostringhe dell' i -esima istanza. Vi sono poi $M_1 + M_2 + \dots + M_N$ righe. Le prime M_1 righe del blocco contengono le sottostringhe della prima istanza, le successive M_2 righe rappresentano le sottostringhe della seconda istanza e così via. Ogni sottostringa è formata da una stringa di nucleotidi G, A, T, C e di punti interrogativi ?, che denotano nucleotidi danneggiati di cui non si sa l'esatta identità. Ognuna delle righe che rappresentano le sottostringhe è formata dagli interi j e k separati da uno spazio (rispettivamente, l'indice di inizio e la lunghezza della sottostringa; gli indici dei caratteri iniziano da 0) e dalla sottostringa stessa (composta esclusivamente dai caratteri G, A, T, C e ?).

Dati di output

Il file `output.txt` dovrà contenere N valori interi. L' i -esimo valore sarà 1 se nell' i -esima istanza sono state mescolate tre o più stringhe di DNA e 0 altrimenti (ossia sono state mescolate esattamente due stringhe).

Assunzioni

- $1 \leq N \leq 10$;
- per ogni i , $1 \leq M_i$;

- ogni valore j è compreso tra 0 e 2000000000 (due miliardi);
- ogni valore k è compreso tra 1 e 2000.

Esempi di input/output

File input.txt	File output.txt
<pre> 2 3 3 1 5 AA?TT 2 5 ACTTG 1 5 CCTTG 1 2 AA 2 3 CCG 1 2 TA </pre>	<pre> 0 1 </pre>

Nota/e

- È possibile convincersi che, nella prima istanza, i tre frammenti possono essere estratti dalle due stringhe di DNA AACTTG e CCTTG. È invece impossibile estrarre i tre frammenti della seconda istanza da due sole stringhe.