

# Algoritmos e Estruturas de Dados 2

## Primeiro Trabalho Prático (Primeira Versão)

**Data Limite para Entrega: 24/05/2025**

1º Semestre 2025 - DC-UFSCar

### 1 Introdução

No primeiro Trabalho Prático (TP01) será solicitada a entrega de programas que solucionem os problemas apresentados nas próximas seções. Os programas entregues devem seguir os itens abaixo:

- Os programas devem ser feitos individualmente e plágio não será tolerado;
- Os programas devem ser entregues no beecrowd (<https://www.beecloud.com.br>) com código em linguagem C, contendo um cabeçalho com as informações do estudante (nome, curso, RA);
- Cada estudante deve se cadastrar no beecrowd (<https://www.beecloud.com.br>), acessar o beecrowd academic (<https://www.beecloud.com.br/judge/pt/disciplines>) e se matricular na disciplina “AED2 2025s1 Turma A” usando Chave Eo.jcZq e ID 014470;
- Na linguagem C, compile seus programas usando o compilador GCC com flags -Wall -pedantic -O2 -Wno-unused-result, pois warnings podem impedir o código de funcionar no beecrowd ainda que funcionem no seu computador.
- Importantel: Para todos os estudantes de computação (engenharia ou ciência), gostaria que o trabalho fosse feito em linguagem C, como está especificado no enunciado.
- Importante2: Eu posso liberar submissão em Python para que os estudantes de outros cursos possam usar esta linguagem, já que eles não veem introdução à programação em C.
- Importante3: Os estudantes de outros cursos que não computação, por favor me enviem uma mensagem informando nome, RA e curso, para eu saber se devo criar uma versão da lista de exercícios que aceite soluções em Python.

Notem que os problemas que formam este trabalho prático fazem parte da lista de exercícios “Ordenação” na página da disciplina no beecrowd.

## 2 Casamento entre Multiconjuntos

(2 pontos) Complementariedade é uma propriedade comum quando lidamos com valores em diferentes contextos. Por exemplo, quando pensamos em ângulos, os pares  $(30^\circ, 60^\circ)$ ,  $(20^\circ, 70^\circ)$  e  $(40^\circ, 50^\circ)$  são ditos complementares, pois a soma de cada um é igual a  $90^\circ$ .

Neste problema estamos interessados em uma medida de complementariedade entre multiconjuntos, que depende do valor das medianas dos mesmos. Um multiconjunto é uma generalização de conjunto que pode repetir elementos. Dados dois multiconjuntos  $X$  e  $Y$  de valores inteiros, sejam  $m_X$  e  $m_Y$  suas respectivas medianas. Assim, nossa medida corresponde ao número de pares distintos  $(x, y)$ , com  $x \in X$  e  $y \in Y$ , que tem soma igual a  $m_X + m_Y$ .

Importante, usamos uma definição de mediana em que a mesma sempre corresponde a um valor do multiconjunto. Se o número de elementos do multiconjunto for ímpar, a mediana é o valor que divide os valores exatamente ao meio (entre menores e maiores). Se for par, adotamos o padrão de deixar um elemento a menos entre os menores do que entre os maiores. Assim, tanto a mediana de  $\{1, 2, 3\}$  quanto de  $\{1, 2, 3, 4\}$  é o valor 2.

Note que, como a mediana é um elemento do multiconjunto, para quaisquer dois multiconjuntos sempre existirá ao menos um par que satisfaz nossa medida de complementariedade. Note também que, embora multiconjuntos possam ter elementos repetidos, não podemos usar um mesmo elemento para formar mais de um par. Por exemplo, a partir dos multiconjuntos  $\{1, 2, 3, 3\}$  e  $\{4, 5, 6, 7, 8\}$  não podemos formar mais de um par  $(3, 5)$ , embora possamos formar simultaneamente os pares  $(3, 4)$  e  $(3, 5)$ .

### Entrada

A instância deve ser lida da entrada padrão. A primeira linha tem os números inteiros positivos  $N_X \leq 10^7$  e  $N_Y \leq 10^7$ . A segunda linha tem uma sequência de  $N_X$  elementos em ordem arbitrária, correspondendo aos valores do multiconjunto  $X$ . De modo semelhante, a terceira linha tem os  $N_Y$  elementos de  $Y$ .

### Saída

A saída tem uma única linha, terminada em '\n', com a medida de complementariedade entre  $X$  e  $Y$ .

### Exemplos de entradas e saídas correspondentes

Entrada	Saída	Entrada	Saída	Entrada	Saída
3 4	3	4 3	1	5 4	3
1 2 3		3 2 -4 1		4 5 6 7 8	
1 2 3 4		3 1 -2		3 2 1 3	

### 3 Eleição Legislativa

(3 pontos) Numa votação para a câmara legislativa uma enorme quantidade ( $N \leq 10^7$ ) de eleitores escolheu seus representantes, sendo que cada candidato é identificado por um número inteiro positivo. Como a votação é anônima, para cada eleitor temos apenas o número do candidato que ele escolheu. Você recebe estes números em ordem arbitrária e precisa determinar quantos votos recebeu cada candidato. Mas o pessoal é muito apressado, por isso você precisa devolver a lista dos  $K$  candidatos mais votados (em ordem decrescente de votos recebidos) em tempo recorde (o problema deve ser resolvido em tempo próximo a linear em  $N$ ).

#### Entrada

A instância deve ser lida da entrada padrão. A primeira linha informa a quantidade  $N$  de votos registrados e o número  $K$  de cadeiras em disputa. A segunda linha apresenta uma sequência com  $N$  números inteiros positivos, separados por espaços.

#### Saída

Devem ser impressos na saída padrão a sequência com os  $K$  candidatos mais votados, em ordem decrescente de votos recebidos. Mais precisamente, em cada linha deve constar o número do candidato seguido de “: ” e do número de votos recebidos por ele. Se dois candidatos empatarem em número de votos, aquele que recebeu o último voto primeiro (na sequência da entrada) deve ficar na frente. Cada linha deve ser terminada em ‘\n’.

#### Exemplos de entradas e saídas correspondentes

Entrada	Saída	Entrada	Saída
6 2	3: 2	11 3	5: 4
1 3 5 7 3 1	1: 2	1 3 5 7 5 11 5 7 11 5 3	7: 2
			11: 2

## 4 Distância Genômica

(5 pontos) Dada a sequência de genes de dois indivíduos diferentes, podemos inferir quão distantes eles estão evolutivamente contando o número de mutações gênicas necessárias para transformar o genoma de um indivíduo no do outro. Existem diversos tipos de mutações gênicas, mas uma das mais comuns é a troca da posição de genes adjacentes, ou seja, a inversão de dois genes. Vamos focar apenas neste tipo de mutação, o que nos leva a supor que os dois indivíduos analisados tem os mesmos genes. Para simplificar, vamos numerar os genes dos indivíduos de 0 a  $N - 1$ , sendo  $N$  o número de genes. Seu objetivo é, dadas duas sequências de números inteiros correspondendo aos genomas dos indivíduos 1 e 2, determinar a distância genômica baseada apenas em inversões entre os dois indivíduos.

### Entrada

A instância deve ser lida da entrada padrão. A primeira linha informa a quantidade  $N$  de genes dos indivíduos comparados, a segunda linha apresenta uma sequência de  $N$  números inteiros (entre 0 e  $N - 1$ ) correspondendo ao genoma do indivíduo 1, e a terceira linha apresenta uma sequência de  $N$  números inteiros (entre 0 e  $N - 1$ ) correspondendo ao genoma do indivíduo 2.

### Saída

Deve ser impresso na saída padrão o menor número de inversões de genes necessário para transformar o genoma do indivíduo 2 no genoma do indivíduo 1.

### Exemplos de entradas e saídas correspondentes

Entrada	Saída	Entrada	Saída
5	7	5	0
0 1 2 3 4		0 1 2 3 4	
1 4 3 2 0		0 1 2 3 4	

Entrada	Saída	Entrada	Saída
5	0	5	10
1 4 3 2 0		4 3 2 1 0	
1 4 3 2 0		0 1 2 3 4	