

Aclaraciones a la práctica de PRO2

Primavera 2020

- 6-abr-2020: [Enunciado] Pequeños retoques en la subsección del programa principal; en particular la nota a pie de página número 4 se ha transformado en un nuevo párrafo donde se insiste en que el conjunto de clústers solamente se sincroniza con el conjunto de especies mediante `inicializa_clusters` y `imprime_arbol_filogenetico`. Si tras una aplicación de cualquiera de estas dos operaciones el conjunto de especies sufre altas o bajas, estas no afectan al conjunto de clústers hasta la siguiente sincronización.

- 8-abr-2020: [Enunciado] Un nuevo ítem en la subsección “Decisiones sobre los datos”:

No habrá especies que compartan un mismo gen. Sí que podrá haber especies a distancia 0 (es decir, con el mismo conjunto de k -meros), pero de cara al algoritmo WPGMA no representan un caso especial.

- 8-abr-2020: [Enunciado] Desempates entre clústers para el método WPGMA: si en algún paso del algoritmo se producen empates en la distancia mínima entre clústers, se elige el par de clústers A y B que dé lugar a un nuevo clúster C con identificador más pequeño.
- 11-abr-2020: [Enunciado] `ejecuta_paso_wpgma`: se especifica que, en caso de que el número de clústers del conjunto sea menor o igual que uno, solamente se debe imprimir un mensaje de error.
- 12-abr-2020: [Enunciado] `imprime_arbol_filogenetico`: se especifica que, en caso de que el nuevo conjunto de clústers sea vacío, solamente se debe imprimir un mensaje de error. Sin embargo, en otras situaciones (`imprime_cjt_especies`, `tabla_distancias`, `inicializa_clusters`) en las que se pida imprimir conjuntos vacíos o tablas de conjuntos vacíos, no se debe escribir ninguna información.

- 22-abr-2020: [Datos] Se introduce la restricción de que los genes de todas las especies han de ser de longitud mayor o igual que k
- 22-abr-2020: [Resultados] Se simplifican algunos formatos de salida:
 - se unifican los criterios para escribir árboles en las dos operaciones que lo requieren
 - las distancias ya no se piden con exactamente 4 decimales, se han de pasar tal cual al `cout` (no `precision`, no `fixed`)
 - en `inicializa_clusters` solo se han de escribir las distancias (no se han de escribir los clústers)
 - en las operaciones que implican imprimir distancias desaparece la mención a la indexación de filas y columnas; el formato preciso en el que se han de imprimir las distancias de cada especie se mostrará en el juego de pruebas público
- 22-abr-2020: [Sample entrega intermedia] Cambia el orden de lectura del primer conjunto de especies. Se lee un último conjunto, formado por una especie.