

---

## Práctica de PRO2 - Primavera 2020 - entrega final provisionalX69428\_es

---

Este problema permite hacer entregas de prueba de la práctica completa. Tened en cuenta que:

- no es el canal para hacer la entrega definitiva de la práctica
- el problema del Jutge de la entrega definitiva puede contener elementos o condiciones diferentes de los que aparecen en este problema
- las entregas realizadas en este problema no serán tenidas en cuenta para la nota de la práctica
- en esta entrega no pedimos carpetas generadas mediante `doxygen`, pero los ficheros de la clases pueden llevar todos los comentarios `doxygen` que queráis; de hecho recomendamos que incluyáis las especificaciones de todas las operaciones y que sean lo más definitivas posible

### Observación

El Jutge prueba vuestras entregas mediante 4 juegos de pruebas:

- `sample`: el juego de pruebas público
- `privat1`: combinación de los juegos de pruebas de la entrega intermedia con una situación nueva de eficiencia (gestión de las distancias)
- `privat2`: un poco de todo sobre clusters
- `privat3`: eficiencia de clusters

En un fichero llamado `practica.tar` tenéis que entregar

- Los ficheros `.hh` y `.cc` de las clases y el programa principal
- El fichero `Makefile`, que usaremos para generar y probar el ejecutable

Tened en cuenta las siguientes restricciones:

- El fichero que contiene el programa principal se ha de llamar `program.cc`
- El `Makefile` ha de generar un ejecutable llamado `program.exe`
- Es importante que uséis las opciones de compilación del Jutge de PRO2 (ved Documentation → Compilers → PRO2 a [www.jutge.org](http://www.jutge.org))
- No usar la opción `-D_GLIBCXX_DEBUG` o usarla de forma incorrecta podrá ser penalizado

Producid el fichero `practica.tar` con la instrucción Linux

```
tar -cvf practica.tar fitxer1 fitxer2 fitxer3 ...
```

desde el directorio/carpeta donde tengáis los ficheros que vais a entregar. incluid esta instrucción en vuestro Makefile, de forma que el .tar se pueda generar ejecutando make practica.tar. Con eso reduciréis el riesgo de error en sucesivas entregas. El Jutge no acepta .tar donde los ficheros estén dentro de carpetas. Recomendamos usar GNU tar para reducir el riesgo de que el fichero practica.tar sea incompatible con el Jutge. No es necesario incluir BinTree.hh en practica.tar.

## Ejemplo de entrada

3	ejecuta_paso_wpgma
lee_cjt_especies	ejecuta_paso_wpgma
5	
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG	imprime_cluster ac
e TACACCATTAACCGGTGGGG	inicializa_clusters
a AAAAGATGACCAGCGTAATG	
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT	crea_especie nuevo2 AAA
c ACGATTGCGTAAGCTATGT	
	imprime_arbol_filogenetico
imprime_cjt_especies	
tabla_distancias	
imprime_arbol_filogenetico	lee_cjt_especies
	0
crea_especie f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	imprime_cjt_especies
crea_especie g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	tabla_distancias
imprime_cjt_especies	imprime_arbol_filogenetico
tabla_distancias	
imprime_arbol_filogenetico	ejecuta_paso_wpgma
elimina_especie nuevo1	crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
crea_especie nuevo1 TTAAACCCGGG	
	imprime_cjt_especies
inicializa_clusters	tabla_distancias
elimina_especie a	obtener_gen pangolin
imprime_cjt_especies	imprime_arbol_filogenetico
tabla_distancias	
	ejecuta_paso_wpgma
ejecuta_paso_wpgma	
	fin
imprime_cluster ac	
imprime_cluster eg	
imprime_cluster enuevo1	
ejecuta_paso_wpgma	
ejecuta_paso_wpgma	
imprime_cluster ac	
crea_especie nuevo2 AATCTGGCTCTGAATAAGACQ	CAGTATCAAGCCTTACCA

## Ejemplo de salida

```
# lee_cjt_especies
```

```
# imprime_cjt_especies
```

```
a AAAAGATGACCAGCGTAATG
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG
```

```
# tabla_distancias
```

```
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871)
c: d (83.871) e (94.1176)
d: e (97.1429)
e:
```

```
# imprime_arbol_filogenetico
```

```
[(acdbe, 45.7951) [(acd, 43.695) [(ac, 35.7143) [a][c]][d]][(be, 41.9355) [b][e]]]
```

```
# crea_especie f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```

```
# crea_especie g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```

```
# imprime_cjt_especies
```

```
a AAAAGATGACCAGCGTAATG
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```

```
# tabla_distancias
```

```
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (90.9091) g (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100)
d: e (97.1429) f (100) g (100)
e: f (100) g (100)
f: g (9.52381)
g:
```

```
# imprime_arbol_filogenetico
```

```
[(acdbefg, 49.6528) [(acdbe, 45.7951) [(acd, 43.695) [(ac, 35.7143) [a][c]][d]][(be, 41.9355) [b][e]]]f]
```

```
# elimina_especie nuevo1
```

```
ERROR: La especie nuevo1 no existe.
```

```
# crea_especie nuevo1 TTAAACCCGGG
```

```
# inicializa_clusters
```

```
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (90.9091) g (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667)
f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517)
g: nuevo1 (96.5517)
nuevo1:
```

```
# elimina_especie a
```

```
# imprime_cjt_especies
```

```
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
nuevo1 TTAAACCCGGG
```

```
# tabla_distancias
```

```
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) nuevo1 (83.3333)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667)
f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517)
g: nuevo1 (96.5517)
```

```
nuevo1:
[(a, 90.9091) [b][c]][d]][e]]
```

```
# ejecuta_paso_wpgma
```

```
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) fg (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) fg (100) nuevo1 (83.3333)
c: d (83.871) e (94.1176) fg (100) nuevo1 (92.3077)
d: e (97.1429) fg (100) nuevo1 (92.3077)
e: fg (100) nuevo1 (66.6667)
fg: nuevo1 (96.5517)
nuevo1:
```

```
# imprime_cluster c
```

```
[c]
```

```
# ejecuta_paso_wpgma
```

```
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) enuevo1 (89.4545)
b: c (87.5) d (87.5) enuevo1 (83.6022) fg (100)
c: d (83.871) e (94.1176) fg (100)
d: e (97.1429) fg (100)
enuevo1: fg (98.2759)
fg:
```

```
# imprime_cluster ac
```

```
ERROR: El cluster ac no existe.
```

```
# imprime_cluster eg
```

```
ERROR: El cluster eg no existe.
```

```
# imprime_cluster enuevo1
```

```
[(enuevo1, 33.3333) [e][nuevo1]]
```

```
# ejecuta_paso_wpgma
```

```
ac: b (89.2045) d (87.39) enuevo1 (91.3336) fg (97.2222)
b: d (87.5) enuevo1 (83.6022) fg (100)
c: d (83.871) e (94.1176) fg (100)
d: e (97.1429) fg (100)
enuevo1: fg (98.2759)
fg: nuevo1 (92.3077)
nuevo1:
```

```
# ejecuta_paso_wpgma
```

```
ac: benuevo1 (90.2691) d (87.39) fg (97.2222)
benuevo1: d (91.1126) fg (99.1379)
d: fg (100)
fg:
```

<pre> # imprime_cluster ac [(ac, 35.7143) [a][c]]  # crea_especie nuevo2 AATCTGGCTCTGAATAAGACCCAGTATCAAGCTTATGCA # ejecuta_paso_wpgma acd: benuevo1 (90.6909) fg (98.6111) benuevo1: fg (99.1379) fg:  # ejecuta_paso_wpgma acdbenuevo1: fg (98.8745) fg:  # imprime_cluster ac ERROR: El cluster ac no existe.  # inicializa_clusters b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100) c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100) d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077) nuevo2 (82.9787) e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667) nuevo2 (85.4167) f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517) nuevo2 (98.2143) g: nuevo1 (96.5517) nuevo2 (100) nuevo1: nuevo2 (90.6977) nuevo2:  # crea_especie nuevo2 AAA ERROR: La especie nuevo2 ya existe.  # imprime_arbol_filogenetico </pre>	<pre> [(bnuevo2enuevo1cdfg, 49.7287) [(bnuevo2enuevo1cd, 45.7287)]] # lee_cjt_especies # crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA # tabla_distancias # imprime_arbol_filogenetico ERROR: El conjunto de clusters es vacio.  # ejecuta_paso_wpgma ERROR: num_clusters &lt;= 1  # crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA # imprime_cjt_especies pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA # inicializa_clusters b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100) c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100) d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077) nuevo2 (82.9787) e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667) nuevo2 (85.4167) f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517) nuevo2 (98.2143) g: nuevo1 (96.5517) nuevo2 (100) nuevo1: nuevo2 (90.6977) nuevo2:  # imprime_arbol_filogenetico [pangolin]  # ejecuta_paso_wpgma ERROR: num_clusters &lt;= 1 </pre>
---	--

## Información del problema

Autor : PRO2

Generación : 2020-05-10 20:20:45

© *Jutge.org*, 2006–2020.

<https://jutge.org>