

W alternatywnym świecie właśnie rozpoczyna się epidemia nieznanej, bardzo zaraźliwej choroby i służby robią wszystko, żeby ją powstrzymać. Do tej pory udało się ustalić następujące informacje:

- inkubacja jest prawie natychmiastowa – osoba zarażona może zarażać kolejne osoby już chwilę po tym, jak sama została zarażona,
- choroba jest długotrwała i zaraźliwa – na potrzeby zadania przyjmujemy, że osoba zarażona pozostaje zarażona już na zawsze i przez cały ten czas może zarażać innych,
- nie wszystkie zarażone osoby wykazują objawy – a więc nie znamy wszystkich zarażonych.

Ponieważ alternatywny świat jest w dużym stopniu inwigilowany, dokładnie wiadomo kto z kim i kiedy się spotykał, zatem możliwe jest śledzenie przebiegu epidemii, ale brakuje czasu i ludzi, żeby robić to ręcznie. Z tego względu ministerstwo cyfryzacji zleciło stworzenie automatycznego narzędzia wykonującego dwa zadania.

Część I: skierowanie na kwarantannę (1p)

Po kilku dniach epidemii zidentyfikowano zbiór Z osób, które z całą pewnością były zarażone na początku. Dla każdego obywatela v mówimy, że był on potencjalnie zarażony w chwili t , jeżeli v należy do Z lub v spotkał się w chwili t' , gdzie $t' < t$, z innym obywatelem u takim, że u był potencjalnie zarażony w chwili t' . Innymi słowy – każdy, kto spotkał się z kimś potencjalnie zarażonym, chwilę później również staje się potencjalnie zarażony.

Zadanie polega na wyznaczeniu zbioru obywateli potencjalnie zarażonych (których oczywiście chcemy skierować na kwarantannę).

Obywateli identyfikujemy liczbami naturalnymi, zaczynając od 0. Zbiór Z dany jest jako lista identyfikatorów, uporządkowana rosnąco. Informacja o spotkaniach przekazywana jest w postaci nieskierowanego grafu ważonego, gdzie waga krawędzi informuje o tym, kiedy nastąpiło spotkanie (dla uproszczenia przyjmujemy, że każdych dwóch obywateli spotkało się co najwyżej raz, oraz że najwcześniejszym możliwym terminem spotkania jest 0).

Wynik należy podać w postaci listy identyfikatorów, uporządkowanej rosnąco.

Część II: identyfikacja pacjenta zero (1.5p)

W celu wstecznej analizy rozwoju epidemii pożyteczne może być znalezienie pacjenta zero, tzn. obywatela, który zachorował jako pierwszy i przekazał chorobę innym. Niech S będzie zbiorem obywateli, u których wykryto chorobę. Mówimy, że obywatel v jest potencjalnym pacjentem zero, jeżeli S jest podzbiorem zbioru osób potencjalnie zarażonych przez v – innymi słowy, S jest podzbiorem wyniku części pierwszej dla $Z = \{v\}$.

Zadanie polega na wyznaczeniu wszystkich potencjalnych pacjentów zero.

Format danych wejściowych jest identyczny jak w części pierwszej. Zbiór S dany jest jako lista identyfikatorów, uporządkowana rosnąco, o rozmiarze nie większym niż 30. Informacja o spotkaniach przekazywana jest w postaci nieskierowanego grafu ważonego, gdzie waga krawędzi informuje o tym, kiedy nastąpiło spotkanie (dla uproszczenia przyjmujemy, że każdych dwóch obywateli spotkało się co najwyżej raz, oraz że najwcześniejszym możliwym terminem spotkania jest 0).

Wynik należy podać w postaci listy identyfikatorów, uporządkowanej rosnąco.

Uwagi i wskazówki

- W części I oczekiwana złożoność to $O(m \log m)$, gdzie m jest liczbą krawędzi grafu zadanego na wejściu.
- W części II oczekujemy złożoności $O(m \log m)$, przy tych samych oznaczeniach. Rozmiar zbioru S jest ograniczony z góry przez stałą 30, dlatego się w tym wyrażeniu nie pojawia (bez tego ograniczenia oczekivalibyśmy złożoności $O(|S|m \log n)$).
- Kara za niedotrzymanie wymagań odnośnie złożoności to 0.5p za każdą z części.
- Pomysłem na wydajne rozwiązanie części II może być wyznaczenie, dla każdego obywatela v , podzbioru X_v zbioru S obywateli takiego, że X_v zawiera obywateli potencjalnie zarażonych przez v . Z uwagi na ograniczenie na rozmiar S , X_v można przechowywać w postaci pojedynczej zmiennej typu `int` i uaktualniać używając operacji bitowych. Tego rodzaju optymalizacja może być konieczna, żeby przejść testy wydajnościowe w części domowej.