Genetic Drift

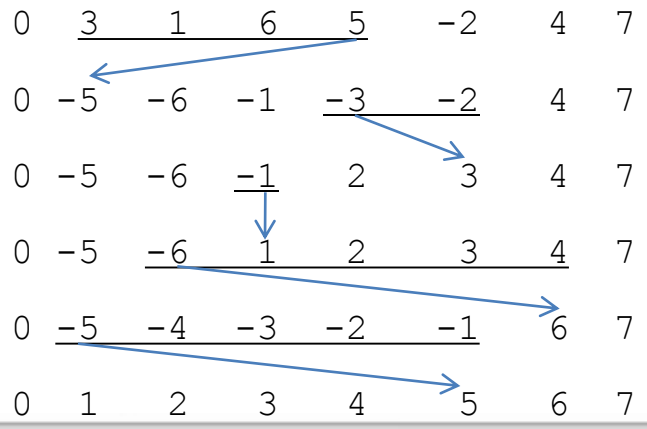
Linz / Austria

Genetic Drift

Catalysts

- Es geht um die Berechnung der minimalen genetischen Distanz zwischen Virenstämmen.
- Biologen geben Genen Namen. Wir verwenden statt dessen nummerische IDs. Statt *Fi Muok La GH* … schreiben wir 3 1 6 5 …
- Genabschnitte sind linksdrehend (negatives Vorzeichen) oder rechtsdrehend (positives Vorzeichen).
- **Gesucht ist die minimale Anzahl an Schritten um eine beliebige Permutation zu sortieren.**
- Ein Schritt ist dabei definiert durch das Vertauschen eines Genabschnitts mit gleichzeitigem Vorzeichenwechsel der IDs

- The puzzle is about computing the minimal genetic distance between viruses.
- Biologists give names to genes. We use numeric IDs instead. Instead of *Fi Muok La GH* … we write 3 1 6 5 …
- Gene sequence either is left turning (negative sign) or right turning (positive sign).
- **The goal is to find the minimal number of steps to sort an arbitrary permutation.**
- One step is defined as reversing a sub-sequence of the permutation including also the sign changes.



Genetic Drift

Catalysts

- Das Rätsel ist auf mehrere Levels aufgeteilt – zum Schluss können Sie die genetische Distanz berechnen.
  - Auf der vorigen Seite sehen Sie den Input für den letzten Level.
- In den folgenden Levels
  - können Sie sich entweder auf die geforderte Angabe im jeweiligen Level beschränken (und somit schneller vorankommen), oder
  - können Sie schon versuchen, kompliziertere Anforderungen zu berücksichtigen, die Sie erkennen können bzw. erahnen (und somit vorne weg mehr Arbeit haben und sich eventuell später was sparen).
- Denken Sie daran, dass ein abgeschlossener Level 1 mehr wert ist, als ein nicht abgeschlossener Level 1, in dem halt schon Features aus späteren Levels berücksichtigt sind.
- Der Gewinner ist, wer als erster den letzten Level geschafft hat bzw. wer am schnellsten am weitesten gekommen ist.
- Die Aufgabe ist schwer – auch wenn man nur ein paar Levels schafft, kann man schon sehr stolz auf sich sein!

- The puzzle is split into separate levels – in the end you can calculate a genetic distance.
  - On the previous page you see the input for the last level.
- When working through the levels
  - you can either concentrate on just the requirements of the respective level (hence proceed as quickly as possible), or
  - you can try to consider more complicated requirements that you can discern or foresee (hence do more work early on and potentially reap the benefits later).
- Keep in mind that a finished level 1 is worth more than an unfinished level 1 where you tried to consider more complicated features from later levels.
- The winner is who is the first to solve the last level or who is the fastest to get through the most levels.
- The problem is hard – even if you only complete a couple of levels you can be very proud of yourself!

Einleitung / Introduction

Catalysts

- Die Grundannahme der Genforscher für Mutationen lautet: Je 2 Arten besitzen immer einen gemeinsamen Vorläufer.
- 2 Arten einer Gattung besitzen denselben Satz von Genen, jedoch in unterschiedlicher Reihenfolge. Ursache sind gelegentliche „**Inversionen**“. Ein Teilabschnitt wird aus der DNA ausgeschnitten und in umgekehrter Reihenfolge wieder eingefügt.
- Diese genetische Veränderungen benutzen Forscher, um Artenstammbäume zu rekonstruieren.
- Eine höhere Anzahl von Inversionen deutet auf eine größere evolutionäre Distanz hin zwischen zwei Arten, so sind z.B. 3 Inversionen erforderlich, um Kohl in Rüben umzuwandeln,.
- Deine Aufgabe ist es einen **effizienten** Algorithmus zu schreiben, der die **minimale** Abfolge von Inversionen rechnet.
- Tipp: Mit bekannten Sortier-Algorithmen erreichen Sie das Ziel nicht!

- The root assumption of gene scientists for mutations is: 2 species always have a common ancestor.
- So 2 species of one genus have the same set of genes, but in a different order. The reason is occasional **inversions**. A DNA sequence is cut out and inserted again in reversed order.
- Scientists use this information to reconstruct family trees of a species.
- A larger number of inversions hints at a larger evolutionary distance between 2 species, e.g. 3 inversions are necessary to turn cabbage into beetroot.
- Your task is to write an **efficient** algorithm which calculates the **minimal** number of inversions necessary to get from one species to another species.
- Hint: You won’t reach the goal with typical sorting algorithms!

Level 1

Catalysts

Finden Sie sogenannte „orientierte Paare“ in einer Permutation P = (x_0 x_1 x_2 … x_{n-1})

- Ein orientiertes Paar
  - ist ein Paar von (nicht unbedingt unmittelbar) aufeinander folgenden Zahlen mit $|x_i| - |x_j| = \pm 1$
  - besteht immer aus einer positiven und einer negativen Zahl
- P = `(3 1 6 5 -2 4)` hat 2 orientierte Paare: `(1, -2)` und `(3, -2)`

- Die einzelnen Zahlen in der Eingabe sind jeweils durch ein Leerzeichen getrennt (gilt für alle Levels).
- Eingabe: PermutationsLänge Permutation
  - PermutationsLänge = Integer.
  - Permutation = {Integer}.
- Ausgabe: OPListe // aufsteigend nach x sortiert
  - OPListe = AnzahlPaare {Paar}.
  - AnzahlPaare = Integer
  - Paar = x y. // x und y sind Integers
  - Die OPListe ist nach x aufsteigend sortiert

`Input: 6 3 1 6 5 -2 4`

Find so-called “oriented pairs” in a permutation P = (x_0 x_1 x_2 … x_{n-1})

- An oriented pair
  - is a pair of consecutive integers (not necessarily directly after each other) with $|x_i| - |x_j| = \pm 1$
  - always consists of a negative number and a positive one
- Permutation P = `(3 1 6 5 -2 4)` has 2 oriented pairs: `(1, -2)` and `(3, -2)`

- The numbers in the input are separated with a space (also in later levels).
- Input: PermutationLength Permutation
  - PermutationLength = Integer.
  - Permutation = {Integer}.
- Output: OPList // sorted by x, ascending
  - OPList = NumberOfPairs {pairs}.
  - NumberOfPairs = Integer.
  - Pair = x y. // x and y are integers
  - The OPList is sorted by x in ascending order

`Output: 2 1 -2 3 -2`