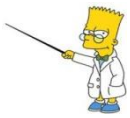
Восстановление ДНК



Цель работы – изучение, реализация и использование односвязных списков.

Файлы, доступные для изменения:

- `linked_list.hpp` (возможно, вместе с `linked_list.h`)
- `dna_element.cpp` (возможно, вместе с `dna_element.h`)
- `dna_repairer.cpp`

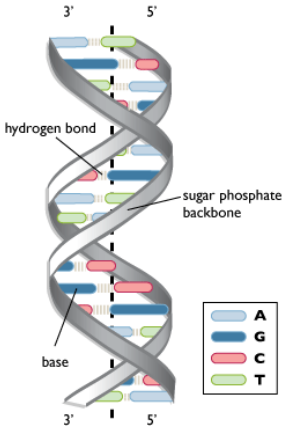
Постановка задачи:
Барт Симпсон выполнял важное поручение — нес в пробирке ДНК в хранилище.
Поскользнувшись на мокром полу, он уронил пробирку. Она не разбилась, но ДНК от удара перемешались, и их хвосты соединились в неправильном порядке.

В школе есть специальный программно-управляемый аппарат по работе с ДНК. Барт должен написать программу, которая восстановит испорченные ДНК.
Помоги Барту восстановить ДНК, чтобы опять не оставаться в школе после занятий.

ДНК заданы в виде строк в формате:

a1:G b2:C b3:C b4:A a4:T a5:G

b1:T b5:T b6:A a6:T b7:C a2:T a3:G
...



Разные ДНК обозначаются разными малыми латинскими буквами a, b, c...
Каждый элемент ДНК содержит **одно из четырех** оснований
Adenine,
Cytosine,
Thymine,
Guanine,
обозначенное **первым** символом.
Таким образом, a1:G означает «*первый элемент ДНК "a", который содержит Guanine*».

При восстановлении **важно**, чтобы **последовательные кусочки**, как, например, `b2:C b3:C b4:A` перемещались **только целиком**, без разделения на отдельные части, потому что лишние разрезания ДНК могут их испортить.

Необходимо:

1. Реализовать структуру данных список `LinkedList`, которая содержит операции
   a. Обращения по индексу
   b. Вставки, удаления, перемещения элементов в одном списке
   c. Вставки, перемещения группы элементов в произвольное место списка из другого списка
   d. Определения размера списка
2. Реализовать структуру данных `DNAElement` для хранения одного элемента ДНК, который содержит

   a. идентификатор ДНК, которой принадлежит элемент
   b. номер элемента в ДНК
   c. символ, обозначающий основание
   d. заполнение полей из строки `[имя][номер]:[тип]`
3. Реализовать класс `DNARepairer`, который содержит
   a. список `DNAStorage` для хранения всех ДНК. Каждый элемент этого списка отдельный ДНК. Т.е. `DNAStorage` это список списков. (`LinkedList<LinkedList<DNAElement>>`);
   b. метод `readfile` для чтения файла в DNAStorage;
   c. метод `repairDNA` для починки всех ДНК;
   d. метод `printDNA` для вывода содержимого `DNAStorage` в выходной поток.

Входные данные:
Строки, которые читаются из внешнего файла.
1. В **N строках** файла содержится **k различных** испорченных кусков ДНК (восстановленных цепочек может быть сколь угодно много, но не более 26).
2. Элементы ДНК разделены пробельными разделителями (пробел, табуляция или их сочетания).

Имя внешнего файла передается первым параметром в командной строке.

Выходные данные (консоль):
Строки, содержащие цепочки элементов испорченных ДНК
Строки, содержащие цепочки элементов восстановленных ДНК

Указания:

1. Реализовать класс «`LinkedList`» в соответствии с шаблоном.
2. Реализовать класс «`DNAElement`» в соответствии с шаблоном.
3. Реализовать класс «`DNARepairer`» в соответствии с шаблоном.
4. Проводить проверку входных данных.

Возбуждается исключение **`std::invalid_argument`**, если входные данные **некорректны** (элемент не соотв. паттерну см. описание ДНК);

Примеры: вход и выход

Входная строка	Выход
a1:T c2:T a2:C a4:A b3:A b7:G b1:G a6:G b4:T c4:C b5:C a5:T a3:C c1:A b6:T c3:G b2:T	Broken DNAs: a1:T c2:T a2:C a4:A b3:A b7:G b1:G a6:G b4:T c4:C b5:C a5:T a3:C c1:A b6:T c3:G b2:T Good as it is: a1:T a2:C a3:C a4:A a5:T a6:G b1:G b2:T b3:A b4:T b5:C b6:T b7:G c1:A c2:T c3:G c4:C