

# Algoritmos e Estruturas de Dados 2

## Segundo Trabalho Prático (Primeira Versão)

**Entrega Sugerida: 27/08/2022**

1º Semestre 2022 - DC-UFSCar

### 1 Introdução

No segundo Trabalho Prático (TP02) será solicitada a entrega de um programa que solucione o problema apresentado na próxima seção. O arquivo entregue deve seguir os itens abaixo:

- O TP02 deverá ser feito individualmente e plágio não será tolerado;
- O TP02 deve ser entregue no run codes (<https://run.codes>) em um arquivo contendo código em linguagem C, e com um cabeçalho com as informações do estudante (nome, curso, RA);
- Cada estudante deve se cadastrar no run codes (<https://run.codes>) informando Nome Completo, escolhendo “UFSCar - Universidade Federal de São Carlos” no campo Universidade e colocando seu RA no campo Núm. Matrícula. Depois de cadastrado, basta logar no run codes e se matricular na disciplina “1001490 - Algoritmos e Estruturas de Dados 2” usando o Código de Matrícula J81A;
- Compile o seu TP usando o compilador GCC com flags -Wall -pedantic -O2 -Wno-unused-result, pois warnings podem impedir o código de funcionar no run codes ainda que funcionem no seu computador.
- Importante1: para todos os estudantes de computação (engenharia ou ciência), gostaria que o trabalho fosse feito em linguagem C, como está especificado no enunciado.
- Importante2: No run codes eu também liberei submissão em Python apenas para que alguns estudantes da estatística, que estão cursando a disciplina, possam usar essa linguagem, já que eles não veem introdução à programação em C.
- Importante3: Os estudantes da estatística (ou de outros cursos que não de computação), por favor me enviem uma mensagem para eu lembrar de fazer o “if” de linguagem na correção dos trabalhos.

## 2 Distância Genômica

Dada a sequência de genes de dois indivíduos diferentes, podemos inferir quão distantes eles estão evolutivamente contando o número de mutações gênicas necessárias para transformar o genoma de um indivíduo no do outro. Existem diversos tipos de mutações gênicas, mas uma das mais comuns é a troca da posição de genes adjacentes, ou seja, a inversão de dois genes. Vamos focar apenas neste tipo de mutação, o que nos leva a supor que os dois indivíduos analisados tem os mesmos genes. Para simplificar, vamos numerar os genes de um dos indivíduos de 1 até  $n$  e cada um dos genes do outro indivíduo recebe o mesmo número, ainda que apareça em posição distinta. Seu objetivo é, dada uma sequência de números inteiros correspondendo ao genoma do indivíduo 2 (numerado de acordo com a ordem do indivíduo 1), determinar a distância genômica baseada apenas em inversões entre os dois indivíduos.

### Entrada

Cada instância está armazenada em um arquivo com extensão “.in”. A única linha a ser lida da entrada padrão contém o nome de tal arquivo contendo a instância. Esse nome deve ser usado para ler o arquivo da instância, que se encontra na mesma pasta que o executável.

A primeira linha de cada instância informa a quantidade  $N$  de genes dos indivíduos comparados, a segunda linha apresenta uma sequência de  $N$  números inteiros correspondendo ao genoma do indivíduo 2, numerado de acordo com a ordem em que os genes aparecem no indivíduo 1.

### Saída

Deve ser impresso na saída padrão o menor número de inversões de genes necessário para transformar o genoma do indivíduo 2 no genoma do indivíduo 1.

### Exemplos de entradas e saídas correspondentes

Entrada	Saída
5	7
2 5 4 3 1	

Entrada	Saída
5	10
5 4 3 2 1	