

Bản đồ Hapmap

Thế kỉ XXI được coi là thế kỉ của công nghệ thông tin và công nghệ sinh học. Sự phát triển vượt bậc của công nghệ sinh học đã nâng cao chất lượng cuộc sống cũng như tìm ra các phương pháp chữa bệnh mới. Mặc dù bản đồ gen của con người đã được giải mã từ năm 2001, việc phân tích tìm hiểu nội dung của bản đồ gen là một công việc phức tạp đang được tiến hành. Công việc này đòi hỏi kết hợp các phương pháp tính toán của khoa học máy tính, xác suất thống kê để phân tích các dữ liệu sinh học. Một trong số những bài toán đang rất được quan tâm hiện nay là xây dựng bản đồ Hapmap của con người để giúp việc chẩn đoán bệnh cũng như tìm ra các loại thuốc chữa trị mới. Trong xây dựng bản đồ Hapmap, *Haplotype* và *Genotype* là hai khái niệm cơ bản trong sinh học được phát biểu đơn giản như sau:

1. Haplotype $H = (h_1, \dots, h_n)$ là xâu độ dài n , trong đó h_i chỉ nhận giá trị 0 hoặc 1.
2. Genotype $G = (g_1, \dots, g_n)$ là một xâu độ dài n được tạo ra từ sự đối sánh hai Haplotype $H_p = (h_{p1}, \dots, h_{pn})$ và $H_m = (h_{m1}, \dots, h_{mn})$ theo quy tắc sau:
 - $g_i = 0$ nếu $h_{pi} = h_{mi} = 0$;
 - $g_i = 1$ nếu $h_{pi} = h_{mi} = 1$;
 - $g_i = 2$ nếu $h_{pi} \neq h_{mi}$.

Như vậy, mỗi cặp Haplotype H_p và H_m chỉ tạo ra một Genotype G duy nhất, nhưng một Genotype G lại có thể được tạo ra từ nhiều cặp Haplotype khác nhau. Thông tin về gen của một con người được xác định bởi một cặp Haplotype. Do hạn chế về mặt công nghệ, cũng như thời gian và chi phí, nên hiện tại chúng ta mới chỉ có được thông tin cá nhân về Genotype cho mỗi người. Tuy nhiên, để đáp ứng mục đích nghiên cứu, chúng ta lại cần giải mã được thông tin Haplotype (H_{t1}, H_{t2}) từ Genotype G_t cho người t . Do việc giải mã là không duy nhất, nên bài toán được đặt ra như sau.

Yêu cầu: Cho thông tin Genotype là G_1, \dots, G_k của k người, hãy tìm k cặp Haplotype $(H_{11}, H_{12}), \dots, (H_{k1}, H_{k2})$ tương ứng cho k người trên sao cho tập $\{H_{11}, H_{12}, \dots, H_{k1}, H_{k2}\}$ có lực lượng là nhỏ nhất.

Input

- Dòng đầu ghi 2 số k, n ($k < 101, n < 201$);
- Dòng thứ t trong k dòng tiếp theo chứa xâu độ dài n biểu diễn Genotype G_t của người thứ t .

Output

- Ghi số nguyên dương p là lực lượng của tập các Haplotype tìm được.
- p dòng sau, mỗi dòng một xâu mô tả Haplotype.

HAPMAP.INP	HAPMAP.OUT
2 4	2
1212	1110
1110	1011

Chú ý: Lời giải sẽ được đánh giá theo phần trăm tối ưu.