สายรหัส (DNA chains)

0.5 second, 32 MB

คุณต้องการเขียนโปรแกรมจำลองการตัดต่อสายรหัสพันธุกรรม ในข้อนี้ให้พิจารณาสายรหัสพันธุกรรมเป็นลำดับของจำนวนเต็มก็ได้ เมื่อเริ่มต้นคุณได้ชุดของสายรหัสพันธุกรรมมาจำนวน L สาย สายที่ i สำหรับ 1 <= i <= L, มีความยาว M[i] หน่วย ความยาวของสายรหัสพันธุกรรมระบุจำนวนจำนวนเต็มในลำดับนั้น

เพื่อความสะดวกในการอ้างอิง เราจะกำหนดให้จำนวนเต็มในแต่ละสายจะมีค่าเรียงไปตามลำดับ โดยในสายที่ 1 จะมีจำนวนเต็มเรียงตั้งแต่ 1 ถึง M[1], สายที่ 2 ประกอบไปด้วยจำนวนเต็มตั้งแต่ M[1]+1 จนถึง M[1]+M[2], ไปเรื่อย ๆ

ด้านล่างแสดงตัวอย่างของชุดของสายรหัสพันธุกรรมจำนวน 4 สาย โดยความยาวของแต่ละสายคือ 3, 4, 2, และ 5 ตามลำดับ

1 – 2 – 3

4 – 5 – 6 – 7

8 – 9

10 – 11 – 12 – 13 – 14

ในการตัดต่อนั้น คุณจะจำลองว่ามี ***ไมโครโรบอท*** สำหรับตัดต่อสายพันธุกรรมที่อยู่ที่ตำแหน่งของจำนวนเต็ม 1 และหันหน้าไปในทิศที่วิ่งไปหาจำนวนเต็ม 2 (ในกรณีที่สายรหัสพันธุกรรมมีความยาวหนึ่ง จะหันหน้าไปทิศทางใดไม่มีผลต่อการทำงาน) ไมโครโรบอทนี้สามารถเดินหน้า เดินถอยหลัง ตัดสายพันธุกรรม และจับสายพันธุกรรมเส้นอื่นมาต่อท้ายสายพันธุกรรมที่เกาะอยู่ได้ กล่าวคือกิจกรรมที่ไมโครโรบอททำงานนั้นมีได้ 3 แบบ คือ

F – Forward เดินหน้า: ถ้าไมโครโรบอทไม่ได้อยู่ที่ปลายสายรหัสพันธุกรรม ไมโครโรบอทจะเคลื่อนที่ไปหนึ่งตำแหน่ง

B – Backward ถอยหลัง: ถ้าไมโครโรบอทไม่ได้อยู่ที่ด้านต้นของสายรหัสพันธุกรรม ไมโครโรบอทจะเคลื่อนที่ถอยหลังไปหนึ่งตำแหน่ง

C – Combine เชื่อม: กิจกรรมนี้จะต้องมีการระบุจำนวนเต็ม X ด้วย ในการดำเนินการ (1) ถ้าไมโครโรบอทไม่ได้อยู่ที่ปลายสายรหัสพันธุกรรม ไมโครโรบอทจะตัดสายพันธุกรรมที่ต่อจากตำแหน่งที่ไมโครโรบอทอยู่ (นั่นคือจะตัดที่เส้นที่ต่อระหว่างจำนวนที่อยู่กับจำนวนในตำแหน่งถัดไป) (2) จากนั้นไมโคโรบอทจะหยิบสายพันธุกรรมที่มี X เป็นจุดปลายนำมาเชื่อมต่อกับสายพันธุกรรมปัจจุบัน และ (3) ไมโครโรบอทจะเดินหน้าไปหนึ่งตำแหน่ง สำหรับกิจกรรมนี้ รับประกันว่าจะมีสายพันธุกรรมที่ X เป็นจุดปลายเสมอ และเมื่อก่อนเริ่มกิจกรรม X จะไม่อยู่ในสายรหัสพันธุกรรมที่ไมโครโรบอทอยู่

จากตัวอย่างสายพันธุกรรมข้างต้น เราจะแสดงตัวอย่างการทำงานของหุ่นยนต์ได้ดังนี้ (เครื่องหมาย |*> ระบุตำแหน่งหุ่นและทิศทางหัวของหุ่น

เริ่มต้น	|1> – 2 – 3
B	|1> – 2 – 3 (ไม่ถอยหลัง เพราะว่าอยู่ที่ต้นลำดับ)
F	1 – |2> – 3

C 9	1 – 2 – |9> – 8 (ตัด 3 หลุดไป เชื่อมสาย 9 - 8 เข้ามา, เดินหน้าไปยัง 9)
C 4	1 – 2 – 9 – |4> – 5 – 6 – 7
F	1 – 2 – 9 – 4 – |5> – 6 – 7
B	1 – 2 – 9 – |4> – 5 – 6 – 7
F	1 – 2 – 9 – 4 – |5> – 6 – 7
C 3	1 – 2 – 9 – 4 – 5 – |3>
F	1 – 2 – 9 – 4 – 5 – |3> (ปลายสายแล้ว ไม่ขยับ)
C 14	1 – 2 – 9 – 4 – 5 – 3 – |14> – 13 – 12 – 11 – 10

หลังการทำงานแต่ละกิจกรรม หมายเลขของรหัสพันธุกรรมในตำแหน่งที่ไมโครโรบอทอยู่จะเป็นดังนี้ 1, 2, 9, 4, 5, 4, 5, 3, 3, 14

ให้เขียนโปรแกรมรับข้อมูลเริ่มต้นของสายรหัสพันธุกรรม และกิจกรรมที่ไมโครโรบอททำงาน จากนั้นให้รายงานหมายเลขของข้อมูลรหัสพันธุกรรมที่ตำแหน่งที่ไมโครโรบอทอยู่หลังการทำงานในแต่ละกิจกรรม

ข้อมูลนำเข้า

บรรทัดแรกระบุจำนวนเต็ม L และ N โดยที่ L เป็นจำนวนสายเริ่มต้น และ N เป็นจำนวนกิจกรรม (1 <= L <= 100,000; L <= M[1]+M[2]+M[3]+...+M[L] <= 100,000; 1 <= N <= 100,000)

จากนั้นอีก L บรรทัดระบุความยาวของสายรหัสพันธุกรรมแต่ละเส้น กล่าวคือ บรรทัดที่ 1 + i จะระบุจำนวนเต็ม M[i] แทนความยาวของสายรหัสพันธุกรรมเส้นที่ i สายรหัสพันธุกรรมเส้นนี้มีข้อมูลเป็นจำนวนเต็ม เริ่มจาก M[1]+M[2]+...+M[i-1]+1 ถึง M[1]+M[2]+...+M[i] ด้านปลายสองข้างของสายพันธุกรรมเส้นนี้ระบุด้วยจำนวนเต็ม M[1]+M[2]+...+M[i-1]+1 และ M[1]+M[2]+...+M[i]

อีก N บรรทัดระบุข้อมูลของกิจกรรม แต่ละบรรทัดจะอยู่ในรูปแบบดังนี้

- มีอักขระ F เพียงตัวเดียว ระบุว่ากิจกรรม Forward
- มีอักขระ B เพียงตัวเดียว ระบุกิจกรรม Backward
- มีอักขระ C ตามด้วยจำนวนเต็ม X ระบุกิจกรรม Combine โดยจะมีการแยกสายพันธุกรรมหลังตำแหน่งไมโครโรบอทออก จากนั้นนำสายพันธุกรรมที่มี X เป็นจุดปลายมาเชื่อมที่ตำแหน่งดังกล่าวแทน จากนั้นขยับไมโครโรบอทไปยังตำแหน่ง X

ข้อมูลส่งออก

มีทั้งสิ้น N บรรทัด แต่ละบรรทัดระบุจำนวนเต็มที่ตำแหน่งของไมโครโรบอท

ปัญหาย่อย

ปัญหาย่อย 1 (30%): L <= 1,000; N <= 1,000; M[1]+M[2]+...+M[L] <= 1,000

ปัญหาย่อย 2 (70%): ไม่มีขีดจำกัดเพิ่มเติมจากโจทย์

ตัวอย่าง

Input	Output
4 10 3 4 2 5 B F C 9 C 4 F B F C 3 F C 14	1 2 9 4 5 4 5 3 3 14