

АНАЛИЗ НА РЕШЕНИЕТО НА ЗАДАЧА ЧУЖДОПЛАНЕТЕН ГЕН

Наивното решение е с един цикъл по първия низ да обходим всички двойки съседни символи. За всяка двойка проверяваме дали се среща във втория низ. Ако се среща, увеличаваме отговора с 1 и извеждаме накрая броя на намерените двойки. Това решение е в `gene1.cpp` и може да вземе около 40-50 точки. Има сложност $O(nm)$, където n е дължината на първия низ, а m – дължината на втория низ. Поради неефективността на решението минават тези тестове, в които низовете са по-къси.

Трябва да се измисли по бърз начин за проверка дали дадена двойка съседни символи се среща във втория низ. Затова е необходимо по някакъв начин първо да обработваме втория низ и да помним кои двойки символи се срещат в някаква структура от данни.

За целта може да създадем един двумерен булев масив `pairs` с индекси 'A'..'Z'. В него записваме стойност `true` за тези двойки индекси, които се срещат във втория низ. Всяка двойка символи съответства на елемент от масива, първият индекс на който се явява първия символ в двойката, а вторият индекс – втория символ в двойката. Например, ако във втория низ се среща двойката 'AB', то `pairs['A']['B'] = true`. Тогава проверката става за $O(1)$. Това решение е в `gene.cpp` и е за 100 точки.

Автор: Кинка Кирилова-Лупанова