Contest 221126 AM

# THỨ TỰ

## ORDER.[CPP|INP|OUT]

Xét cây nhị phân mỗi nút có 2 nút con. Các nút của cây được phân thành lớp. Nút gốc thuộc lớp 0, những nút con của các nút lớp ***i*-1** thuộc lớp ***i***. Các nút của cây được đánh số từ 1 trở đi bắt đầu từ nút gốc theo trình tự duyệt các lớp 0, 1, 2, . . ., mỗi lớp duyệt từ trái sang phải.

Mỗi nút của cây chứa một phân số. Nếu một nút chứa phân số thì nút con trái của nó chứa phân số , nút phải chứa phân số . Nút gốc chứa phân số 1/1, tương ứng với ***p*** = 1 và ***q*** = 1.

Có ***m*** truy vấn, mỗi truy vấn thuộc một trong 2 dạng sau:

* ***1 p q*** – Yêu cầu xác định số thứ tự của nút chứa phân số ,
* ***2 n*** – Yêu cầu xác định ***p*** và ***q*** của nút thứ ***n***.

Với mỗi truy vấn hãy đưa ra kết quả tìm được.

***Dữ liệu:*** Vào từ file văn bản ORDER.INP:

* Dòng đầu tiên chứa một số nguyên ***m*** (1 ≤ ***m*** ≤ 106),
* Mỗi dòng trong ***m*** dòng sau chứa thông tin về một truy vấn.

Các giá trị ***n***, ***p***, ***q*** không vượt quá 1018 , đảm bảo tồn tại lời giải và các giá trị tìm được không vượt quá 1018.

***Kết quả:*** Đưa ra file văn bản ORDER.OUT, kết quả mỗi truy vấn đưa ra trên một dòng.

***Ví dụ:***

|  |  |
| --- | --- |
| ORDER.INP | ORDER.OUT |
| |  |  | | --- | --- | | **3**  **1 1 1**  **1 3 4**  **2 11** |  | | **1**  **14**  **3 5** |

# Chuỗi Protein chung

## PROTEIN.[CPP|INP|OUT]

Hiện nay, Tin Sinh Học là một lĩnh vực vô cùng hấp dẫn trong tin học. Nó đã giải quyết rất nhiều bài toán thực tế mà sinh học đặt ra và có những ứng hữu ích trong đời sống hằng ngày.

Một trong những hướng nghiên cứu của nó là về nguồn gốc cả các loài. Trong nghiên cứu về nguồn gốc có một bài toán người ta ta cần tìm là sự tương đồng về chuỗi protein của mỗi loài. Bài toán được miêu tả như sau:

Có hai chuỗi protein, mỗi chuỗi protein được thể hiện bằng xâu các kí tự từ ‘A’ đến ‘Z’, mỗi kí tự tương ứng với một loại axit nucleotic. Hai chuỗi có độ tương đồng cao sẽ có số phần tử trong xâu con chung cần dài. Xâu con của một xâu là một xâu thu được khi xóa một số kí tự của xâu đó đi. Do đó, nhưng ta cần tìm tất cả các xâu con chung dài nhất của hai chuỗi protein trên. Bạn hãy giúp các nhà tin sinh học giải quyết vấn đề này.

**Dữ liệu vào từ tệp: protein.inp**

* Gồm hai dòng, mỗi dòng ghi một chuỗi protein của hai loài khác nhau. Độ dài không quá 100.

**Kết quả ghi ra: protein.out**

* Dòng đầu ghi số chuỗi protein chung dài nhất khác nhau
* Các dòng tiếp theo ghi các chuỗi protein chung đó, một dòng ghi một chuỗi theo thứ tự từ điển từ trên xuống dưới.

**Giới hạn:**

* Số chuỗi protein chung không quá 40000
* Thời gian chạy: 3s

|  |  |
| --- | --- |
| **protein.inp** | **protein.out** |
| ABAABA  BABBA | 2  ABBA  BABA |

# Tích chính nó

## UMNOZAK.[CPP|INP|OUT]

Tích chữ số của một số tự nhiên là tích của các chữ số của nó trong cơ số thập phân. Tích chữ số của 2612 bằng 2\*6\*1\*2 = 24

Tích chính nó của một số tự nhiên là tích chữ số của nó với nó. Tích chính nó của 2612 bằng 2612\*24 = 62688

Hãy viết chương trình tìm bao nhiêu số có tích chính nó nằm giữa A và B.

**Dữ liệu vào từ tệp: UMNOZAK.INP**

* Gồm một dòng duy nhất duy hai số nguyên A và B. (1 ≤ A, B ≤ 1018)

**Dữ liệu ra vào tệp: UMNOZAK.OUT**

* Ghi một số duy nhất là số số tích chính nó nằm giữa A và B.

|  |  |
| --- | --- |
| **UMNOZAK.INP** | **UMNOZAK.OUT** |
| 20 30 | 2 |
| 145 192 | 4 |
| 2224222 2224222 | 1 |

Trong ví dụ 2 thì bốn số đó là: 19, 24, 32 có tích chính nó lần lượt là 171, 192, 192, 164.

<https://stackoverflow.com/questions/22394257/how-to-count-integers-between-large-a-and-b-with-a-certain-property>