

---

## Práctica de PRO2 - Primavera 2020 - entrega final provisionalX69428\_es

---

Este problema permite hacer entregas de prueba de la práctica completa. Tened en cuenta que:

- no es el canal para hacer la entrega definitiva de la práctica
- el problema del Jutge de la entrega definitiva puede contener elementos o condiciones diferentes de los que aparecen en este problema
- las entregas realizadas en este problema no serán tenidas en cuenta para la nota de la práctica
- en esta entrega no pedimos carpetas generadas mediante `doxygen`, pero los ficheros de la clases pueden llevar todos los comentarios `doxygen` que queráis; de hecho recomendamos que incluyáis las especificaciones de todas las operaciones y que sean lo más definitivas posible

### Observación

El Jutge prueba vuestras entregas mediante 4 juegos de pruebas:

- `sample`: el juego de pruebas público
- `privat1`: combinación de los juegos de pruebas de la entrega intermedia con una situación nueva de eficiencia (gestión de las distancias)
- `privat2`: un poco de todo sobre clusters
- `privat3`: eficiencia de clusters

En un fichero llamado `practica.tar` tenéis que entregar

- Los ficheros `.hh` y `.cc` de las clases y el programa principal
- El fichero `Makefile`, que usaremos para generar y probar el ejecutable

Tened en cuenta las siguientes restricciones:

- El fichero que contiene el programa principal se ha de llamar `program.cc`
- El `Makefile` ha de generar un ejecutable llamado `program.exe`
- Es importante que uséis las opciones de compilación del Jutge de PRO2 (ved Documentation → Compilers → PRO2 a [www.jutge.org](http://www.jutge.org))
- No usar la opción `-D_GLIBCXX_DEBUG` o usarla de forma incorrecta podrá ser penalizado

Producid el fichero `practica.tar` con la instrucción Linux

```
tar -cvf practica.tar fitxer1 fitxer2 fitxer3 ...
```

desde el directorio/carpetas donde tengáis los ficheros que vais a entregar. Incluid esta instrucción en vuestro Makefile, de forma que el `.tar` se pueda generar ejecutando `make practica.tar`. Con eso reduciréis el riesgo de error en sucesivas entregas. El Jutge no acepta `.tar` donde los ficheros estén dentro de carpetas. Recomendamos usar GNU `tar` para reducir el riesgo de que el fichero `practica.tar` sea incompatible con el Jutge. No es necesario incluir `BinTree.hh` en `practica.tar`.

### Ejemplo de entrada 1

3		ejecuta_paso_wpgma
lee_cjt_especies		ejecuta_paso_wpgma
5		
d	GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG	imprime_cluster ac
e	TACACCATTAACCGTGGGG	
a	AAAAGATGACCAGCGTAATG	inicializa_clusters
b	GCAACCTTTGTGGGCGCAGT	
c	ACGATTTGCGTAAGCTATGT	crea_especie nuevo2 AAA
imprime_cjt_especies		imprime_arbol_filogenetico
tabla_distancias		
imprime_arbol_filogenetico		lee_cjt_especies
crea_especie f	GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	0
crea_especie g	AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	
		imprime_cjt_especies
imprime_cjt_especies		
tabla_distancias		tabla_distancias
imprime_arbol_filogenetico		imprime_arbol_filogenetico
elimina_especie nuev1		ejecuta_paso_wpgma
crea_especie nuev1 TTAAACCCGGG		
		crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
inicializa_clusters		
		imprime_cjt_especies
elimina_especie a		
		tabla_distancias
imprime_cjt_especies		
tabla_distancias		obtener_gen pangolin
ejecuta_paso_wpgma		imprime_arbol_filogenetico
imprime_cluster c		ejecuta_paso_wpgma
ejecuta_paso_wpgma		fin
imprime_cluster ac		
imprime_cluster eg		
imprime_cluster enuev1		
ejecuta_paso_wpgma		
ejecuta_paso_wpgma		
imprime_cluster ac		
crea_especie nuevo2 AATCTGGCTCTGAATAAGACCAGTATCAAGCCTTACCA		

## Ejemplo de salida 1

```
# lee_cjt_especies

# imprime_cjt_especies
a AAAAGATGACCAGCGTAATG
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG

# tabla_distancias
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871)
c: d (83.871) e (94.1176)
d: e (97.1429)
e:

# imprime_arbol_filogenetico
[(acdbe, 45.7951) [(acd, 43.695) [(ac, 35.7143) [a][c]][d]][(be, 41.9355) [b][e]]]

# crea_especie f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
# crea_especie g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# imprime_cjt_especies
a AAAAGATGACCAGCGTAATG
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# tabla_distancias
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100)
d: e (97.1429) f (100) g (100)
e: f (100) g (100)
f: g (9.52381)
g:

# imprime_arbol_filogenetico
[(acdbefg, 49.6528) [(acdbe, 45.7951) [(acd, 43.695) [(ac, 35.7143) [a][c]][d]][(be, 41.9355) [b][e]]]

# elimina_especie nuevo1
ERROR: La especie nuevo1 no existe.

# crea_especie nuevo1 TTAAACCCGGG

# inicializa_clusters
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (90.9091) g (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667)
f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517)
g: nuevo1 (96.5517)
nuevo1:

# elimina_especie a

# imprime_cjt_especies
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
nuevo1 TTAAACCCGGG

# tabla_distancias
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (90.9091) g (90.9091) nuevo1 (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100) nuevo1 (83.3333)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667)
f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517)
g: nuevo1 (96.5517)
nuevo1:

# ejecuta_paso_wpgma
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) fg (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) fg (100) nuevo1 (83.3333)
c: d (83.871) e (94.1176) fg (100) nuevo1 (92.3077)
d: e (97.1429) fg (100) nuevo1 (92.3077)
e: fg (100) nuevo1 (66.6667)
fg: nuevo1 (96.5517)
nuevo1:

# imprime_cluster c
[c]

# ejecuta_paso_wpgma
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) enuevo1 (89.4545)
b: c (87.5) d (87.5) enuevo1 (83.6022) fg (100)
c: d (83.871) e (94.1176) fg (100)
d: e (97.1429) fg (100) enuevo1 (94.7253) fg (100)
enuevo1: fg (98.2759)
fg:

# imprime_cluster ac
ERROR: El cluster ac no existe.

# imprime_cluster eg
ERROR: El cluster eg no existe.

# imprime_cluster enuevo1
[(enuevo1, 33.3333) [e][nuevo1]]

# ejecuta_paso_wpgma
ac: b (89.2045) d (87.39) enuevo1 (91.3336) fg (97.2222)
b: d (87.5) enuevo1 (83.6022) fg (100)
c: d (83.871) e (94.1176) fg (100)
d: e (97.1429) fg (100) enuevo1 (94.7253) fg (100)
enuevo1: fg (98.2759)
fg:

# ejecuta_paso_wpgma
ac: benuevo1 (90.2691) d (87.39) fg (97.2222)
benuevo1: d (91.1126) fg (99.1379)
d: fg (100)
fg:
```

<pre># imprime_cluster ac [(ac, 35.7143) [a][c]]  # crea_especie nuevo2 AATCTGGCTCTGAATAAGACCCAGTATCAAGCTTspoc # ejecuta_paso_wpgma acd: benuevo1 (90.6909) fg (98.6111) benuevo1: fg (99.1379) fg:  # ejecuta_paso_wpgma acdbenuevo1: fg (98.8745) fg:  # imprime_cluster ac ERROR: El cluster ac no existe.  # inicializa_clusters b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100) c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100) d: e (97.1429) f (100) g (100) g (100) nuevo1 (92.3077) nuevo2 (82.9787) e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667) nuevo2 (85.4167) gen pangolin f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517) nuevo2 (98.2143) g: nuevo1 (96.5517) nuevo2 (100) nuevo1: nuevo2 (90.6977) nuevo2:  # crea_especie nuevo2 AAA ERROR: La especie nuevo2 ya existe.  # imprime_arbol_filogenetico</pre>	<pre>[(bnuevo2enuevo1cdfg, 49.7287) [(bnuevo2enuevo1cd, 45.7287)]]  # lee_cjt_especies # crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA # tabla_distancias # imprime_arbol_filogenetico ERROR: El conjunto de clusters es vacio.  # ejecuta_paso_wpgma ERROR: num_clusters &lt;= 1  # crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA # imprime_cjt_especies pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA  # inicializa_clusters b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100) c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100) pangolin (92.3077) nuevo2 (87.7551) d: e (97.1429) f (100) g (100) g (100) nuevo1 (92.3077) nuevo2 (82.9787) e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667) nuevo2 (85.4167) gen pangolin f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517) nuevo2 (98.2143) g: nuevo1 (96.5517) nuevo2 (100) nuevo1: nuevo2 (90.6977) nuevo2:  # imprime_arbol_filogenetico [pangolin]  # ejecuta_paso_wpgma ERROR: num_clusters &lt;= 1</pre>
---	---

## Información del problema

Autoría: PRO2

Generación: 2026-01-25T21:22:22.234Z

© Jutge.org, 2006–2026.

<https://jutge.org>