

2. 最长公共相似子序列问题

(lcs.pas/c/cpp)

★问题描述:

设 $X = x_1x_2 \cdots x_n$ 是一个给定的基因序列。其中, $x_i \in \{A, C, G, T\}$, $1 \leq i \leq n$ 。

对于一个基因序列 X , 我们称它的 i ($1 \leq i \leq n$) 位移为 X 的后 i 位与 X 的前 $n-i$ 位拼接而成的字符串。一个基因序列的特征定义为它的字典序最小的位移。

对于两个基因序列, 我们称它们相似当且仅当它们的特征相等。

最长公共相似子序列问题是要求对于给定的两个长度相同的基因序列 $X = x_1x_2 \cdots x_n$ 和 $Y = y_1y_2 \cdots y_n$, 计算其最长公共相似子序列的长度。

★编程任务:

对于给定的两个长度相同的基因序列 $X = x_1x_2 \cdots x_n$ 和 $Y = y_1y_2 \cdots y_n$, 计算其最长公共相似子序列的长度。

★数据输入:

输入文件名为**lcs.in**。

文件的第一行有1个正整数 n , ($1 \leq n \leq 2000$), 表示基因序列的长度。接下来的2行分别给出输入序列 $X = x_1x_2 \cdots x_n$ 和 $Y = y_1y_2 \cdots y_n$ 。其中序列中每个元素均为 $\{A, C, G, T\}$ 中字母。

★结果输出:

输出文件名为**lcs.out**。

将计算出的最长公共相似子序列的长度输出到文件中。当不存在公共相似子序列时, 输出0。

输入示例	输出示例
6 CCAGTA ATAGTC	4

★数据范围:

10%的数据满足 $n \leq 10$ 。

40%的数据满足 $n \leq 300$ 。

所有数据满足 $n \leq 2000$ 。