

## Tehtanje molekul

Petr dela pri podjetju, ki izdeluje tehtnice za molekule. Vsaka molekula ima celoštevilsko maso. Vsaka tehtnica ima *razpon meritve*  $[l, u]$ , kjer sta  $l$  in  $u$  celi števili. Tehtnica lahko zazna množico molekul če in samo če vsebuje podmnožico molekul, katerih je skupna masa v razponu meritve tehtnice.

Bolj formalno: Predstavljajmo si  $n$  molekul s pozitivnimi celoštevilskimi masami  $w_0, \dots, w_{n-1}$ . Meritev velja za uspešno, če obstaja množica indexov  $I = i_1, \dots, i_m$ , da velja  $l \leq w_{i_1} + \dots + w_{i_m} \leq u$ .

Zaradi lastnosti tehtnice vemo tudi, da je razmik med  $l$  in  $u$  vedno večji ali enak razliki mas med najtežjo in najlažjo molekulo. Bolj formalno:  $u - l \geq w_{max} - w_{min}$ , kjer sta  $w_{max} = \max(w_0, \dots, w_{n-1})$  in  $w_{min} = \min(w_0, \dots, w_{n-1})$ .

Tvoja naloga je napisati program, ki ali najde eno izmed podmnožic molekul s skupno maso znotraj razpona meritve, ali ugotovi, da taka podmnožica ne obstaja.

### Opombe k implementaciji

Implementirati moraš eno funkcijo (metodo):

- `int[] solve(int l, int u, int[] w)`
  - $l$  in  $u$ : zgornja in spodnja meja razpona meritve,
  - $w$ : mase molekul,
  - če iskana podmnožica obstaja, naj funkcija vrne polje indeksov zajetih molekul. Možnih je več pravilnih odgovorov, sprejeti pa bodo vsi pravilni,
  - če iskana podmnožica ne obstaja, naj funkcija vrne prazno polje.

V programskem jeziku C je zgradba funkcije nekoliko drugačna:

- `int solve(int l, int u, int[] w, int n, int[] result)`
  - $n$ : število elementov v množici  $w$  (t.j. število molekul),
  - ostali parametri ostajajo enaki kot zgoraj,
  - funkcija naj namesto polja  $m$  indeksov (kot je opisano zgoraj) zapiše indekse na prvih  $m$  mest polja 'result' (brez praznih mest) in nato vrne  $m$ .
  - če iskana podmnožica ne obstaja, naj funkcija vrne `0`, polje 'result' pa pusti pri miru.

Tvoj program lahko indekse zapiše v izhodno polje (oz. v polje `result` v C-ju), v katerem koli vrstnem redu.

Prosim, uporabite predložne datoteke za več informacij o implementaciji v vašem programskem jeziku.

## Primeri

### 1. primer

`solve(15, 17, [6, 8, 8, 7])`

V tem primeru imamo štiri (4) molekule z masami 6, 8, 8 in 7. Tehnica lahko zazna podmnožice z masami med vključno 15 in vključno 17. Pomni da  $17 - 15 \geq 8 - 6$ .

Skupna masa molekul 1 in 3 je  $w_1 + w_3 = 8 + 7 = 15$ , torej lahko funkcija vrne `[1, 3]`.

Ostala možna pravilna odgovora sta `[1, 2]` ( $w_1 + w_2 = 8 + 8 = 16$ ) in `[2, 3]` ( $w_2 + w_3 = 8 + 7 = 15$ ).

### 2. primer

`solve(14, 15, [5, 5, 6, 6])`

V tem primeru imamo štiri (4) molekule z masami 5, 5, 6 in 6, ter iščemo za podmnožico, katere masa je 14 ali 15. Ne pozabite, da velja  $15 - 14 \geq 6 - 5$ . Ker ne obstaja nobena takšna podmnožica, da bi bila skupna masa 14 ali 15, funkcija vrne prazno polje.

### 3. primer

`solve(10, 20, [15, 17, 16, 18])`

V tem primeru imamo štiri (4) molekule z masami 15, 17, 16 in 18, iščemo pa podmnožico molekul, katerih skupna masa bo med vključno 10 do vključno 20. Še enkrat, pomni, da velja  $20 - 10 \geq 18 - 15$ . Katera koli podmnožica sestavljena iz natanko enega elementa zadošča kriterijem, zato so pravilni odgovori: `[0]`, `[1]`, `[2]` in `[3]`.

## Podnaloge

- (9 točk):  $1 \leq n \leq 100$ ,  $1 \leq w_i \leq 100$ ,  $1 \leq u, l \leq 1000$ , vse mase  $w_i$  so enake.
- (10 točk):  $1 \leq n \leq 100$ ,  $1 \leq w_i, u, l \leq 1000$  in  $\max(w_0, \dots, w_{n-1}) - \min(w_0, \dots, w_{n-1}) \leq 1$ .
- (12 točk):  $n \leq 100$  in  $w_i, u, l \leq 1000$ .
- (15 točk):  $n \leq 10000$  in  $w_i, u, l \leq 10000$ .
- (23 točk):  $n \leq 10000$  in  $w_i, u, l \leq 500000$ .
- (31 točk):  $n \leq 200000$  in  $w_i, u, l < 2^{31}$ .

## Vzorčni ocenjevalnik

Vzorčni ocenjevalnik bere vhod sledeče oblike:

- 1. vrstica: cela števila  $n$ ,  $l$ ,  $u$ .
- 2. vrstica:  $n$  celih števil:  $w_0, \dots, w_{n-1}$ .

