

진화

담유는 $N = 256$ 개 생물 종의 진화 관계를 연구하고 있다. 생물 종은 0번부터 $N - 1$ 번까지 번호가 매겨져 있다. 0번 종은 진화 트리의 루트이며, 0번이 아닌 각 생물 종 i 의 직접 조상은 $P[i]$ 번 종이다.

어떤 생물 종은 자기 자신의 조상으로도 간주한다. 두 생물 종 u, v 의 **가장 최근 공통 조상**은 두 종의 공통 조상 중 0번 종에서 가장 멀리 떨어진 종이다. 이는 루트가 있는 트리에서 두 정점의 최소 공통 조상과 같다.

담유는 이 분석을 서로 격리된 두 연구 기지에 나누어 맡겼으며, 두 기지는 각각 앨리스와 밥이 운영한다. 실험이 시작되기 전에 앨리스와 밥은 임의의 결정적 규칙을 미리 정할 수 있다. 하지만 실험이 시작된 뒤에는 앨리스가 만든 이진 라벨 이외의 방법으로 서로 통신할 수 없다.

먼저 앨리스는 진화 트리 전체를 입력받아 각 생물 종에 비어 있지 않은 이진 라벨을 하나씩 부여한다. 이후 밥은 두 생물 종의 라벨만 입력받으며, 진화 트리나 두 생물 종의 번호는 주어지지 않는다. 밥은 이 두 라벨만으로 두 종의 가장 최근 공통 조상 번호를 구해야 한다.

항상 정확한 답을 구하면서, 앨리스가 만드는 라벨의 최대 길이를 최소화하라.

구현 상세

다음 함수를 구현해야 한다.

```
vector<vector<bool>> Alice(int N, vector<int> P)
```

- N : 생물 종의 수이다.
- P : 길이가 N 인 배열이다. $P[0] = -1$ 이고, 모든 $1 \leq i < N$ 에 대해 $P[i]$ 는 i 번 종의 직접 조상이다.
- 이 함수는 채점 프로그램의 첫 번째 실행에서 정확히 한 번 호출된다.
- 길이가 N 인 배열 L 을 반환해야 한다. 모든 $0 \leq i < N$ 에 대해 $L[i]$ 는 i 번 종에 부여한 라벨이다.
- L 의 각 원소는 비어 있지 않아야 하며, 길이는 2048 이하여야 한다.

```
int Bob(int N, vector<bool> U, vector<bool> V)
```

- N : 생물 종의 수이다.
- U, V : 같은 진화 트리에 대한 한 번의 Alice 호출에서 두 생물 종에 부여된 라벨이다.
- 이 함수는 채점 프로그램의 두 번째 실행에서 1번 이상 100번 이하 호출된다.
- 라벨이 U, V 인 두 생물 종의 가장 최근 공통 조상 번호를 반환해야 한다.

각 테스트 케이스에 대해 채점 프로그램은 제출한 프로그램을 정확히 두 번 실행한다.

- 첫 번째 실행에서는 Alice를 정확히 한 번 호출하고 Bob은 호출하지 않는다. 반환된 라벨은 채점 시스템에 저장된다.
- 두 번째 실행에서는 Bob을 최대 100번 호출하고 Alice는 호출하지 않는다. 연속한 Bob 호출 사이에는 정보를 저장하고 유지할 수 있다.
- 첫 번째 실행에서 두 번째 실행으로 전달되는 정보는 Bob의 인자로 주어지는 라벨뿐이다. 즉 첫 번째 실행에서 전역 변수나 정적 변수에 저장한 정보는 두 번째 실행에서 사용할 수 없다.

제출하는 코드는 헤더 파일 `evolution.h`를 포함해야 한다. `main` 함수를 구현해서는 안 되며, 표준 입력을 읽거나 표준 출력에 출력해서도 안 된다.

제약 조건

- $N = 256$.
- $P[0] = -1$.
- 모든 $1 \leq i < N$ 에 대해 $0 \leq P[i] < N$ 이고 $P[i] \neq i$ 이다.
- 부모 관계는 0번 종을 루트로 하는 트리를 이룬다.
- 각 테스트 케이스에서 Bob은 1번 이상 100번 이하 호출된다.
- Bob에 전달되는 모든 라벨은 대응되는 Alice 호출에서 반환된 것이다.

서브태스크와 채점

서브태스크	점수	추가 제약 조건
1	5	모든 $1 \leq i < N$ 에 대해 $P[i] = i - 1$ 이다.
2	95	추가 제약 조건이 없다.

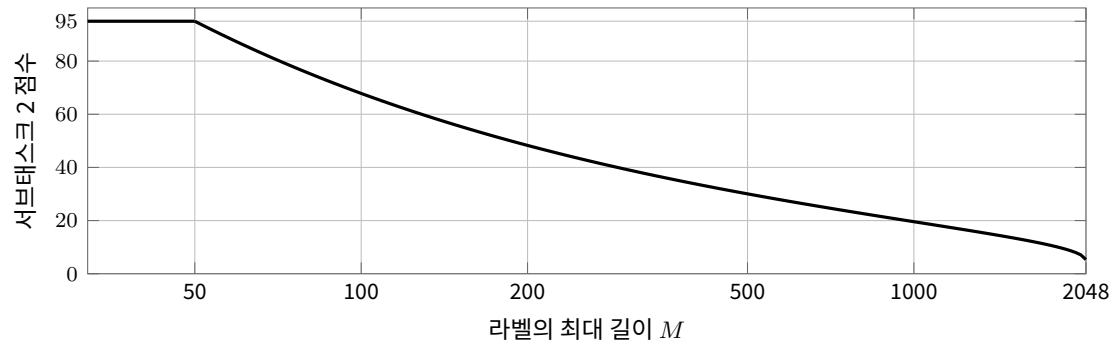
서브태스크 2의 모든 테스트 케이스에서 Alice가 반환한 라벨의 길이 중 최댓값을 M 이라고 하자.

반환한 배열이나 라벨의 형식이 잘못되었거나, Bob이 하나라도 잘못된 답을 반환하면 해당 서브태스크의 점수는 0점이다.

서브태스크 2를 정확하게 해결했다면 점수는 M 만으로 결정된다. $M > 2048$ 이면 점수는 0점이고, 그 밖의 경우 서브태스크 2의 점수는 다음과 같다.

$$5 + 90 \min \left(1, \sqrt{\frac{2048/M - 1}{2048/50 - 1}} \right).$$

점수는 소수점 둘째 자리까지 반올림한다.



예제

$P[1] = P[2] = 0, P[3] = P[4] = 1$ 이고, 모든 $5 \leq i < N$ 에 대해 $P[i] = 0$ 인 진화 트리를 생각하자.

어떤 올바른 Alice 호출이 3번 종과 4번 종에 각각 다음 두 라벨을 부여했다고 하자. 종괄호로 둘러싸인 각 목록은 하나의 `vector<bool>`을 나타낸다.

```
{0, 0, 0, 1, 1}
{0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0}
```

이때 채점 프로그램은 다음과 같이 호출할 수 있다.

```
Bob (
    N,
    {0, 0, 0, 1, 1},
    {0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0}
)
```

3번 종과 4번 종의 가장 최근 공통 조상은 1번 종이므로, 이 호출은 반드시 1을 반환해야 한다.

샘플 채점 프로그램

샘플 채점 프로그램은 `Alice`와 `Bob`을 같은 실행에서 호출하며, 이는 실제 채점 프로그램과 다른 점이다.

입력 형식:

```
N
P[1] P[2] ... P[N-1]
Q
A[0] B[0]
A[1] B[1]
...
A[Q-1] B[Q-1]
```

모든 $0 \leq j < Q$ 에 대해 $A[j]$ 와 $B[j]$ 는 j 번째 쿼리에 포함된 두 생물 종의 번호이다.

출력 형식:

```
R[0]
R[1]
...
R[Q-1]
```

L 을 `Alice(N, P)`가 반환한 배열이라고 하자. 샘플 채점 프로그램은 모든 $0 \leq j < Q$ 에 대해 $R[j]$ 를 `Bob(N, L[A[j]], L[B[j]])`가 반환한 값으로 정한다. 이때 출력되는 것은 $R[0], R[1], \dots, R[Q-1]$ 뿐이다.

참고로 샘플 채점 프로그램에서는 N 에 어떤 값을 사용해도 무방하다.