

L'Antico Uccello

Un gruppo di geniali ricercatori, è riuscito ad estrarre la sequenza di DNA dal ritrovamento di un antichissimo uccello. Per ragioni troppo difficili da spiegare nelle poche righe di questa consegna, lo studio del genoma di questo meraviglioso animale potrebbe rivoluzionare la nostra comprensione dell'evoluzione.

Purtroppo, per via dei lunghi secoli trascorsi, la sequenza di nucleotidi estratta contiene mutazioni, cancellazioni ed errori.

In qualità di studente del corso di Algoritmi e Strutture Dati dell'Università degli Studi di Ferrara, nulla ti spaventa e sei pronto ad aiutare il gruppo di ricercatori. In particolare, vuoi comparare la sequenza estratta con tutte quelle in un database a tua disposizione.

Qual è la sequenza nel database che minimizza la [distanza di Levenshtein](#) con il genoma estratto dai ricercatori?

Input

L'input deve essere letto da un file "input.txt".

La prima riga del file contiene un numero intero N .

La riga successiva, contiene un intero m_0 e la sequenza di DNA estratta dai ricercatori. La sequenza è lunga m_0 caratteri, ciascuno dei quali codifica un nucleotide: il carattere A sta per adenina, G per guanina, C citosina, T per timina.

Ciascuna delle seguenti N righe rappresenta le sequenze nucleotidiche a disposizione nel tuo database. In particolare, ogni riga i -esima, con $i \in [1, N]$, contiene un intero m_i e una sequenza lunga m_i . Anche questa sequenza è costituita dai soli caratteri A, G, C, T.

Output

L'output deve essere scritto su un file "output.txt", e consiste nella minima distanza di Levenshtein tra la prima sequenza e tutte le altre.

Vincoli

- $1 \leq N \leq 10^3$;
- $1 \leq m_i \leq 10^2$, $\forall i \in [0, N]$;
- **tempo limite:** 2 s;
- **memoria limite:** 128 MiB.

Punteggio

Risolvere questo problema garantisce un punto all'esame di algoritmi.

Input (input.txt)	Output (output.txt)
3 4 GCTA 7 GGGGGGGG 3 AGT 6 GTTTAC	3

Esempio

Il primo carattere tra GGGGGGGG a GCTA è uguale. I successivi tre sono diversi (GGG e CTA). Cancellando le G in eccesso nella prima stringa, otteniamo una edit distance di 6 (tre sostituzioni e tre cancellazioni).

Nel secondo caso, un esempio di passaggi furbi per riportare AGT a GCTA posso essere ad esempio i seguenti: $AGT \Rightarrow GT \Rightarrow GCT \Rightarrow GCTA$; dunque con una cancellazione e due inserimenti, la edit distance è 3.

Per la terza sequenza, si potrebbe pensare alla sequenza $GTTTAC \Rightarrow GTTAC \Rightarrow GCTAC \Rightarrow GCTA$. La edit distance è 3, come nel secondo caso.

Stampiano in output 3, che è la distanza più piccola trovata.