

TAP – Jujuy - Desafío Semanal - 16-12-2015 al 22-12-2015

Original del Torneo Argentino de Programación - ACM - ICPC 2015

<http://torneoprogramacion.com.ar/wp-content/uploads/2015/09/pruebaTAP2015.pdf>

Problema G – Genética Alienígena II

Autor: Fidel I. Schaposnik – Universidad Nacional de la Plata

Hay una característica fundamental e inalterable que comparte toda la vida en la Tierra, desde el más minúsculo microbio hasta las ballenas, los dinosaurios y los seres humanos: el ADN. Este es el único mecanismo conocido para la transmisión y replicación de información genética, lo cual plantea una de las preguntas más importantes que la biología moderna no ha podido responder hasta ahora: ¿es el ADN la única forma de codificar esta información, o hay otros mecanismos posibles?

El profesor Gould es un exobiólogo teórico, y se dedica a estudiar la posibilidad de que exista vida extraterrestre cuya información genética no se encuentre codificada en la forma de ADN. Actualmente, está desarrollando un modelo basado en la codificación de información genética en la forma de una cadena de pseudo-nucleótidos, que vamos a representar mediante los caracteres 'b', 'd', 'o', 'p', 'q', 'v', 'w' y 'x'. Cada pseudo-nucleótido tiene un conjugado: 'o', 'v', 'w' y 'x' son cada uno su propio conjugado, mientras que 'b' es el conjugado de 'd', 'p' es el conjugado de 'q', y viceversa, 'd' es el conjugado de 'b' y 'q' es el conjugado de 'p'.

En el modelo del profesor Gould, un organismo puede sufrir una mutación a partir de cierta posición de su cadena de pseudo-nucleótidos, que resulta en la inversión y conjugación de la segunda parte de dicha cadena. Más específicamente, si la cadena de pseudo-nucleótidos original es " $a_1 a_2 \dots a_N$ ", y la mutación ocurre a partir de la posición i , la cadena de pseudo-nucleótidos resultante es " $a_1 a_2 \dots a_{i-1} \bar{a}_N \bar{a}_{N-1} \dots \bar{a}_{i+1} \bar{a}_i$ ", donde a_k representa el conjugado del pseudo-nucleótido originalmente en la posición k .

A lo largo de su evolución, un organismo dado puede sufrir varias mutaciones de este tipo, siendo la única restricción que las sucesivas mutaciones deben ocurrir a partir de posiciones cada vez más cercanas al final de la cadena de pseudo-nucleótidos. Por ejemplo, la cadena "bdopqvw" puede sufrir una mutación a partir de la posición 3 resultando en la cadena "bdxwvpqo", y luego otra mutación a partir de la posición 7 para dar la cadena "bdxwvpop", pero estas dos mutaciones no podrían haber ocurrido en el orden inverso.

En este punto de su investigación, el profesor Gould tiene dos cadenas de pseudo-nucleótidos que son particularmente interesantes, y querría saber la mínima cantidad de mutaciones que debe sufrir la primera de ellas para transformarse en la otra. ¿Pueden ayudarlo?

Entrada

La primera línea contiene un entero N , que representa la longitud de las dos cadenas de pseudo-nucleótidos a ser analizadas ($1 \leq N \leq 1000$). Cada una de las siguientes dos líneas contiene una cadena de N caracteres 'b', 'd', 'o', 'p', 'q', 'v', 'w' y 'x', representando una cadena de pseudo-nucleótidos.

Salida

Imprimir en la salida una línea conteniendo un entero que representa la mínima cantidad de mutaciones que debe sufrir la primera cadena de la entrada para transformarse en la segunda. De no ser posible esto, imprimir el número -1.

Entrada de ejemplo	Salida
8 bdopqvw bdxwvpop	2
Entrada de ejemplo	Salida
5 bdopq bdopq	0

Entrada de ejemplo	Salida
10 ddbbddbbdd bbddbbddbb	1
Entrada de ejemplo	Salida
13 opoqpvdwxwbp vwpopvxxbdpq	-1