

Problema 4

Variantes SARS-CoV-2

Tempo limite: 0,5 s (C/C++)

Cada organismo possui sequências genéticas a partir das quais as funções biológicas codificadas podem ser expressas. A variação genética é uma das responsáveis pelas diferenças fenotípicas observadas entre organismos de uma mesma espécie ou entre organismos de espécies diferentes. Para organismos de diferentes espécies, as suas sequências tendem a apresentar mais diferenças entre espécies que possuem distâncias evolutivas maiores, ou seja, espécies que possuem algum ancestral comum mais distante. Vírus são agentes infecciosos que são replicados pelas células infectadas de seres vivos por meio do material genético carregado pelo vírus.

Uma das possíveis origens das variações genéticas é a mutação, que é uma alteração na sequência que pode surgir por erros no processo de replicação. As mutações mais comuns são: 1) substituição de uma base por outra (ex: ACGT e AGGT, substituição de C para G na segunda posição); 2) inserção de nova base em uma sequência (ex: ACGT e ACGGT, inserção de G na quarta posição da primeira sequência); 3) remoção de uma base (ex: ACGT e ACT, remoção de G na terceira posição da primeira sequência). Neste caso, a distância entre duas sequências, pode ser considerada como o número de mutações necessárias para transformar uma sequência em outra.

Com o elevado número de novos casos de COVID-19 ao redor do mundo, passa a ser de grande interesse a comparação das sequências do vírus SARS-CoV-2 em circulação, pois à medida que novas mutações na sequência do vírus surgem, em particular na região associada à produção da proteína spike, maior fica a preocupação com o surgimento de novas variantes e novas ondas da doença. Para permitir o cálculo de distâncias entre sequências biológicas conhecidas, você deve escrever um programa que, dadas duas cadeias de caracteres, calcule o número mínimo de edições (substituição, inserção ou remoção) necessárias para transformar uma sequência na outra.

Entrada

A entrada consiste de duas linhas, sendo uma cadeia de caracteres em cada uma. Cada sequência possui comprimento de até 1.000 caracteres.

Saída

Você deve imprimir o número mínimo de edições entre as duas sequências.

Exemplo de Entrada

```
tattttaat
tacttct
```

Exemplo de Saída

3

Exemplo de Entrada

```
cacaattg
catcgaagtgggg
```

Exemplo de Saída

6

Exemplo de Entrada

banana

bahamas

Exemplo de Saída

3