



## 病毒猎手

### 【问题描述】

最近的一场病毒感染迷惑了很多专家。病毒学家通过分析病毒的基因，发现它有 26 个基因特征编码，奇怪的是，病毒会任意排列这些基因特征编码，产生变异，作为病毒学家的助手，要根据病毒学家给你的基因特征编码和新发现的不明基因特征编码，以确定这些不明基因是否变异的病毒。

每个特征基因编码用一个小写字母 a~z 编号代替，你要做的是对比两段基因编码，看不明基因是否由病毒变异而来。（特征编码长度 $\leq 1000$ ）。

### 【输入格式】

有 2 行，第一行是一个由 a~z 组成的字符串，表示病毒特征编码。

第二行是发现的不明基因特征编码。

### 【输出格式】

有 1 行，如果是变异病毒，输出 YES，否则输出 NO。

### 【输入样例】

```
abababablsjdqwrqpupiozzxcvcvmdfgqqwer  
pxcvcbqpuzbavmqwerazdfgqqwiabablsjdor
```

### 【输出样例】

```
YES
```

### 【参考程序】

```
#include<iostream>  
using namespace std;  
const int N = 1000;  
char a[N + 1]; //a:病毒编码  
char b[N + 1]; //b:样本编码  
int cnt_a[26]; //病毒编码分布  
int cnt_b[26]; //样本编码分布  
int main()  
{  
    cin >> a;
```



```
//统计病毒特征编码
for(int i = 0; a[i]; i++)
{
    cnt_a[a[i] - 'a']++;
}
cin >> b;
//统计样本特征编码
for(int i = 0; b[i]; i++)
{
    cnt_b[b[i] - 'a']++;
}
bool ok = true;
for(int i = 0; i < 26; i++)
{
    //发现有一个不匹配，则说明不是变异
    if(cnt_a[i] != cnt_b[i])
    {
        ok = false;
        break;
    }
}
//全部匹配，说明是变异病毒
cout << (ok ? "YES" : "NO");
return 0;
}
```