

Zadanie: GEN

Podobieństwo genetyczne



POTYCZKI ALGORYTMICZNE

Potyczki Algoritmiczne 2018, wielki finał. Limity: 256 MB, 5 s.

13.01.2019

Rozważamy sekwencje DNA, czyli ciągi składające się wyłącznie ze znaków A, C, G i T. Mówimy, że ciąg s jest podciągiem ciągu s' , jeśli przez usunięcie niektórych (być może żadnych) znaków z ciągu s' można otrzymać ciąg s . Na przykład AGG jest podciągiem TAGAAG, zaś AGGA nie jest.

Dla dwóch ciągów s_1, s_2 , definiujemy ich m -podobieństwo jako liczbę takich sekwencji w o długości m , że w jest podciągiem ciągu s_1 wtedy i tylko wtedy, gdy w jest podciągiem ciągu s_2 . Innymi słowy, jest to liczba takich sekwencji długości m , które są podciągami albo obu ciągów, albo żadnego.

Dla danych ciągów s_1, s_2 i liczby m , oblicz m -podobieństwo s_1 i s_2 .

Wejście

Wejście składa się z trzech wierszy. W pierwszych dwóch znajdują się odpowiednio sekwencje s_1 i s_2 , z których każda składa się z co najmniej jednego i co najwyżej 1 000 000 znaków ze zbioru {A, C, G, T}. W trzecim wierszu wejścia podana jest liczba całkowita m ($1 \leq m \leq 20$).

Wyjście

Wypisz jedną liczbę całkowitą: m -podobieństwo ciągów s_1 i s_2 .

Przykład

Dla danych wejściowych:

TCAGG
TAGAAG
2

poprawnym wynikiem jest:

11

Wyjaśnienie przykładu: Aby obliczyć 2-podobieństwo sekwencji TCAGG i TAGAAG, trzeba rozważyć wszystkie $4^2 = 16$ możliwych dwuliterowych ciągów. Spośród nich trzy (CA, CG i TC) są podciągami wyłącznie pierwszej sekwencji, dwa (AA i GA) – wyłącznie drugiej, cztery (AG, GG, TA, TG) są podciągami obu sekwencji, zaś pozostałych siedem (AC, AT, CC, CT, GC, GT oraz TT) – żadnej z nich. Zatem szukane 2-podobieństwo wynosi $4 + 7 = 11$.

Z kolei dla danych wejściowych:

T
AG
3

poprawnym wynikiem jest:

64