

جهش DNA

گریس یک زیست‌شناس است که در یک شرکت بیوانفورماتیک در سنگاپور کار می‌کند. او به عنوان بخشی از کارش، دنباله‌های DNA مربوط به موجودات مختلف را تحلیل می‌کند. یک DNA دنباله‌ای است که به صورت یک رشته از کاراکترهای "A"، "T"، "C" و "G" تعریف می‌شود. دقت کنید که در این مسئله، دنباله‌های DNA شامل حرف "G" نیستند.

یک جهش روی یک دنباله‌ی DNA عبارت است از جابجا کردن دو عنصر دنباله. به طور مثال، با یک جهش می‌توان رشته‌ی "ACTA" را به "AATC" تبدیل کرد، که این تبدیل شامل جابجا کردن دو کاراکتر "A" و "C" است که در رشته هایلایت شده‌اند.

فاصله‌ی جهشی بین دو دنباله برابر با کمترین تعداد جهش‌های موردنیاز برای تبدیل یک دنباله به دیگری است. اگر یک دنباله توسط جهش قابل تبدیل به دنباله‌ی دیگر نباشد، فاصله‌ی جهشی را برابر 1- تعریف می‌کنیم.

گریس در حال تحلیل دو دنباله‌ی DNA با نام‌های a و b است که هر یک شامل n عنصر است که با اندیس‌های 0 تا $n - 1$ شماره‌گذاری شده‌اند. کار شما این است که به گریس کمک کنید پاسخ q سوال که بدین شکل مطرح می‌شوند را پیدا کند: فاصله‌ی جهشی بین دو زیررشته‌ی $a[x..y]$ و $b[x..y]$ چقدر است؟ زیردنباله‌ی $s[x..y]$ از دنباله‌ی s عبارت است از یک دنباله از کاراکترهای متوالی s که اندیس‌های آن‌ها از x تا y (شامل هر دو) هستند. به عبارت دیگر، $s[x..y]$ برابر دنباله‌ی $s[x]s[x + 1] \dots s[y]$ است.

جزئیات پیاده‌سازی

شما باید تابع زیر را پیاده‌سازی کنید:

```
void init(string a, string b)
```

- a ، b : رشته‌هایی به طول n که دو دنباله‌ی DNA موردتحلیل را مشخص می‌کنند.
- این تابع دقیقاً یک بار قبل از فراخوانی `get_distance` فراخوانده می‌شود.

```
int get_distance(int x, int y)
```

- x ، y : اندیس‌های ابتدا و انتهای زیررشته‌های موردتحلیل
- تابع باید فاصله‌ی جهشی بین دو زیررشته‌ی $a[x..y]$ و $b[x..y]$ را پیدا کند.
- تابع دقیقاً q مرتبه فراخوانی می‌شود.

مثال

فراخوانی زیر را در نظر بگیرید:

```
init("ATACAT", "ACTATA")
```

فرض کنید ارزیاب فراخوانی $\text{get_distance}(1, 3)$ را انجام دهد. خروجی این فراخوانی باید برابر با فاصله‌ی جهشی بین $a[1..3]$ و $b[1..3]$ ، یعنی دو دنباله‌ی "TAC" و "CTA" باشد. "TAC" را می‌توان با دو جهش به "CTA" تبدیل کرد: $\text{CAT} \rightarrow \text{TAC}$ و به دنبال آن $\text{CAT} \rightarrow \text{CTA}$. ضمناً تبدیل با کم‌تر از دو جهش امکان‌پذیر نیست.

بنابراین خروجی این فراخوانی باید 2 باشد.

فرض کنید ارزیاب فراخوانی $\text{get_distance}(4, 5)$ را انجام دهد. خروجی این فراخوانی باید برابر با فاصله‌ی جهشی بین دنباله‌های "AT" و "TA" باشد. "AT" را می‌توان تنها با یک جهش به "TA" تبدیل کرد و بدیهی است که حداقل یک جهش مورد نیاز است.

بنابراین خروجی این فراخوانی باید 1 باشد.

در انتها، فرض کنید ارزیاب فراخوانی $\text{get_distance}(3, 5)$ را انجام دهد. چون هیچ راهی برای تبدیل دنباله‌ی "CAT" به "ATA" توسط دنباله‌ای از جهش‌ها وجود ندارد، خروجی این فراخوانی باید -1 باشد.

محدودیت‌ها

- $1 \leq n, q \leq 100\,000$
- $0 \leq x \leq y \leq n - 1$
- هر کاراکتر رشته‌های a و b یکی از سه حرف "A"، "T" و "C" است.

زیرمسئله‌ها

1. (21 نمره) $y - x \leq 2$
2. (22 نمره) $q \leq 500$ ، $y - x \leq 1000$ ، هر کاراکتر از a و b یا برابر "A" است یا "T".
3. (13 نمره) هر کاراکتر از a و b یا برابر "A" است یا "T".
4. (28 نمره) $q \leq 500$ ، $y - x \leq 1000$
5. (16 نمره) بدون محدودیت اضافی.

ارزیاب نمونه

ارزیاب نمونه ورودی را در قالب زیر می‌خواند:

- خط 1: n و q
- خط 2: a
- خط 3: b
- خط $4 + i$: $(0 \leq i \leq q - 1)$ به ازای i امین فراخوانی تابع get_distance .

ارزیاب نمونه پاسخ شما را در قالب زیر چاپ می‌کند:

- خط $1 + i$: $(0 \leq i \leq q - 1)$: مقدار خروجی i امین فراخوانی تابع get_distance .