
Mutaciones de virus**P41641_es**

Recordad que el código genético (véase problema P36671) es un conjunto de reglas que traduce secuencias de nucleótidos a proteínas. Cuando se trabaja con ADN en lugar de ARN mensajero, las secuencias de nucleótidos cambian la base U por la base T.

A menudo, como reacción de resistencia contra los fármacos, los virus mutan su ADN manteniendo su funcionalidad, es decir, sintetizando la misma proteína. Por ejemplo, si un virus tuviera la secuencia

(1) GCCAATGACTAAGGCCTAAAGA

entonces sintetizaría la proteína *Thr-Lys-Ala*. Si el virus mutara a la secuencia (2)

(1) GCCAATGACTAAGGCCTAAAGA

(2) GCCAATGACCAACGCCTAAAGA

(solo ha cambiado la décima base), este continuaría sintetizando *Thr-Lys-Ala*. En este caso, decimos que se ha producido una (o más) mutaciones equivalentes.

En cambio, si el virus mutara a la secuencia (3)

(1) GCCAATGACTAAGGCCTAAAGA

(3) GCCAATGTCTAAGACCTAAAGA

(solo la octava y la decimocuarta bases), entonces sintetizaría *Ser-Lys-Thr*, lo que se nota indicando *Thr-1-Ser, Ala-3-Thr* (el número indica en qué codón se ha producido la mutación).

Hagan un programa que indique si pares de secuencias de ADN representan mutaciones equivalentes y que, en caso negativo, indique qué mutaciones se han producido. El programa también debe decir cuántas bases son diferentes entre el codón ATG y el codón de *Stop*.

Entrada

La entrada comienza con un natural k . Después, vienen k pares de secuencias de ADN de la misma longitud. Cada secuencia de ADN está formada por una cadena de caracteres 'A', 'C', 'T' y 'G' en una línea sin espacios.

Todas las secuencias de ADN tienen un codón ATG antes de un codón de *Stop*. El codón ATG y el codón de *Stop* nunca mutan en ningún par de secuencias ni ninguna mutación puede introducir un nuevo codón de *Stop*. Los pares de secuencias siempre tienen la misma longitud.

Salida

Para cada par de secuencias de ADN de la entrada, hay que indicar si son o no son equivalentes. En el caso de que no sean equivalentes, hay que indicar todos los cambios que han producido las mutaciones según la notación estándar descrita anteriormente. El número de bases diferentes se debe escribir al final de la línea, entre paréntesis.

Seguid el formato del ejemplo.

Ejemplo de entrada 1

4

GCCAATGACTAAGGCCTAAAGA
GCCAATGACCAAGGCCTAAAGA

GCCAATGACTAAGGCCTAAAGA
GCCAATGTCTAAGACCTAAAGA

GCCAATGACTAAGGCCTAAAGA
GCCAATGTCTAAAACCTAAAGA

GCCAATGACTAAGGCCTAAAGA
GCCAATGACTAAGGCCTAAAGA

Ejemplo de salida 1

Equivalents (1)
Thr-1-Ser,Ala-3-Thr (2)
Thr-1-Ser,Ala-3-Thr (3)
Equivalents (0)

Información del problema

Autoría: Lluís Alemany Puig
Traducción: Jordi Petit

Generación: 2026-01-25T11:06:21.051Z

© *Jutge.org*, 2006–2026.
<https://jutge.org>