

Problema F

Encontrar padrões regulares em ramos de ADN - BIS

Problema - Este problema é uma variante do Problema C

Um ramo de ADN é uma sequência finita de nucleotídeos adenina (A), citosina (C), guanina (G) e timina (T). Consideremos para esse efeito o alfabeto $\mathcal{A} = \{A, C, G, T\}$.

Neste exercício pretendemos implementar um mecanismo de procura eficiente de padrão regular num ramo de ADN. Por padrão entendemos uma disposição de nucleotídeos (i.e. caracteres A,C,G,T) que possa ser expressa por uma expressão regular sobre \mathcal{A} .

O objectivo deste exercício é, dada uma expressão regular sobre o alfabeto \mathcal{A} e dado um ramo de ADN, **mostrar onde ocorre** no dado ramo de ADN a **primeira sequência** de nucleotídeos que se assemelha ao padrão, de forma eficiente, claro. Por primeira entendemos que começa e termina em primeiro lugar.

Para esse efeito fornece-se um conjunto de funções, em particular a função `regexp` que traduz uma string numa expressão regular. Estas funções deverão ser copiadas integralmente no cabeçalho da vossa solução.

Recomenda-se igualmente a leitura do artigo : Regular Expression Search algorithm ([link](#)) e das páginas : Regular Expression Matching Can Be Simple And Fast ([link](#)) A Regular Expression Matcher ([link](#))

Input

A entrada consiste em duas linhas.

A primeira linha é o padrão por procurar na forma de uma string. A sintaxe deste padrão é a sintaxe concreta esperada de uma expressão regular e espera-se que leia a referida string com a função `regexp` fornecida.

A linha seguinte contém a string que define um ramo de ADN (exclusivamente constituída dos caracteres 'A', 'C', 'G' e 'T')

Output

A saída é organizada numa só linha. Se o ramo contém uma sequência de nucleotídeo que cumpre o padrão então nesta linha constam dois inteiros i j que indicam onde começa e termina a primeira substring que cumpre o padrão (as posições começam em 0). No caso especial em que a string vazia verifica o padrão então a resposta deverá ser YES. A linha contém NO no caso em que não existe tal sequência.

Limites

O padrão tem um comprimento máximo 100, e é adequadamente processado pela função `regexp`. O ramo de ADN tem um comprimento positivo não nulo e é no máximo 5000.

Tenha em atenção que os tempos de resolução consideram que a solução é eficiente (linear, no mínimo).

Sample Input

```
(TAG+TC)(A+C+G+T)*TGC
ATTGCAGTAGGACTCGCCTGATGCAGTC
```

Sample Output

7 23