

Questão D

Controle de Mutações

Um vírus mortal assola a humanidade. O vírus é altamente mutável e *antivaxers* contribuem para a mutação do vírus, o que faz com que ele se propague mais rapidamente. O vírus é formado por um genoma constituído por RNA de fita simples, ou seja, sua sequência só envolve as bases nucleicas **A, U, C e G**.

Para aumentar o controle, pesquisadores mapeiam os genomas de RNA de vírus que circulam em uma cidade e enviam para você sempre em pares, sendo o primeiro o genoma predominante na região e o segundo, o que acreditam ser uma nova linhagem ou subgrupos. Como pequenas mutações podem ocorrer o tempo todo, os cientistas precisam apenas saber qual o tamanho máximo de **genes sequenciais com mutação** existem na segunda cadeia.

Para isso, o programa recebe como entrada duas sequencias de RNAs e gera como saída a maior mutação entre as duas sequências.

Entrada

Duas sequencias de RNA, separadas por uma quebra de linha, sendo cada sequência composta apenas pelas bases A, U, C e G, de tamanho **T** ($5 \leq T \leq 1.000.000$). O final de cada sequência é terminado com o caractere ‘.’.

Saída

A saída deve apresentar “**x**”, sendo **x** o tamanho da maior sequência de bases distintas.

Exemplos

Entrada	Saída
AUCGG. AUGGG.	1
GUACGGAAUG. UUAGCCAAUG.	3
AUUGGAACUA. AUGGGAUAAG.	4