### Problema 4 Distância entre sequências de DNA

Tempo limite: 0.5 s (C/C++)

Cada organismo possui sequências genéticas a partir das quais as funções biológicas codificadas podem ser expressas. A variação genética é uma das responsáveis pelas diferenças fenotípicas observadas entre organismos de uma mesma espécie ou entre organismos de espécies diferentes. Para organismos de diferentes espécies, as suas sequências tendem a apresentar mais diferenças entre espécies que possuem distâncias evolutivas maiores, ou seja, espécies que possuem algum ancestral comum mais distante. Uma das possíveis origens das variações genéticas é a mutação, que é uma operação de edição na sequência que pode ser verificada como diferenças nas sequências de DNA. As mutações mais comuns são: 1) substituição de uma base por outra (ex: ACGT e AGGT, substituição de C para G na segunda posição); 2) inserção de nova base em uma sequência (ex: ACGT e ACGGT, inserção de G na quarta posição da primeira sequência); 3) remoção de uma base (ex: ACGT e ACT, remoção de G na terceira posição da primeira sequência). Neste caso, a distância entre duas sequências, pode ser considerada como o número de mutações necessárias para transformar uma sequência em outra.

Com o advento de novas tecnologias de sequenciamento de DNA, o número de sequências de DNA disponíveis aumentou exponencialmente. Para permitir o cálculo de distâncias entre sequências biológicas conhecidas, você deve escrever um programa que, dado duas sequências, calcule o número mínimo de mutações necessárias para transformar uma sequência em outra.

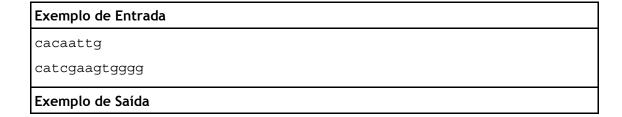
#### Entrada

A entrada consiste de duas linhas, sendo uma cadeia de caracteres em cada uma. Cada sequência possui comprimento de até 1.000 caracteres.

### Saída

Você deve imprimir o número mínimo de edições entre as duas sequências.

Exemplo de Entrada
tatttaat
tacttct
Exemplo de Saída
3



6

# Exemplo de Entrada

banana

bahamas

## Exemplo de Saída

3