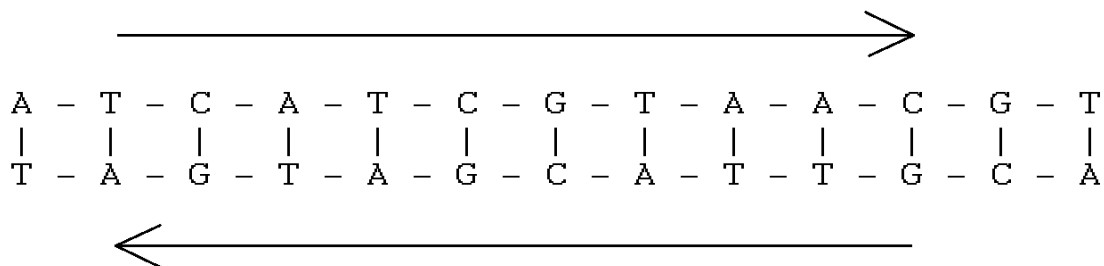


## Secvențiere ADN

În cadrul domeniului bioinformaticii, echipamentele de secvențiere de ADN preiau o probă biologică și produc un fișier text ce conține secvența de ADN detectată. Se cunoaște faptul că o secvență de ADN este reprezentată printr-un lung șir de caractere A, T, C și G, reprezentând nucleotidele Adenină, Timină, Guanină și Citozină. De asemenea, se cunoaște faptul că ADN-ul este format din două secvențe în oglindă, precum se vede în imaginea de mai jos, unde o nucleotidă A se leagă întotdeauna cu o nucleotidă T, iar o nucleotidă C cu una G, și invers. În plus, a doua secvență este citită întotdeauna de echipamentul de secvențiere în sens invers decât prima (de la sfârșit la început).



## Cerință

Dându-se un șir de ADN primit de la un echipament de secvențiere ce reprezintă concatenarea ambelor secvențe **în ordinea săgeții din imagine**, să se determine dacă citirea e corectă (dacă aparține unei perechi de secvențe de ADN valide).

## Date de intrare

Se va citi de la tastatură (fluxul *stdin*), de pe prima linie, un șir S de majuscule format exclusiv din caracterele A, T, C și G, reprezentând șirul dat de aparat – concatenarea celor două secvențe. Linia este finalizată cu caracterul *newline* (tasta *Enter*).

## Date de ieșire

Programul va afișa pe ecran (*stream*-ul standard de ieșire) un singur număr natural care va fi 0 dacă șirul este valid, sau primul index din prima secvență care nu se potrivește cu cea de-a doua secvență.

**ATENȚIE la respectarea cerinței problemei: afișarea rezultatelor trebuie făcută EXACT în modul în care a fost indicat! Cu alte cuvinte, pe stream-ul standard de ieșire nu se va afișa nimic în plus față de cerința problemei; ca urmare a evaluării automate, orice caracter suplimentar afișat, sau o afișare diferită de cea indicată, duc la un rezultat eronat și prin urmare la obținerea calificativului „Respins”.**

## Restricții și precizări

1.  $1024 \geq \text{Lungime}(S) \geq 2$ ,
2.  $\text{Lungime}(S)$  este un număr par.
3. Numărătoarea indecșilor începe de la 1 (poziția primului caracter din secvență este 1).
4. **Atenție:** În funcție de limbajul de programare ales, fișierul ce conține codul trebuie să aibă una din extensiile .c, .cpp, .java, sau .m. Editorul web **nu va adăuga automat** aceste extensii și lipsa lor duce la imposibilitatea de compilare a programului!
5. **Atenție:** Fișierul sursă trebuie numit de candidat sub forma: <nume>.<ext> unde nume este numele de familie al candidatului și extensia este cea aleasă conform punctului anterior. Atenție la restricțiile impuse de limbajul Java legate de numele clasei și numele fișierului!

## Exemplu

Intrare	Ieșire
ATCATCGTAACGTACGTTACGATGAT	0
<b>Explicație</b> La jumătatea șirului, acesta se "îndoaie" și a doua jumătate se așează sub prima: ATCATCGTAACGT TAGTAGCATTGCA Pentru că toate nucleotidele se potrivesc (A – T, C – G), șirul este valid și deci se afișează 0.	
Intrare	Ieșire
ATCATCGTAACGTACGTTACGAAGAT	4
<b>Explicație</b> La jumătatea șirului, acesta se "îndoaie" și a doua jumătate se așează sub prima: ATCATCGTAACGT TAGAAGCATTGCA Se observă că există o neconcordanță pe poziția 4 din prima secvență, deci se va afișa 4.	

**Timp de lucru: 120 de minute**