

Genética Comparativa

Tiempo límite: 1.0 segundo

Descripción

En el laboratorio de bioinformática “Jurassic Code”, los científicos han recuperado fragmentos de ADN de especies extintas. Para clasificar estas especies, necesitan compararlas con animales actuales.

La similitud entre dos cadenas de ADN se mide calculando cuántas mutaciones básicas las separan. Las mutaciones posibles son:

1. **Inserción** de una base nucleótida (A, C, G, T).
2. **Eliminación** de una base.
3. **Sustitución** de una base por otra distinta.

Todas las mutaciones tienen el mismo coste (1 punto). Ayuda a los científicos a calcular la “distancia genética” mínima entre dos secuencias.

Entrada

La entrada consta de varios casos de prueba. Cada caso contiene dos líneas. La primera línea es la secuencia de ADN antigua y la segunda es la secuencia actual. Ambas están formadas exclusivamente por las letras 'A', 'C', 'G', 'T' y tienen una longitud máxima de 2.000 caracteres.

Salida

Para cada caso, imprime un entero indicando el número mínimo de mutaciones necesarias para transformar la primera secuencia en la segunda.

Ejemplo de Entrada

```
AGCT
ACGT
AACC GGTT
ACGT
```

Ejemplo de Salida

2
4