## PHÂN LOẠI

Ông John sở hữu n con bò đen và n con bò trắng và ông ta tin rằng màu của mỗi con bò được quyết định bởi một vị trí nào đó trong bộ gen của bò. Ông ta đã lập bản đồ gen từ DNA của cả 2n con bò, mỗi con bò có bộ gen là một chuỗi m ký tự  $\in \{A,C,G,T\}$  đánh số từ 0 tới m-1. Mỗi ký tự tượng trưng cho một đa phân tử hữu cơ gọi là đơn phân (nucleotide).

Chẳng hạn với n = 3, m = 8

```
Vị trí: 0 1 2 3 4 5 6 7

Den 1: A A T C C C A T
Den 2: A C T T G C A A
Den 3: G G T C G C A A

Trắng 1: A C T C C C A G
Trắng 2: A C T C G C A T
Trắng 3: A C T C C A T
```

Ta gọi một dãy vị trí **liên tiếp** từ i tới j ( $0 \le i \le j < m$ ) là một dãy vị trí phân loại nếu không tồn tại một con bò đen và một con bò trắng nào có cùng nucleotide ở tất cả các vị trí từ i ... j. Như ví dụ trên thì dãy vị trí từ 1 tới 4 là một dãy vị trí phân loại, nhưng dãy vị trí từ 3 tới 6 thì không phải dãy vị trí phân loại vì con bò đen 3 và con bò trắng 2 có cùng 4 nucleotides ở các vị trí đó.

Yêu cầu: Tìm dãy vị trí phân loại có độ dài nhỏ nhất

Dữ liệu: Vào từ file văn bản GENOME.INP

- Dòng 1 chứa hai số nguyên dương  $n \le 500$ ;  $m \le 500$
- $\bullet$  n dòng tiếp theo, mỗi dòng chứa m ký tư  $\in \{A, C, G, T\}$  ứng với bộ gen của một con bò đen
- $\bullet$  n dòng tiếp theo, mỗi dòng chứa m ký tự  $\in \{A, C, G, T\}$  ứng với bộ gen của một con bò trắng

**Kết quả:** Ghi ra file văn bản GENOME.OUT một số nguyên duy nhất là độ dài dãy vị trí phân loại tìm được **Ví dụ** 

GENOME.INP	GENOME.OUT
3 8	4
AATCCCAT	
ACTTGCAA	
GGTCGCAA	
ACTCCCAG	
ACTCGCAT	
ACTTCCAT	