

Problema B

Maiores subsequências contíguas comuns entre dois ramos de ADN

Problema

Um ramo de ADN é uma sequência finita de nucleotídeos adenina (A), citosina (C), guanina (G) e timina (T).

Vimos que é possível determinar um grau de parecência entre dois ramos de ADN baseado na medição de uma distância de edição.

Outra é a presença de segmentos contíguos de ADN iguais em ambos os ramos, em particular os maiores.

Consideremos os dois ramos seguinte: *CATTGACAG* e *AGCATATTGG*. O maior segmento, porventura único aqui, é *ATTG* de comprimento 4.

O objectivo deste exercício é, dados dois ramos de ADN, calcular o tamanho do(s) maior(es) sub-segmento(s) contíguo(s) de ADN, de forma eficiente, claro.

Input

A entrada consiste em duas linhas. Cada linha contém a string que define um ramos de ADN (exclusivamente constituída dos caracteres 'A', 'C', 'G' e 'T')

Output

A saída é organizada numa só linha onde consta o inteiro que é a distância de edição

Limites

Cada ramo de ADN tem um comprimento positivo não nulo.

O comprimento de cada ramo é no máximo 5 000.

Sample Input 1

```
ATTGCAG  
CTAGG
```

Sample Output 1

```
2
```