

ԳՈՄԵԼ, ԲԱՂԱԲԱՅԻՆ_2011_2-20

Совсем недавно ученым НИИ “Цитологии и генетики” в рамках разработки нового противовирусного препарата удалось сделать выдающиеся открытие – расшифровать ДНК бактерий. Однако для завершения работы над препаратом этого оказалось мало. Ученым, для того чтобы закончить исследование, понадобился механизм определения степени родства бактерий.

Как известно большинство молекул ДНК можно представить в виде некоторой последовательности символов ‘A’, ‘G’, ‘T’ и ‘C’, называемой линейным геномом. Степень родства двух бактерий определяется схожестью их линейных геномов. Степень родства двух линейных геномов, в свою очередь, равна количеству одинаковых символов стоящих на одинаковых позициях в соответствующих последовательностях.

Ваша задача – для заданных геномов A и B определить их степень родства.

Входные данные.

Первая строка содержит одно целое число N ($2 \leq N \leq 100$) – длина геномов A и B.

Вторая строка описывает геном A строковой величиной состоящей из N латинских символов ‘A’, ‘G’, ‘T’ и ‘C’.

Третья строка описывает геном B строковой величиной состоящей из N латинских символов ‘A’, ‘G’, ‘T’ и ‘C’.

Выходные данные.

Вывод содержит одно целое число – степень родства двух заданных геномов A и B.

Пример.

N	stdin	stdout
1	3 TAA TTA	2