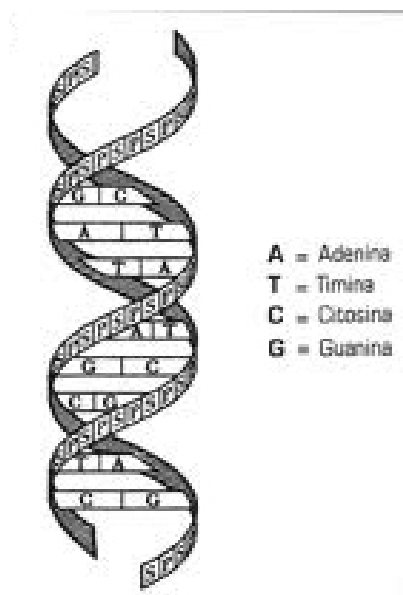


Encontrando mutaciones

Contribución de Alejandro Deymonnaz

Descripción del problema

El ADN guarda la información genética de un individuo, en cada una de las células. Puede verse como una secuencia de **bases** que se representan con una de cuatro letras: **A, T, C, G**. De esta forma, una **cadena de ADN** se traduce en una secuencia de caracteres.



Con frecuencia estas cadenas sufren mutaciones, pudiendo estas agregar una base, quitar una base o reemplazar una base de la cadena por otra.

Debes escribir un programa **adn.cpp**, **adn.c** o **adn.pas**, que dadas dos cadenas de ADN de largo **N** y **M**, determine la menor cantidad de mutaciones que pudo haber sufrido la primera cadena para convertirse en la segunda cadena. Si este número fuera mayor que **K**, presumiblemente no hubo una mutación de una a la otra y en esos casos se debe escribir "Muy distintas."

Datos de entrada

Se recibe un archivo **adn.in** con el siguiente formato:

- Primero una línea con los números **N, M** y **K** ($1 \leq N, M \leq 200.000$; $K \leq 10$)
- Una línea con el la primera secuencia de ADN de largo **N** (letras A, C, G o T).
- Una línea con el la segunda secuencia de ADN de largo **M** (letras A, C, G o T).

Datos de salida

Se debe generar un archivo **adn.out** que contendrá una línea con el menor cantidad de mutaciones necesarias para transformar la primer cadena en la segunda, o la frase "Muy distintas."

Ejemplo

Si la entrada **adn.in** fuera:

```
15 14 4
ATTCGCCCATACGCT
ATTCGGGCATACGT
```

La salida **adn.out** debe ser:

```
3
```