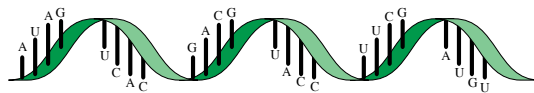


Alineamiento de secuencias

Hoy es un día especial en el Hospital Universitario Dolores Fuertes, ¡por fin han llegado esos tan ansiados rastreadores que pidieron hace tres años! Es cierto que se han retrasado un poco, pero su ayuda será providencial en esta epidemia actual de gripe y coronavirus. En la nevera del laboratorio se guardan muestras de referencia de diversas variantes de ambos virus y será su misión compararlas con muestras de los pacientes actuales para conocer el origen de su infección e intentar predecir cómo se comportará su enfermedad. El primer paso es secuenciar el material genético del virus aislado en cada muestra para así obtener una cadena de bases nitrogenadas como *ATGCC* o *TACGCA* donde cada carácter es una base (*A*, *C*, *G* o *T*). A continuación, se compara la secuencia obtenida para cada paciente con todas las muestras de referencia, obteniendo distancias a cada una de ellas, que se calculan alineando ambas secuencias de la mejor forma posible. Por ejemplo, un alineamiento de las secuencias anteriores es



A	T	G	C	—	C	—
—	T	A	C	G	C	A

En todos ellos, las bases de cada secuencia han de aparecer en orden, cada columna ha de contener un carácter de al menos una de las cadenas y los huecos restantes se marcan con un guion. La bondad del alineamiento se cuantifica sumando la puntuación de cada columna de símbolos emparejados según una matriz cuadrada de sustitución S de tamaño 5×5 donde las columnas y filas aparecen en el orden $ACGT-$. La puntuación total del ejemplo anterior sería $S[A, -] + S[T, T] + S[G, A] + S[C, C] + S[-, G] + S[C, C] + S[-, A]$.

Escribe un programa que dada una matriz de sustitución y dos cadenas, no necesariamente de la misma longitud, calcule la puntuación máxima que se puede obtener alineando ambas cadenas.

Entrada

La entrada estará compuesta por diversos casos de prueba en la cantidad indicada en la primera línea. Cada caso de prueba consiste en una matriz de sustitución (5 líneas de 5 números cada una, entre -50.000 y 50.000) y uno o más pares de cadenas de código genético (de hasta 10.000 caracteres *A*, *C*, *G* o *T*). La línea inmediatamente siguiente a la matriz indica el número de pares de cadenas, que aparecen a continuación cada una en una línea.

Salida

Para cada par de secuencias genéticas se escribirá una línea con la puntuación máxima de un emparejamiento entre las dos cadenas recibidas.

Entrada de ejemplo

```
1
2 -2 1 1 -1
-2 12 -3 -2 -1
1 -3 5 0 -1
1 -2 0 3 -1
-1 -1 -1 -1 -1
2
ATGCC
TACGCA
CGGATA
TTAG
```

Salida de ejemplo

25
2