

Delfine

Lea hat kürzlich ein Buch gelesen, in dem es neben anderen spannenden Themen um die Entstehung der Erde ging. In dieser wissenschaftlich fundierten Lektüre wurde erklärt, dass die Erde eine von Mäusen angeordnete Konstruktion ist. Mehr noch, es wurde angegeben, dass Delfine nach den Mäusen die zweitintelligenteste Spezies auf Erden seien. Das ließ Lea stutzen: Ist es möglich, dass Menschen schlicht nur einen dritten Platz auf der Intelligenzskala erreichen? Es gibt nur einen Weg, das zu überprüfen!

Lea möchte sicher gehen, dass Menschen Delfinen überlegen sind, indem sie die menschliche DNS mit der DNS von Mäusen vergleicht. Sollte sie feststellen, dass diese eng verwandt sind, so ist die Sache klar: Menschen müssen intelligenter als Delfine sein!

Der DNS-Vergleich wird mit einem Punktesystem durchgeführt: Lea hat einige DNS-Sequenzen von Menschen und einige von Mäusen gesammelt. Dies sind Zeichenketten, die aus den Buchstaben A, C, T und G bestehen. Zwei Sequenzen gleicher Länge werden mithilfe einer 4×4 -Punktetabelle bewertet, deren Zeilen und Spalten mit A, C, T und G beschriftet sind. Der Eintrag in Zeile A und Spalte T heißt dann $Punkte(A, T)$. Zur Bewertung werden die Punkte des ersten Buchstaben beider Sequenzen, des zweiten, und so weiter, alle zusammengerechnet. Zum Beispiel würden die Sequenzen ATA und CGT auf diese Weise $Punkte(A, C) + Punkte(T, G) + Punkte(A, T)$ Punkten erhalten.

Die Punktetabelle muss folgende Eigenschaft haben:

- Alle Einträge müssen Ganzzahlen zwischen (einschließlich) -10 und 10 sein.
- Sie muss symmetrisch sein (d.h. $Punkte(x, y) = Punkte(y, x)$ für alle $x, y \in \{A, C, T, G\}$).
- Diagonaleinträge dürfen nicht negativ sein (d.h. $Punkte(x, x) \geq 0$ für alle $x \in \{A, C, T, G\}$).
- Die Summe aller 16 Einträge muss 0 sein.

Natürlich möchte Lea eine Tabelle wählen, die die Summe aller Punktezahlen maximiert, die sie erhält, wenn sie menschliche mit mäusischer DNS vergleicht. Kannst Du die Maximalpunktzahl berechnen, die sie so erhalten kann?

Eingabe

Die erste Zeile der Eingabe enthält eine Ganzzahl t . Darauf folgen, jeweils durch eine Leerzeile getrennt, t Testfälle.

Die erste Zeile jedes Testfalls enthält zwei Ganzzahlen n und m , nämlich die Anzahlen an menschlichen und mäusischen DNS-Strängen. In den nächsten n Zeilen folgt jeweils eine menschliche DNS-Sequenz. Darauf folgen m Zeilen mit DNS-Sequenzen von Mäusen.

Aufgabe

Gib für jeden Testfall eine Zeile der Form "Case # i : x " aus, wobei i mit 1 beginnend die Nummer des Testfalls und x die maximal erreichbare Punktzahl ist. Jede Zeile der Ausgabe soll mit einem Zeilenumbruch enden.

Beschränkungen

- $1 \leq t \leq 20$
- $1 \leq m, n \leq 200$
- Eine DNS-Sequenz besteht aus insgesamt bis zu 100 Buchstaben A, C, T oder G .
- Alle Sequenzen eines Testfalls haben die gleiche Länge.

Sample Input 1

2
1 1
ACAC
ATGC

2 2
AAA
CTG
TCC
GGT

Sample Output 1

Case #1: 40
Case #2: 0

Sample Input 2

5
3 3
ACACACTGGTCTATACTTCG
ACTCGCTGAAGTTAATTACC
ACTGTGCGTCCAAGGGTAAT
ATCGGACAGATCACGCCCT
ATGGTGATATTCAATGCTGT
CATATCGTACTAGGGTAAAG

2 5
CTATTTAGTT
AAACTGTAAT
GATTGATTG
CTAGAGACCA
ATTGCTCCCG
GAGTACTAAA
TGCCGTTCTT

3 2
GGACGCG
ATTCGAT
ATAGCGA
TCACCCG
CCCACAG

4 5
TACG
GGAG
ACCC
GTCA
GCAC
GCGG
GAAG
GGTA
ATCT

3 2
CGTATGTCCCGCGA
GCAAGTGCGCTTTG
CAGGTTGGGGTCAA
GGTAAGGGGAAAAC
ATAAGCTTGCTCTC

Sample Output 2

Case #1: 330
Case #2: 370
Case #3: 150
Case #4: 240
Case #5: 150

Dolphins

Recently Lea read a book about, among other things, the creation of the earth. In this scientifically accurate work it was detailed that the earth was a construction ordered by mice. Even more, it was said that dolphins are the second most intelligent species on earth, after the mice. This left Lea baffled: could it really be that humans are a mere third on the intelligence scale? Only one way to find out!

Lea wants to make sure that humans are superior to dolphins by comparing their DNA to the DNA of mice. Should she find out that they are closely related, it is clear that humans must be more intelligent than dolphins.

Comparing DNA is done by scoring: Lea has some DNA sequences from humans and some from mice. A sequence is a string consisting only of the letters A, C, T and G . Two equal length sequences are scored with a 4×4 scoring matrix whose rows and columns are labelled with A, C, T and G . An entry in row A and column T is then called $score(A, T)$. The sequences are scored by computing the score of the first letters of each sequence, the second letters, and so on, and summing up the result. For example, the sequences ATA and CGT would be scored as $score(A, C) + score(T, G) + score(A, T)$.

The matrix must have the following properties:

- All entries must be integers between -10 and 10, inclusively.
- It must be symmetric ($score(x, y) = score(y, x)$ for all $x, y \in \{A, C, T, G\}$).
- Diagonal entries must be non-negative ($score(x, x) \geq 0$ for all $x \in \{A, C, T, G\}$).
- The sum of all 16 entries must be 0.

Of course Lea wants to choose the matrix such that the sum of the scores she gets when comparing every human DNA sequence to every mouse DNA sequence is maximal. Can you compute the maximal score that she can achieve?

Input

The first line of the input contains an integer t . t test cases follow, each of them separated by a blank line.

The first line of each test case contains two integers n m , the number of human and mouse DNA sequences. The next n lines contain one human DNA sequence each. The last m lines contain a mouse DNA sequence each.

Output

For each test case, print a line containing “Case # i : x ” where i is its number, starting at 1, and x is the maximal score that can be reached. Each line of the output should end with a line break.

Constraints

- $1 \leq t \leq 20$
- $1 \leq m, n \leq 200$
- A sequence consists of at most 100 letters of A, C, T and G .
- For each test case, all sequences have equal length.

Sample Input 1

2
1 1
ACAC
ATGC

2 2
AAA
CTG
TCC
GGT

Sample Output 1

Case #1: 40
Case #2: 0

Sample Input 2

5
3 3
ACACACTGGTCTATACTTCG
ACTCGCTGAAGTTAATTACC
ACTGTGCGTCCAAGGGTAAT
ATCGGACAGATCACGCCCT
ATGGTGATATTCAATGCTGT
CATATCGTACTAGGGTAAAG

2 5
CTATTTAGTT
AAACTGTAAT
GATTGATTG
CTAGAGACCA
ATTGCTCCCG
GAGTACTAAA
TGCCGTTCTT

3 2
GGACGCG
ATTCGAT
ATAGCGA
TCACCCG
CCCACAG

4 5
TACG
GGAG
ACCC
GTCA
GCAC
GCGG
GAAG
GGTA
ATCT

3 2
CGTATGTCCCGCGA
GCAAGTGCGCTTTG
CAGGTTGGGGTCAA
GGTAAGGGGAAAAC
ATAAGCTTGCTCTC

Sample Output 2

Case #1: 330
Case #2: 370
Case #3: 150
Case #4: 240
Case #5: 150