

## Problema C

### Comprendiendo el código

Los laboratorios de todo el mundo están intentando secuenciar el código genético (*ADN*) del virus que se está propagando a una velocidad alarmante. Normalmente el código se compone de dos cadenas principales largas unidas por pares formados por cuatro bases nitrogenadas: adenina (*A*), uracilo (*U*), guanina (*G*) y citosina (*C*); pero en este caso tanto las cadenas como las uniones del virus están codificadas usando todas las letras mayúsculas del alfabeto inglés, un total de 26 bases.

La información que quieren leer los científicos está en los pares que unen las dos cadenas principales, necesitan leerlos todos para procesar el (*ADN*) con éxito. Pero el proceso que tienen que seguir los científicos no es sencillo. Solamente pueden empezar por alguno de los extremos de las cadenas principales en el lado izquierdo e ir transitando a un elemento adyacente. La lectura termina cuando hayan leído todos los pares que unen las cadenas principales (además de los trozos de las cadenas que han tenido que usar para transitar) y llegado a otro extremo abierto de una de las cadenas en el lado derecho. Solamente pueden empezar el proceso una vez así que deben tener cuidado para recorrer toda la cadena en un solo trazo.

Ahora sí, esta técnica tiene dos problemas. Por un lado el tiempo de la lectura depende del tipo de elementos entre las que se transita. Se puede calcular como la *distancia* entre las letras que representan cada elemento de la doble hélice. Por ejemplo, la distancia entre la *A* y la *Z* es 25, entre la *C* y la *A* es 2 y entre la *R* y la *R* es 0. Por otro lado, la lectura es destructiva, es decir, al leer un elemento no se puede volver a él.

### Input

La entrada comenzará con una línea indicando  $L$ , la longitud de la doble hélice.

A continuación vendrán 4 líneas de longitud  $L$ . La primera y la última estarán compuestas solamente por letras de la *A* a la *Z* y representan las cadenas principales; mientras que las dos líneas centrales incluirán espacios en blanco y representan los pares que unen dichas cadenas.

**Nota 1 :** Las líneas centrales tendrán espacios por el final hasta alcanzar la longitud indicada y seguirán el mismo patrón que la entrada de ejemplo.

**Nota 2 :** Se asegura que la longitud de la doble hélice siempre se podrá representar como  $3 + 2n$  con  $0 \leq n$ .

La entrada debe ser leída de forma estándar.

### Output

Se debe imprimir el tiempo mínimo necesario para procesar el ADN de la entrada.

La salida debe ser escrita de forma estándar

Entrada ejemplo	Salida ejemplo
5 ABCDD C A D D ZACAA	19

Entrada ejemplo	Salida ejemplo
7 CACABDB C C A D B B BBCBDDD	21

## Constraints

- $3 \leq L \leq 200003$