

5 Wyszukiwanie wzorca

Jak wiadomo, poszczególne trójki nukleotydów tworzą tzw. kodony, które kodują kolejne aminokwasy łańcucha peptydowego. Kodowanie jest redundantne, tzn. każdy aminokwas może być kodowany przez więcej niż jeden kodon. Zadanie polega na znalezieniu najdłuższej, powtarzającej się sekwencji aminokwasów, kiedy znany jest łańcuch kodujących je nukleotydów.

Wejście

W pierwszym wierszu wejścia znajduje się liczba przypadków testowych T ($1 \leq T \leq 100$). Opis każdego przypadku testowego wygląda następująco. Pierwszy wiersz zawiera liczbę aminokwasów, które mogą zostać zakodowane k ($1 \leq k \leq 10$). Kolejne k wierszy zawiera sposoby kodowania poszczególnych aminokwasów w takiej formie, że najpierw znajduje się pojedyncza litera będąca skrótem aminokwasu, a następnie pewna liczba (co najmniej jedna, ale nie więcej niż 6) trójek nukleotydowych. Ostatni wiersz dla przypadku testowego zawiera kodujący łańcuch nukleotydowy o długości nie większej niż 10000 znaków. Wszystkie znaki są wielkimi literami alfabetu angielskiego, a poszczególne elementy w wierszach rozdzielone są białymi znakami.

Wyjście

Każdy wiersz wyjścia powinien odpowiadać jednemu przypadkowi testowemu, w kolejności takiej, w jakiej znajdują się one w pliku wejściowym. Powinien on zawierać łańcuch odpowiadający najdłuższemu powtarzającemu się łańcuchowi aminokwasów. Jeśli takiego nie ma, na wyjście powinno być wyprowadzone słowo "brak".

Przykład

Dla danych wejściowych	Plik wyjściowy powinien zawierać
2	CGC
2	brak
C TGT TGC	
G CAA CAG	
TGCCAGTGTGCTGTCAATGCCAG	
4	
C TGT TGC	
G CAA CAG	
H CAT CAC	
M ATG	
CACCAGTGCATG	