

Drugs

Amino acid là các thành phần cơ bản của các tế bào sống. Có 20 loại amino acid được ký hiệu bởi các ký tự hoa sau: A, C, D, E, F, G, H, I, K, L, M, N, P, Q, R, S, T, V, W, và Y. Một protein là một chuỗi các amino acid.

Chúng ta đều biết virus là nguyên nhân của rất nhiều loại bệnh. Một virus được mô tả bởi một protein. Gần đây, các nhà khoa học đã phát minh ra M-drug, một loại thuốc mới có khả năng diệt virus và có độ hiệu quả kinh ngạc. Một M-drug cũng được mô tả bởi một protein.

Một M-drug mô tả bởi protein D , có thể tiêu diệt k amino acid của protein V mô tả một loại virus nếu tồn tại 2 dãy số $(x_1 < x_2 < \dots < x_k)$ và $(y_1 < y_2 < \dots < y_k)$ thỏa mãn điều kiện $D(x_i) = V(y_i)$ với $i = 1 \dots k$. Độ hiệu quả của M-drug với 1 loại virus được định nghĩa là số lượng tối đa các amino acids trong protein của virus mà M-drug có thể tiêu diệt.

Cho trước protein của một virus và các protein của n loại M-drug khác nhau, nhiệm vụ của bạn là viết một chương trình tính giá trị lớn nhất của độ hiệu quả của tất cả các M-drug với virus này.

Dữ liệu vào: drugs.inp

Dòng đầu tiên chứa số nguyên n ($1 \leq n \leq 200$) là số lượng M-drug. Dòng tiếp theo chứa một xâu với độ dài không quá 10000 ký tự là protein của virus. Dòng thứ i của n dòng tiếp theo chứa một xâu với độ dài không quá 500 ký tự là protein của M-drug thứ i .

Dữ liệu ra: drugs.out

Với mỗi bộ dữ liệu, ghi trên một dòng giá trị lớn nhất của độ hiệu quả của tất cả M-drug với virus được cho.

drugs.inp	drugs.out
5 ENRPPNVPES TEV LNRC HKVR FWW PWP	2