**DNA序列密码问题**

🞳问题描述：

一些生物的复杂结构可以用其DNA序列来表示。而DNA序列又可表示为带有标记的核苷酸字符串。 最近，福州大学信息学院生物信息学研究小组的一项工作表明，大多数蛋白质序列可以从核苷酸数据库记录中推导出来。研究小组的科学家们用密码学方法将DNA序列变换为2维Cray码后发现，任一DNA的Cray码序列S具有如下性质：

1. 列S：（x1，y1），（x2，y2），…，（xn，yn）是一个有限序列；
2. 列S中各项（xi，yi）均落在一个网格边长为1的300×3000平面网格N的网格点上；

3．序列S中各项最多分布在网格N的3行中。

科学家们发现，若将序列S的每一项都看作平面上一个点，从序列的任意一点出发，连接序列中每个点恰好一次，又回到出发点的最短平面回路T的长度与该序列表示的DNA密码密切相关。为了有效地破译 DNA 密码，科学家们希望设计出一个高效的计算程序，能对给定DNA的Cray码序列S，快速计算出其最短回路T的长度。

🞳编程任务：

对于给定的DNA的Cray码序列S，计算出其最短回路T的长度。

🞳数据输入：

Cray码序列S依其在网格N中的位置分为3行：

(a1,ya),(a2,ya),…,(ana,ya);

(b1,yb),(b2,yb),…,(bnb,yb);

(c1,yc),(c2,yc),…,(cnc,yc)。

其中0≤ ya < yb < yc ≤300分别是3行的纵坐标。0≤ na，nb，nc ≤1300；分别是各行中的点数。各行中点依其横坐标从小到大排列。0 ≤ a1 < a2 < … < ana ≤ 3000;

0 ≤ b1 < b2 < … < bnb ≤ 3000；0 ≤ c1 < c2 < …< cnc≤3000.

输入数据由文件名为INPUT3.\*的文本文件提供。

●第1行中的3个整数为na，nb和nc；

●第2行中的3个整数为ya，yb和yc；

●接下来的na行中每行一个整数，依次为a1，a2，…，ana；

●再接下来的nb行中每行一个整数，依次为b1，b2，…，bnb；

●最后的nc行中每一个整数，依次为c1，c2，…，cnc。

🞳结果输出

程序运行结束时，在屏幕上输出所找到的序列S的最短回路T的长度值，精确到小数点后2位。

**输入示例**

2 1 2

1 2 3

5

7

6

5

7

**输出示例**

8.83

