

9006L(5-77): SQRFR-7

Совсем недавно ученым НИИ “Цитологии и генетики” в рамках разработки нового противовирусного препарата удалось сделать выдающиеся открытие – расшифровать ДНК бактерий. Однако для завершения работы над препаратом этого оказалось мало. Ученым, для того чтобы закончить исследование, понадобился механизм определения степени родства бактерий.

Как известно большинство молекул ДНК можно представить в виде некоторой последовательности символов ‘A’, ‘G’, ‘T’ и ‘C’, называемой линейным геномом. Степень родства двух бактерий определяется схожестью их линейных геномов. Степень родства двух линейных геномов, в свою очередь, равна количеству одинаковых символов стоящих на одинаковых позициях в соответствующих последовательностях.

Ученые выяснили, что геном бактерии не является линейным, а имеет замкнутый вид, то есть последовательность символов замкнута в кольцо. Следовательно, если $S = s_1s_2s_3...s_n$ – геном бактерии, то $S_1 = S = s_1s_2s_3...s_n$, $S_2 = s_2s_3...s_ns_1$, ..., $S_n = s_ns_1...s_{n-2}s_{n-1}$ также являются геномами данной бактерии, причем S_x – линейный геном, называемый модификацией данного замкнутого генома. Ученым удалось доказать, что степень родства двух бактерий, имеющих замкнутые геномы A и B, определяется как максимальное значение степени родства из всех их модификаций A_x и B_y . Ваша задача – для заданных геномов A и B определить их степень родства.

Входные данные.

Первая строка содержит одно целое число N ($2 \leq N \leq 100$) – длина геномов A и B.

Вторая строка описывает геном A строковой величиной состоящей из N латинских символов ‘A’, ‘G’, ‘T’ и ‘C’.

Третья строка описывает геном B строковой величиной состоящей из N латинских символов ‘A’, ‘G’, ‘T’ и ‘C’.

Выходные данные.

Одно целое число – степень родства двух замкнутых геномов A и B.

Примеры.

N	stdin	stdout
1	2 AG TA	1
2	4 AGTC CTGA	2