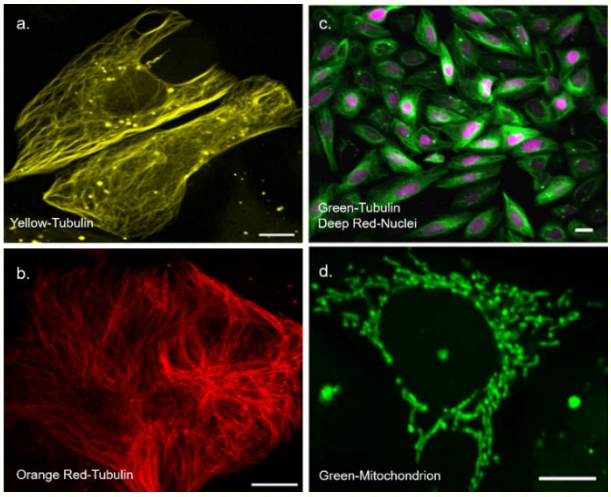
试题1：遗传密码

★ 问题描述

遗传密码匿藏了生命及其历史演化的秘密。一旦破译了生物的遗传密码，就能够利用现代的分子剪刀基因技术，对基因序列进行切割和组装，通过观测和实验来进一步揭示生命的秘密。基因序列是一串使用$\{A,C,G,T\}$中字母表示的携带基因信息的DNA分子的一级结构。



基因序列通常表示为$X=x_1x_2\cdots x_n$，其中，$x_i\in\{A,C,G,T\}$，$1\le i\le n$。基因序列X中的子串$x_i,x_{i+1},\cdots,x_j$，称为基因序列X的(i,j)位段。现代生物实验室中的基因序列切割和组装实验，需要先确定一个目标基因序列S，然后从实验室的基因库中选取若干基因样本。通过对基因样本的切割和组装来获得目标基因序列S。

一般需要2个步骤来完成切割和组装实验。

（1）切割：从基因库中取出一种基因的一个样本$T=t_1t_2\cdots t_n$，将其从位置k处切割开，得到2个基因位段$(1,k)$和$(k+1,n)$，$1\le k\le n$。选取其中一个位段作为下一步组装的材料。当$k=n$时，表示不需切割。基因库中同一种基因可以取出多个样本，所切割的基因位段也可相同，但所切割的每个基因位段在组装时只能使用一次。

（2）组装：用切割阶段选取出的基因位段，按照一定的排列顺序，组装目标基因序列S。

例如，设$S=CACAACACA$。可选的基因序列有：$T_1=CACA$，$T_2=CAA$，$T_3=ACC$。取1个基因样本$T_1=CACA$，从基因样本$T_2=CAA$中切割出$(3,3)$位段A，并从2个基因样本$T_3=ACC$中切割出2个$(1,2)$位段AC，就可以组装成目标基因序列$S=CACAACACA$。

使用不同的基因样本所需的费用一般也不同。在上面的例子中，如果使用基因样本T_1,T_2和T_3所需的费用分别为$3,10,2$时，上述基因组装实验的费用为17。对于同一个目标基因序列S，往往有多种切割和组装方案。其中，所需总费用最少的方案是最佳方案。在上例中，

如果取2个T_1和1个T_3的$(1,1)$位段A来组装，$S=CACAACACA$，则所需费用为8。这是一个最佳组装方案。

遗传密码问题：对于给定的目标基因序列S，以及n种可选的基因序列$T_1,T_2,\cdots,T_n$，相应的基因样本需要的费用为$c_1,c_2,\cdots,c_n$。设计组装出目标基因序列S的最佳方案，使得所需总费用最少。

★ 数据输入

输入文件：gene.in。

文件中有多组测试数据。第1行中有一个正整数k，表示有k组测试数据。

对于每组测试数据：

第1行中有一个字符串S，表示目标基因序列。

第2行中有一个正整数n，表示有n种可选的基因序列。

接下来的n行中，每行有一个字符串T_i和一个正整数c_i，用一个空格隔开，分别表示一种基因序列及其费用。

★ 结果输出

输出文件：gene.out。

对于每组测试数据，每行输出一个组装目标基因序列S所需的最少总费用。如果无法组装出目标基因序列S，则输出-1。

输入示例	输出示例
1 CACAACACA 3 CACA 3 CAA 10 ACC 2	8

★ 数据范围

设目标基因序列长度和为A，所有基因样本长度和为B，基因样本费用最大值为C。

测试数据中10%的数据满足，$A\le 1000$，$B\le 1000$。

测试数据中30%的数据满足，$A\le 10000$，$B\le 10000$。

测试数据中100%的数据满足，$A\le 300000$，$B\le 300000$，$C\le 10^9$。