

Dawno, dawno temu, jeszcze przed pierwszym człowiekiem, Bajtocją rządziły wielkie gady – binozaury. Jako członek jednej z grup naukowców badających te stwory, jesteś związany z projektem próby przywrócenia ich do życia (cóż mogłoby pójść nie tak?).

Z wielu wykopalisk udało Wam się uzyskać n genomów różnych binozaurów. Co ciekawe, wszystkie geny tych stworzeń były jedynie dwóch typów, dlatego można je oznaczać zerami i jedynekami (być może stąd pochodzi nazwa „binozaury”).

Teraz musicie wybrać takie dwa genomy, aby po skrzyżowaniu ich ze sobą nowy binozaur miał jak największe szanse na przeżycie, czyli żeby jego pula genów była jak największa. Inna grupa naukowców odkryła, że genom, który powstanie po skrzyżowaniu genomów a oraz b można przewidzieć jeszcze przed wykonaniem eksperymentu: z obu genomów-rodziców usuwa się najdłuższy wspólny prefiks (początkowy fragment), a następnie się je łączy (w dowolnej kolejności). Dla przykładu, jeżeli $a = 00000$, a $b = 01111$, to najdłuższy wspólny prefiks tych genomów to $p = 0$, zatem genom c , który powstanie w wyniku skrzyżowania to $c = 0000 + 1111 = 00001111$.

Czy potrafisz znaleźć dwa takie genomy, które maksymalizują szansę na przeżycie nowego binozaura – czyli takie, po których skrzyżowaniu genom dziecka będzie jak najdłuższy?

Wejście

Pierwszy wiersz wejścia zawiera liczbę genomów n ($2 \leq n \leq 100\,000$). Kolejne n wierszy zawiera kolejne genomy dostępne z wykopalisk. Możesz założyć, że długość każdego genomu jest z przedziału $[1, 100]$ i składa się on jedynie z cyfr 0 i 1. Genomy na wejściu nie będą się powtarzać.

Wyjście

Należy wypisać maksymalną długość genomu, który można uzyskać ze skrzyżowania dwóch genomów rodziców.

Przykład

Dla danych wejściowych:

```
5
00000
01111
0011
1
11
```

poprawnym wynikiem jest:

```
8
```