

# INŻYNIERIA GENETYCZNA

Dostępna pamięć: 128 MB.

Bajtoccy paleoarcheologowie odkopali niedawno kilka bursztynów, w których zatopione są komary. Po przeanalizowaniu próbek owadów okazało się, że pochodzą one z jury, a więc prawdopodobnie miały styczność z wielkimi gadami, które wówczas dominowały na bajtockich łąkach. To podsunęło genetykom oryginalny pomysł: spróbują odzyskać z krwi komarów materiał genetyczny bajtoraptora.

Genom bajtoraptora, tak jak u wszystkich bajtockich organizmów, jest ciągiem składającym się z pewnej liczby bajtokwasów. Rodzaje bajtokwasów oznaczamy dla uproszczenia liczbami naturalnymi. W genomie występuje redundancja — każdy rodzaj bajtokwasu jest  $k$ -krotnie powtórzony (w szczególności, długość każdego poprawnego genomu jest wielokrotnością  $k$ ). Innymi słowy, jeśli podzielimy genom na bloki składające się z  $k$  kolejnych bajtokwasów, to każdy blok będzie zawierać bajtokwasy tego samego rodzaju.

Genetykom udało się wydzielić z krwi komara podejrzany łańcuch długości  $n$  składający się z bajtokwasów. Niestety łańcuch ten może nie być prawidłowym genomem — naukowcy podejrzewają, że mógł on zostać zanieczyszczony obcymi bajtokwasami. Chcą teraz sprawdzić swoją hipotezę i usunąć z tego ciągu jak najmniej bajtokwasów, tak aby powstał prawidłowy genom. W przypadku wielu równie dobrych możliwości, naukowców interesuje genom, który jest *najwcześniejszy* w porządku leksykograficznym\*. Twoim zadaniem jest pomóc im w dokonaniu przełomowego odkrycia!

## Wejście

W pierwszym wierszu wejścia znajdują się dwie liczby całkowite  $n$  i  $k$  ( $1 \leq n \leq 1\,000\,000$ ,  $2 \leq k \leq 1\,000\,000$ ), oznaczające długość wydzielonego łańcucha bajtokwasów i stopień redundancji poprawnego genomu. W drugim wierszu znajduje się ciąg  $n$  liczb całkowitych  $g_1, \dots, g_n$  ( $1 \leq g_i \leq 1\,000\,000$ ), oznaczających rodzaje kolejnych bajtokwasów w łańcuchu.

## Wyjście

Na wyjście należy wypisać dwa wiersze. Pierwszy z nich powinien zawierać liczbę  $m$  ( $0 \leq m \leq n$ ) oznaczającą długość najdłuższego poprawnego genomu, który może powstać poprzez usunięcie niektórych bajtokwasów z podanego łańcucha.

W drugim wierszu należy wypisać ciąg  $m$  liczb oznaczających rodzaje kolejnych bajtokwasów w poprawnym genomie. Jeśli istnieje wiele rozwiązań, Twój program powinien wypisać najmniejsze leksykograficznie. Jeśli  $m = 0$  (tzn. genetykom nie udało się wydzielić żadnego niepustego poprawnego genomu), to drugi wiersz wyjścia powinien być pusty.

## Przykład

Dla danych wejściowych:

16 3

3 2 3 1 3 1 1 2 4 2 1 1 2 2 2 2

poprawnym wynikiem jest:

9

1 1 1 2 2 2 2 2 2

\*Niech  $l_1$  i  $l_2$  to dwa różne ciągi równej długości, składające się z bajtokwasów. Aby stwierdzić, który z nich jest wcześniejszy w porządku leksykograficznym, należy znaleźć pierwszą pozycję, na której te ciągi się różnią. Wcześniejszy w porządku leksykograficznym jest ten ciąg, który na tej pozycji zawiera bajtokwas oznaczony mniejszą liczbą.