

14 - Быстрое преобразование Фурье

A. Задача для второклассника

2 секунды, 256 мегабайт

Вам даны два числа. Необходимо найти их произведение.

Входные данные

Входные данные состоят из двух строк, на каждой из которых находится целое одно **целое** число, длина которого не превосходит двухсот пятидесяти тысяч символов.

Выходные данные

Выведите произведение данных чисел.

входные данные
2
2
выходные данные
4

входные данные
1
-1
выходные данные
-1

B. Дуэль

2 секунды, 256 мегабайт

Двое дуэлянтов решили выбрать в качестве места проведения поединка тёмную аллею. Вдоль этой аллеи растёт  $n$  деревьев и кустов. Расстояние между соседними объектами равно одному метру. Дуэль решили проводить по следующим правилам. Некоторое дерево выбирается в качестве стартовой точки. Затем два дерева, находящихся на одинаковом расстоянии от исходного, отмечаются как места для стрельбы. Дуэлянты начинают движение от стартовой точки в противоположных направлениях. Когда соперники достигают отмеченных деревьев, они разворачиваются и начинают стрелять друг в друга.

Дана схема расположения деревьев вдоль аллеи. Требуется определить количество способов выбрать стартовую точку и места для стрельбы согласно правилам дуэли.

Входные данные

Во входном файле содержится одна строка, состоящая из символов '0' и '1' — схема аллеи. Деревья обозначаются символом '1', кусты — символом '0'. Длина строки не превосходит 100000 символов.

Выходные данные

Выведите количество способов выбрать стартовую точку и места для стрельбы согласно правилам дуэли.

входные данные
101010101
выходные данные
4

входные данные
101001
выходные данные
0

В первом примере возможны следующие конфигурации дуэли (стартовое дерево и деревья для стрельбы выделены жирным шрифтом): 101010101, 101010101, 101010101 и 101010101.

C. ДНК Роботов

2 секунды, 256 мегабайт

Последние достижения в технологии синтеза ДНК позволили провести эксперимент по созданию биороботов.

Для облегчения задачи создания ПО для управления роботами было принято решение, что их ДНК будет состоять из  $M = 2^n$  символов для некоторого  $n \geq 2$ . Кроме этого, по техническим причинам это будет не обычная строка, а циклическая, то есть её можно начинать читать с любой позиции.

Одной из целей эксперимента является изучение мутаций биороботов. В результате продолжительных наблюдений было найдено много различных видов роботов. Для понимания процесса мутации учёным необходимо решить следующую задачу. Для ДНК двух роботов требуется определить коэффициент их похожести. Он вычисляется, как максимальное количество совпадающих символов при наилучшем совмещении этих ДНК. Чем больше символов совпадает, тем лучше совмещение.

Требуется написать программу, которая найдёт наилучшее совмещение двух ДНК.

Входные данные

В первой строке входного файла записано одно число  $M(4 \leq M \leq 131072)$ . В следующих двух строках записаны ДНК двух роботов. Обе ДНК — строки, состоящие ровно из  $M$  символов из множества {'A', 'C', 'G', 'T'}.

Выходные данные

В выходной файл выведите два числа — максимальное количество совпадающих символов и значение оптимального сдвига — неотрицательное количество символов второй ДНК, которые необходимо перенести из конца строки в её начало для достижения наилучшего совмещения.

входные данные
16 ACGTACGTACGTACGT CGTACGTACGTACGTC
выходные данные
15 1

D. Нечёткий поиск

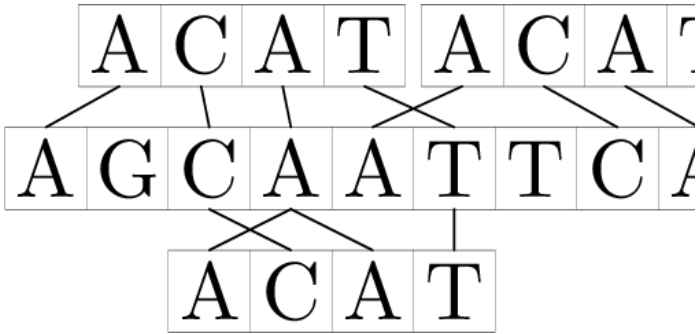
3 секунды, 256 мегабайт

Леонид работает в молодом и перспективном стартапе, занимающемся расшифровкой генома человека. По долгу службы, ему приходится решать сложные задачи нахождения определённых паттернов в длинных строках, состоящих из букв 'A', 'T', 'G' и 'C'.

Рассмотрим следующую ситуацию. Имеется фрагмент цепочки ДНК человека, записанный в виде строки  $S$ . Для анализа фрагмента требуется найти все вхождения строки  $T$  в строку  $S$ . Однако, дело осложняется тем, что в исходном фрагменте цепочки могли присутствовать незначительные мутации, которые, тем не менее, усложняют задачу поиска фрагмента. Леонид предложил следующий подход решения этой проблемы.

Зафиксируем целое число  $k \geq 0$  — степень погрешности. Будем говорить, что строка  $T$  имеет вхождение в строку  $S$  на позиции  $i$  ( $1 \leq i \leq |S| - |T| + 1$ ), если после прикладывания строки  $T$  в этой позиции, каждому символу строки  $T$  соответствует такой же символ в строке  $S$  на расстоянии не более  $k$ . Более формально, для любого  $j$  ( $1 \leq j \leq |T|$ ) должен существовать такой  $p$  ( $1 \leq p \leq |S|$ ), что  $|i + j - 1 - p| \leq k$  и  $S[p] = T[j]$ .

Например, в соответствии с данным определением, строка "ACAT" входит в строку "AGCAATTCAAT" в позициях 2, 3 и 6.



Обратите внимание, что при  $k = 0$  данное определение превращается в обычное определения вхождения строки в строку.

Помогите Леониду — посчитайте, в скольких позициях данная строка  $T$  входит в данную строку  $S$  при заданной степени погрешности.

**Входные данные**

В первой строке следуют три целых числа  $|S|, |T|, k$  ( $1 \leq |T| \leq |S| \leq 200\,000, 0 \leq k \leq 200\,000$ ) — длины строк  $S$  и  $T$  и степень погрешности.

Во второй строке записана строка  $S$ .

В третьей строке записана строка  $T$ .

Обе строки состоят только из прописных букв 'A', 'T', 'G' и 'C'.

**Выходные данные**

Выведите единственное число — количество вхождений  $T$  в  $S$  со степенью погрешности  $k$  по данному определению.

входные данные
10 4 1 AGCAATTCA ACAT
выходные данные
3

Если вы вдруг разбираетесь в строении генома человека чуть лучше, чем автор задачи, и вы не прониклись оригинальным подходом Леонида, не воспринимайте всё описанное выше всерьёз.