Zadanie: MOZ Mozaikowatość

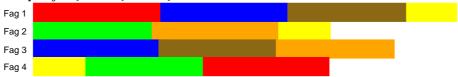


Etap internetowy. Dzień 4. Dostępna pamięć: 64 MB. Maksymalny czas działania: 8 s.

16.05.2008

Biolodzy molekularni od dawna badają genomy (czyli sekwencje genów) różnych organizmów, usiłując na ich podstawie wysnuć wnioski dotyczące ewolucji gatunków, a także działania komórek i tkanek. Podczas tych badań m.in. porównują poszczególne geny pod względem budowy i funkcji i utożsamiają ze sobą geny bardzo podobne do siebie (tzw. **geny homologiczne**).

Ostatnio, badając wirusy atakujące bakterie (zwane **bakteriofagami** lub po prostu **fagami**), zaobserwowali bardzo intrygujące zjawisko. Jeśli mianowicie ustawić sekwencje genów niektórych fagów jedne pod drugimi i pokolorować homologiczne geny tą samą barwą, to uzyskuje się swoistą mozaikę:



Do opisu zjawiska, które odkryli, naukowcy wymyślili miarę, którą nazwali **współczynnikiem mozaikowatości**. Współczynnik ten można wyznaczyć dla danego faga tylko w zestawieniu z innymi fagami — jest nim wtedy łączna liczba punktów obliczona następująco. Za każde dwa geny A, B z faga i-tego oraz za każde dwa różne fagi j, k, takie że:

- gen A ma gen homologiczny w fagu j-tym i nie ma genu homologicznego w fagu k-tym,
- gen B ma gen homologiczny w fagu k-tym i nie ma genu homologicznego w fagu j-tym,

fag i-ty ($i \neq j$ oraz $i \neq k$) otrzymuje 1 punkt. Każdą czwórkę A, B, j, k liczymy przy sumowaniu punktów dokładnie raz, tzn. utożsamiamy czwórki A, B, j, k oraz B, A, k, j.

W sytuacji przedstawionej na rysunku fag numer 3 ma współczynnik mozaikowatości równy 2. Jest tak, ponieważ gen niebieski ma gen homologiczny w fagu 1 i nie ma genu homologicznego w fagu 2; z kolei gen pomarańczowy ma gen homologiczny w fagu 2 i nie ma genu homologicznego w fagu 1. Analogiczna sytuacja ma miejsce dla genów brązowego i pomarańczowego. Natomiast fag numer 1 ma współczynnik mozaikowatości równy 6 — dostaje punkty za pary genów: czerwony–niebieski, czerwony–brązowy, 2 razy żółty–niebieski i 2 razy żółty–brązowy.

Ręczne wyznaczanie współczynników nie jest proste, więc biolodzy postanowili poprosić Cię o napisanie programu, który policzy współczynniki mozaikowatości wszystkich podanych fagów.

Zadanie

Napisz program, który:

- wczyta ze standardowego wejścia opisy par homologicznych genów w grupie fagów,
- policzy współczynniki mozaikowatości dla wszystkich fagów,
- wypisze wynik na standardowe wyjście.

Wejście

W pierwszym wierszu wejścia znajduje się jedna liczba całkowita n ($3 \le n \le 300$) oznaczająca liczbę fagów, które należy rozważyć.

W *i*-tym z następnych *n* wierszy znajduje się opis sekwencji genów *i*-tego faga. Każdy taki opis składa się z jednej liczby całkowitej l_i ($1 \le l_i \le 300$) oznaczającej liczbę genów w sekwencji *i*-tego faga, po której następuje l_i liczb całkowitych a_{ij} ($1 \le a_{ij} \le 100\,000$) opisujących kolejne jego geny. Wszystkie te liczby są pooddzielane pojedynczymi odstępami.

Dwa geny uważamy za homologiczne wtedy i tylko wtedy, gdy w opisie na wejściu są im przypisane te same numery. Naukowcy dowiedli, że żadne dwa geny jednego faga nie mogą być homologiczne*, a zatem w opisie żadnego faga nie może się pojawić dwukrotnie ta sama liczba.

Wyjście

Wyjście powinno składać się z *n* wierszy. W *i*-tym z nich powinna znajdować się jedna liczba, równa współczynnikowi mozai-kowatości *i*-tego faga.

^{*}W praktyce wystąpienie dwóch homologicznych genów u jednego faga jest mało prawdopodobne.

Przykład

Dla danych wejściowych:	poprawnym wynikiem jest:
4	6
4 1 5 2 4	3
3 3 6 4	2
3 5 2 6	1
3 4 3 1	

Rysunek z treści zadania jest ilustracją dla testu przykładowego.