

## BÀI 1: BẢN ĐỒ GEN

Các cá thể được tạo ra bằng công nghệ biến đổi gen khi đưa ra nhân giống đại trà bằng phương pháp sinh sản hữu tính dần dần mất đi một số đặc tính quý báu có ở các thế hệ ban đầu. Vấn đề ở chỗ là các cá thể thế hệ mới không giữ được trọn vẹn các gen quý của bố và mẹ. Bản đồ gen của mỗi cá thể được biểu diễn dưới dạng chuỗi ký tự  $S$  chỉ chứa các ký tự la tinh in thường, mỗi ký tự đại diện cho một gen.

Nếu bản đồ gen của mẹ / bố là  $S_P$  (cá thể thế hệ F1) và bản đồ gen của con sinh ra trực tiếp từ cá thể này (thế hệ F2) là  $S_c$  thì  $S_c$  có các tính chất sau:

- I-  $S_c$  có  $m$  ký tự đầu giống  $m$  ký tự đầu của  $S_P$ , i-  $S_c$  có  $m$  ký tự cuối giống  $m$  ký tự cuối của  $S_P$ .

Nói một cách khác  $S_c$  có tiền tố độ dài  $m$  trùng khớp với tiền tố độ dài  $m$  của  $S_P$  và  $S_c$  có hậu tố độ dài  $m$  trùng khớp với hậu tố độ dài  $m$  của  $S_P$ . Nếu  $k$  là giá trị lớn nhất của các  $m$  thỏa mãn hai điều kiện trên thì *cặp bản đồ  $S_P$  và  $S_c$  có “độ ổn định di truyền  $k$ ”*.

Trên cánh đồng thực nghiệm hiện có  $n$  cây đánh số từ 1 đến  $n$ , cây thứ  $i$  có bản đồ gen là  $S_i$ ,  $i = 1 \dots n$ . Người ta cần chọn một cặp cá thể có độ ổn định di truyền  $k$  để nghiên cứu.

Hãy xác định  $q$  - số cặp khác nhau có thể lựa chọn. Hai cặp gọi là khác nhau nếu tồn tại một cây có ở cặp này và không có ở cặp kia.

**Dữ liệu:** Vào từ file văn bản GENEMAP.INP:

- I- Dòng đầu tiên chứa 2 số nguyên  $n$  và  $k$  ( $2 < n < 10^5$ ,  $1 < k < 200$ ), i- Dòng thứ  $i$  trong  $n$  dòng sau chứa chuỗi  $S_i$ , mỗi chuỗi có độ dài không quá 200.

**Kết quả:** Đưa ra file văn bản GENEMAP.OUT một số nguyên là phần dư của  $q$  chia cho  $10^9+7$ .

**Ví dụ:**

```
GENEMAP INP
5 2
aaaaaa
aabdecaa
aaaa
bbcaa
bbaaeahaa
```

```
GENEMAP OUT
3
```

## BÀI 2: SO NGHỊCH THE

Tên chương trình: INVERS.???

Xét dãy số nguyên  $A = (a_1, a_2, \dots, a_n)$  ( $1 < n < 500\,000$ ). Các số trong dãy  $A$  khác nhau từng đôi một và nhận giá trị trong phạm vi từ 1 đến  $n$ . Như vậy dãy  $A$  là một hoán vị các số từ 1 đến  $n$ . Cặp số  $(a_i, a_j)$  trong dãy  $A$  được gọi là một nghịch thế, nếu  $i < j$  và  $a_i > a_j$ .

**Yêu cầu:** Cho  $n$  và hoán vị  $A$ . Hãy xác định số nghịch thế.

**Dữ liệu:** Vào từ file văn bản INVERS.INP:

- Dòng đầu tiên chứa số nguyên  $n$ ,
- Dòng thứ 2 chứa  $n$  số nguyên xác định hoán vị  $A$ .

**Kết quả:** Đưa ra file văn bản INVERS.OUT một số nguyên - số lượng nghịch thế.

Ví dụ :

INVERS.INP	INVERS.OUT
5	5
2 4 3 5 1	

## BÀI 3: DÂY CUNG

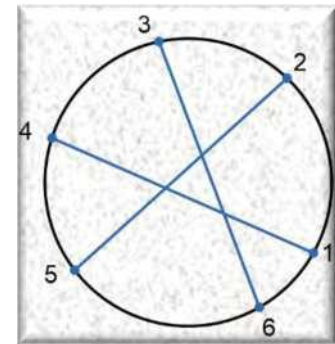
Có  $2n$  điểm khác nhau được đánh dấu trên đường tròn. Các điểm được đánh số từ 1 tới  $2n$  theo chiều ngược kim đồng hồ ( $1 < n < 100\,000$ ).

Rõn về  $n$  dây cung, dây thứ  $i$  nối hai điểm  $a_i$  và  $b_i$ . Mỗi điểm đã cho chỉ thuộc đúng một dây cung.

**Yêu cầu.** Cho  $n$  và các số  $a_i, b_i$  ( $i = 1 \wedge n$ ). Hãy xác định số cặp dây cung giao nhau.

**Dữ liệu:** Vào từ file văn bản CHORDS.INP:

- Dòng đầu tiên chứa số nguyên  $n$ ,
- Dòng thứ  $i$  trong  $n$  dòng sau chứa hai số nguyên  $a_i$  và  $b_i$ .



**Kết quả:** Đưa ra file văn bản CHORDS.OUT một số nguyên - số cặp dây cung giao nhau.

Ví dụ :

CHORDS.INP	CHORDS.OUT
3	
1 4	
2 5	
3 6	

