

Сопоставление последовательностей ДНК

Условие

Одна из важнейших задач в биоинформатике является поиск сходных последовательностей в ДНК, которые могут выявить эволюционные связи между видами или определить функции генов. При заданной последовательности ДНК, состоящей из символов 'A', 'C', 'G' и 'T', задача состоит в том, чтобы определить, сколько различных подстрок последовательности встречается более одного раза. Подстрокой является любая непрерывная последовательность в строке ДНК.

Необходимо написать программу, которая считает количество повторяющихся подстрок в более длинной строке.

Входные данные

Строка S , составленная из символов 'A', 'C', 'G' и 'T'. Длина строки S не менее 1 символа и не более $2 \cdot 10^4$.

Выходные данные

Выведите целое число N — количество различных подстрок, которые встречаются в строке S более одного раза.

Примеры:

Пример 1

Входные данные

ACGACG

Выходные данные

6

Комментарий

В строке 'ACGACG', есть шесть повторяющихся подстрок:

A
C
G
AC
CG
ACG

Все подстроки повторяются ровно один раз.

Пример 2

Входные данные

AAA

Выходные данные

3

Комментарий

В строке 'AAA', есть две повторяющихся подстроки:

- 'A' (можно извлечь из строки S с *трёх* разных последовательных позиций, следовательно повторяется *два* раза после первого появления)
- 'AA' (можно извлечь из строки S с *двух* разных последовательных позиций, следовательно повторяется *один* раз после первого появления)

Следовательно, мы имеем всего *три* повторяющихся подстрок.