**FZOJ** **1799**

**Poj 2752 Seek the Name, Seek the Fame**

**描述**

有很多小猫，要给它取名字，为了摆脱这种枯燥的工作，现在想出来一个简单而神奇的算法：

第一步：将父亲和母亲的名字，连接起来，形成一个新的字符串S；

第二步：找到一个适当的S前缀字符子串（该前缀同时也是S的后缀）；

例如：父亲名字=”ala”，母亲名字=”la”，我们得到子串S=”alala”，符合条件的前缀有：{'a', 'ala', 'alala'}.给你字符串S，你能帮忙计算一下符合条件的子串的长度吗？

**输入**

输入包含多组数据

每组数据一行，就是一个单独的字符串S

范围：只包含小写字母， 1 <= 字符串长度S  <= 400000.

**输出**

每组数据输出一行，输出符合条件的子串长度，按照从小到大顺序输出

**样例输入**

ababcababababcabab

aaaaa

**样例输出**

2 4 9 18

1 2 3 4 5

**Poj3080 Blue Jeans**

**描述**

IBM和美国国家地理杂志是基因工程的研究伙伴，要分析成千上万的DNA。

作为IBM的研究员，你的任务就是写一个程序，找到DNA片段的共同片段；

一个DNA是根据碱基的顺序列出的.有四个碱基：腺嘌呤（A）、胸腺嘧啶（T），鸟嘌呤（G）、胞嘧啶（C）。6个碱基的DNA序列可以表示为tagacc。

给定一组DNA碱基序列，确定在所有序列中发生的最长碱基序列.。

**输入**

第一行n，表示有多少组数据，每组数据格式如下：

第一行一个整数m (2 <= m <= 10) ，表示接下来有多少组DNA序列

接下来m行，每行一个字符串，包含60个碱基序列

**输出**

每组数据一行，输出所给的DNA序列的最长公共碱基序列，如果最长公共碱基序列长度小于3，则输出no significant commonalities。如果有几个相同长度的，只输出字典序第一的。

**样例输入**

3

2

GATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATA

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

3

GATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATACCAGATA

GATACTAGATACTAGATACTAGATACTAAAGGAAAGGGAAAAGGGGAAAAAGGGGGAAAA

GATACCAGATACCAGATACCAGATACCAAAGGAAAGGGAAAAGGGGAAAAAGGGGGAAAA

3

CATCATCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC

ACATCATCATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

AACATCATCATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT

**样例输出**

no significant commonalities

AGATAC

CATCATCAT