

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 xâu 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 F_1) và bản đồ gen của con sinh ra trực tiếp từ cá thể này (thế hệ F_2) là S_c thì S_c có các tính chất sau:

S_c có m ký tự đầu giống m ký tự đầu của S_p ,

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 , $i = 1 \div n$. 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:

Dòng đầu tiên chứa 2 số nguyên n và k ($2 \leq n \leq 10^5$, $1 \leq k \leq 200$),

Dòng thứ i trong n dòng sau chứa xâu S_i , mỗi xâu 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

aaaaaa

aabdecaa

aaaa

bbcaa

bbaaeaha

GENEMAP.OUT

3