

## 足し算 (a+b problem)

### 課題 (TASK)

2つの整数の和を出力するプログラムを作成せよ。

### 入力 (INPUT)

標準入力から以下の入力を読み込め。

入力では足し合わせる2つの整数が以下の形式で順に与えられる。

- 1つ目の整数を表すデータの1行目には整数  $m$  ( $1 \leq m \leq 20,000$ ) が書かれており、続く  $m$  行のうちの  $i$  行目には、整数  $a_i$  ( $0 \leq a_i \leq 9$ ) と  $l_i$  ( $1 \leq l_i \leq 100,000,000$ ) が空白を区切りとして書かれている。これらは、1つ目の整数が十進表記で上の桁から  $a_1$  が  $l_1$  個、 $a_2$  が  $l_2$  個、 $\dots$ 、 $a_m$  が  $l_m$  個並んだ整数であることを意味する。 $a_1 \neq 0$ 、 $a_i \neq a_{i+1}$  ( $1 \leq i \leq m-1$ ) である。
- 1つ目の整数を表すデータの直後には、2つ目の整数を表すデータが同様の形式で続いている。

### 出力 (OUTPUT)

標準出力に以下のデータを出力せよ。

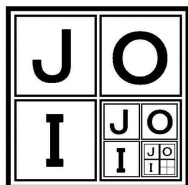
2つの整数の和が、十進表記で上の桁から  $A_1$  が  $L_1$  個、 $A_2$  が  $L_2$  個、 $\dots$ 、 $A_M$  が  $L_M$  個 ( $0 \leq A_i \leq 9$ 、 $A_1 \neq 0$ 、 $A_i \neq A_{i+1}$ 、 $L_i \geq 1$ ) 並んだ整数であるとき、出力は  $M+1$  行からなり、出力の1行目には整数  $M$  を、 $i+1$  行目 ( $1 \leq i \leq M$ ) には整数  $A_i$  と  $L_i$  をこの順に空白区切りで出力せよ。

### 重要な注意 (IMPORTANT NOTE)

$L_i$  たちの値は、必ずしも 32 bit に収まらない。long long などの 64-bit データ型を使用すべきである。詳細については、技術情報を参照のこと。

### 採点基準 (GRADING)

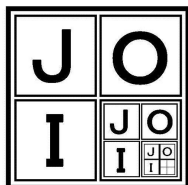
30点分のテストグループにおいて、 $m \leq 1,000$  かつ  $l_i \leq 1,000$  ( $1 \leq i \leq m$ ) である。



入出力例 (EXAMPLE)

入力例 (Sample Input)	出力例 (Sample Output)
3	4
1 3	1 2
2 4	2 8
3 5	1 1
3	0 1
9 4	
8 3	
7 2	

この場合, 入力で与えられる2つの整数は111222233333と999988877である. これらの和は11222222210なので, 出力は上のようになる.



## DNA の合成 (DNA synthesizer)

A,T,G,C からなる DNA 鎖が 2 本あるとき、一方の先頭と、他方の末尾の部分に 1 文字以上の連続する共通部分を持つものをつなげて新しい DNA 鎖を合成する方法が開発された。このとき共通部分の一つにまとめられる。たとえば,TTTATGC と ATGCAAA は、前者の末尾と後者の先頭に共通部分 ATGC を持つので、つなげて TTTATGCAAA を合成できる。また、AAA を 2 つ用いて、AAAA と AAAAA のどちらも合成することができる。今、新薬開発のために、研究室にあるいくつかの素 DNA 鎖から、ある DNA 鎖を合成したい。

### 課題 (TASK)

研究室には  $N$  種類の素 DNA 鎖がある。上記の方法で素 DNA 鎖をつなぎあわせて目的の DNA 鎖を合成するとき、最小で何本の素 DNA 鎖が必要となるかを求めるプログラムを作成せよ。ただし、素 DNA 鎖の備蓄には余裕があるので、同じ種類の素 DNA 鎖を何度でも使うことができる。また、全ての採点データにおいて、目的の DNA 鎖を得る素 DNA 鎖の組み合わせが存在する。

### 制限 (CONSTRAINTS)

- 素 DNA 鎖の種類数  $N$  は 50,000 以下である。
- 合成したい DNA 鎖の長さは 150,000 以下である。
- 素 DNA 鎖の長さは 20 以下である。

### 入力 (INPUT)

標準入力から以下の入力を読み込め。

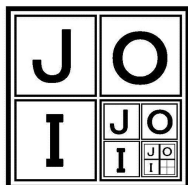
- 1 行目には整数  $N$  が書かれている。
- 2 行目には、A,T,G,C からなる文字列が書かれており、目的の DNA 鎖を表す。
- 続く  $N$  行は、1 行につき 1 つの A,T,G,C からなる文字列が書かれており、それぞれ 1 つの素 DNA 鎖を表す。重複する素 DNA 鎖は存在しない。

### 出力 (OUTPUT)

標準出力に必要な素 DNA の本数の最小値を表す 1 つの整数を出力せよ。

### 採点基準 (GRADING)

30 点分のテストグループにおいて、 $N$  と、合成したい DNA 鎖の長さは共に 1,000 を超えない。



### 入出力例 (EXAMPLE)

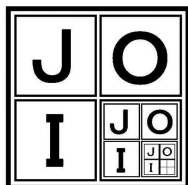
入力例 (Sample Input)	出力例 (Sample Output)
5 ATATATGCCCAT ATAT ATG GCCC GCCCAT CAT	4

同じ素 DNA 鎖を何度も使って良いことに注意せよ .

入力例 (Sample Input)	出力例 (Sample Output)
1 AAAAAAAAAA AAA	5

AAA を 2 つ用いて , AAAA と AAAAA のどちらも合成することができる .

入力例 (Sample Input)	出力例 (Sample Output)
2 ATATATATAT ATA TAT	5



## 地域 (Regions)

JOI 国には  $N$  個の都市があり, 1 から  $N$  の番号がついている. これらの都市は, 双方向に通行可能な道でツリー状に接続されている. すなわち, 任意の 2 つの都市は道をたどって行き来が可能であり, かつその経路は一意的である. このとき, 道は  $N - 1$  本である.

都市を,  $M$  個の地域に分けることにした. 全ての地域は 1 つ以上の都市を含み, 全ての都市はちょうど 1 つの地域に含まれるようにしなければならない. また, 同じ地域に含まれる任意の 2 つの都市は, その地域に含まれない都市を通らずに道をたどって行き来が可能でなければならない.

各地域の直径の最大値  $d_{\max}$  ができるだけ小さくなるように地域分けをしたい. ある地域の直径とは, その地域に含まれる 2 つの都市間の距離の最大値である. 2 つの都市間の距離とは, 2 つの都市を結ぶ経路に含まれる道路の長さの和である. 地域に 1 つしか都市が含まれない時, その地域の直径は 0 とする.

## 課題 (TASK)

道の情報と地域の数を与えられると,  $d_{\max}$  の最小値を計算するプログラムを作成せよ.

## 制限 (CONSTRAINTS)

- $2 \leq N \leq 30,000$  都市の数
- $2 \leq M \leq N$  地域の数
- $1 \leq A_i < B_i \leq N$  道  $i$  の結ぶ 2 つの都市
- $1 \leq C_i \leq 100$  道  $i$  の長さ

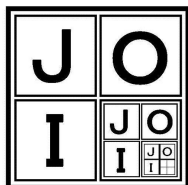
## 入力 (INPUT)

標準入力から以下の入力を読み込め.

- 1 行目には整数  $N, M$  が空白を区切りとして書かれている.
- 続く  $N - 1$  行には, 1 行につき 1 つの道について記述している. これらの行のうちの  $i$  行目は道  $i$  について記述しており, 整数  $A_i, B_i, C_i$  が空白を区切りとして書かれている.

## 出力 (OUTPUT)

標準出力に  $d_{\max}$  の最小値を表す 1 つの整数を出力せよ.



## 採点基準 (GRADING)

20点分のテストグループにおいて,  $M = 2, N \leq 1,000$  である.

40点分のテストグループにおいて,  $M = 2$  である.

## 入出力例 (EXAMPLE)

入力例 (Sample Input)	出力例 (Sample Output)
5 2	3
1 4 2	
2 3 3	
2 4 1	
4 5 1	

2つの地域を都市 1, 4, 5 と都市 2, 3 というようにすれば,  $d_{\max}$  を 3 にでき, これが最適である.

入力例 (Sample Input)	出力例 (Sample Output)
5 3	2
1 4 2	
2 3 3	
2 4 1	
4 5 1	

3つの地域を都市 1 と都市 2, 4, 5 と都市 3 というようにすれば,  $d_{\max}$  を 2 にでき, これが最適である.