

3. 基因序列问题

(gene.pas/c/cpp)

★问题描述:

许多疾病往往是由基因突变引起的。这种基因突变是从一个正常的 DNA 序列通过几代人的遗传而产生的。换言之，一个正常的 DNA 序列经由不同的基因突变可产生不同的遗传基因序列。生物信息学研究的一个基本问题是，对于一个给定的 DNA 序列，我们想要知道将其反转后与原先序列是否一样。

设 $X = x_1x_2 \cdots x_n$ 是一个给定 DNA 序列。其中， $x_i \in \{A, C, G, T\}$ ， $1 \leq i \leq n$ 。对于 $1 \leq i \leq j \leq n$ ， $X = x_1x_2 \cdots x_n$ 的从 i 到 j 的子串 $x_{i,j} = x_ix_{i+1} \cdots x_j$ 称为 X 的 $[i, j]$ 位段。

我们定义一个位段 X 是好的，当且仅当其从左往右读与从右往左读是相同的，即 X 是一个回文的基因序列。现在瑞士生物学家威尔逊·爱德华兹对你提出了 Q 个问题，每个问题给你两个整数 L 和 R ，你需要计算 X 的 $[L, R]$ 位段有多少个不同的子位段是好的。一种位段在 $[L, R]$ 中出现多次只能被计入一次！

★编程任务:

计算瑞士生物学家的询问。

★数据输入:

输入文件名为gene.in。

输入的第一行包含 X 。

接下来一行一个整数 Q 。

接下来 Q 行，每行两个整数 L 和 R 。

★结果输出:

输出文件名为gene.out。

对于每组询问，输出一行一个整数，表示答案。

输入示例 gene.in	输出示例 gene.out
ACCACTTGTCAGCT	5
5	6
1 5	6
3 8	6
2 7	2
4 13	
5 6	

★数据范围:

对于 10%的数据， $|S| \leq 14800$ ， $Q \leq 6500$

对于 40%的数据， $|S| \leq 23\ 000$ ， $Q \leq 23\ 000$

另有 10%的数据， $|S| \leq 5\ 000$

另有 20%的数据， $|S| \leq 50\ 000$ ， $Q \leq 50\ 000$

对于 100%的数据， $|S| \leq 230\ 000$ ， $Q \leq 230\ 000$