

Віруси

0.7 s/256 MiB

Комітет з досліджень бінарних вірусів відкрив метод реплікації для великої родини вірусів, коди яких є послідовностями нулів та одиниць. Кожен вірус походить від мутації гена; гени позначаються цілими числами від 0 до $G - 1$. У кожен момент часу вірус - це послідовність генів. Коли відбувається мутація, один із генів із послідовності замінюється певною послідовністю генів, згідно з таблицею мутацій. Вірус перестає мутувати, коли складається лише з генів 0 і 1.

Наприклад, для наступної таблиці мутацій:

$$\begin{aligned} 2 &\rightarrow \langle 0 \ 1 \rangle \\ 3 &\rightarrow \langle 2 \ 0 \ 0 \rangle \\ 3 &\rightarrow \langle 1 \ 3 \rangle \\ 4 &\rightarrow \langle 0 \ 3 \ 1 \ 2 \rangle \\ 5 &\rightarrow \langle 2 \ 1 \rangle \\ 5 &\rightarrow \langle 5 \rangle \end{aligned}$$

вірус, який спочатку складався з одного гена 4, міг мутувати наступним чином:

$$\langle 4 \rangle \rightarrow \langle \underline{0 \ 3 \ 1 \ 2} \rangle \rightarrow \langle 0 \ \underline{2 \ 0 \ 0} \ 1 \ 2 \rangle \rightarrow \langle 0 \ \underline{0 \ 1} \ 0 \ 0 \ 1 \ 2 \rangle \rightarrow \langle 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ \underline{0 \ 1} \rangle$$

або так:

$$\langle 4 \rangle \rightarrow \langle \underline{0 \ 3 \ 1 \ 2} \rangle \rightarrow \langle 0 \ \underline{1 \ 3} \ 1 \ 2 \rangle \rightarrow \langle 0 \ 1 \ 3 \ 1 \ \underline{0 \ 1} \rangle \rightarrow \langle 0 \ 1 \ \underline{2 \ 0 \ 0} \ 1 \ 0 \ 1 \rangle \rightarrow \langle 0 \ 1 \ 0 \ \underline{1 \ 0 \ 0} \ 1 \ 0 \ 1 \rangle$$

Віруси виявляються антитілами, які ідентифікують наявність специфічних безперервних фрагментів нулів та одиниць у кодах вірусів. Наприклад, антитіло, що реагує на фрагмент $\langle 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \rangle$, виявить вірус $\langle 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \rangle$, але він не виявить вірус $\langle 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \rangle$.

Для кожного гена від 2 до $G - 1$ вчені задаються питанням, чи достатньо даного набору антитіл, щоб виявити всі віруси, які можуть з'явитися через мутації цього гена. Якщо ні, вони хочуть знати найкоротший вірус, який неможливо виявити.

Може статися, що іноді вчені не мають антитіл. Тоді, звичайно, жоден вірус не може бути виявлений, тому вчених цікавить лише найкоротший вірус, який може вийти з-за мутації генів.

Вхідні дані

Перший рядок містить три цілі числа G , N та M ($G > 2$, $N \geq G - 2$, $M \geq 0$) — кількість генів, кількість рядків у таблиці мутацій та кількість антитіл.

Кожен з наступних N рядків містить два цілі числа a та k ($2 \leq a < G$, $k \geq 1$), а також k цілих чисел b_1, b_2, \dots, b_k ($0 \leq b_i < G$), які описують рядок:

$$a \rightarrow \langle b_1 \ b_2 \ \dots \ b_k \rangle$$

Суми всіх k не перевищує 100. **Кожне число від 2 до $G - 1$ з'являється у таблиці як a принаймні один раз.**

Наступні M рядків описують антитіла; кожен рядок починається з цілого числа ℓ ($\ell \geq 1$), після чого йде послідовність c_1, c_2, \dots, c_ℓ ($0 \leq c_i \leq 1$), які описує антитіло. Сума всіх ℓ не перевищує 50.

Вихідні дані

Потрібно вивести $G - 2$ рядки, які містять відповіді для кожного гена від 2 до $G - 1$.

Якщо всі віруси, які можуть мутувати з цього одного гена, можуть бути виявлені за заданим набором антитіл, вам потрібно вивести “YES”. Вам також потрібно вивести це, якщо немає вірусів, які могли б походити з цього гена (це може статися, коли послідовності ніколи не перестануть мутувати).

В іншому випадку вам потрібно вивести “NO” та ціле число, що позначає мінімальну довжину невизначеного вірусу. Можна припустити, що для всіх підготовлених вхідних даних це значення буде менше 2^{63} .

Приклад

Вхідні дані	Вихідні дані
6 6 2	NO 2
2 2 0 1	NO 4
3 3 2 0 0	NO 9
3 2 1 3	YES
4 4 0 3 1 2	
5 2 2 1	
5 1 5	
2 1 1	
5 0 0 1 0 0	

Оцінювання

Підзадачі:

1. (11 балів) Немає антитіл ($M = 0$)
2. (14 балів) $N = G - 2$
3. (25 балів) Одне антитіло ($M = 1$)
4. (32 бали) Сума всіх ℓ не перевищує 10
5. (18 балів) Без додаткових обмежень