

注意

请各位参赛选手在 E 盘根目录建立以自己文件夹号为名字的文件夹，文件夹下建立以题目为名字的文件夹，源程序放在相应的题目文件夹下。例如 E:/TJ-001/movie/movie.cpp。除 TJ 外其余字母均为小写。除源程序外，其余无关文件不要放在该文件夹。

A str

- 输入输出文件: str.in/str.out
- 源文件名: str.cpp/str.c/str.pas
- 时间限制: 1s 内存限制: 256M

题目描述

小豆参加了生物实验室。在实验室里，他主要研究蛋白质。他现在研究的蛋白质是由 k 个氨基酸按一定顺序构成的。每一个氨基酸都可能有 a 种碱基序列 $s_{i,j}$ 构成。现在小豆有一个碱基串 s ，小豆想知道在这个碱基上都多少中不同的组合方式可能得到这个蛋白质。即求由 k 段字符串有序合并成的字符串 s_1 ，有多少种不同方式能够匹配字符串 s ，其中 k 段字符串的选法不同，或者与 s 匹配上的位置不同认为是不同的方式。

输入

第一行一个数，表示这个蛋白质由 k 个氨基酸。
第二行一个字符串 s ，表示小豆现在有的碱基串。
第三行开始接下来 k 行表示第 i 个氨基酸可能的碱基序列，对于第 i 个氨基酸， a_i 表示这个氨基酸可能的碱基序列种数，接下来 a_i 个字符串表示这 a_i 种可能的碱基序列，用空格隔开。

输出

输出一个数目标是不同的方案数（不同的方案数是指不同的子碱基串或者相同的碱基串不同的氨基酸排列方式）

样例输入1

```
2
ABC
2 A AB
2 C BC
```

样例输出1

2

样例解释1

第一个选A第二个选C，得到AC能够与ABC产生0中匹配方式
第一个选A第二个选BC，得到ABC能够与ABC产生1中匹配方式
第一个选AB第二个选C，得到ABC能够与ABC产生1中匹配方式
第一个选AB第二个选BC，得到ABBC能够与ABC产生0中匹配方式
所以一共2种

样例输入2

2
AAA
2 A AA
2 A AA

样例输出2

4

样例解释2

第一个选A第二个选A，得到AA能够与AAA产生2中匹配方式
第一个选A第二个选AA，得到AAA能够与AAA产生1中匹配方式
第一个选AA第二个选A，得到AAA能够与AAA产生1中匹配方式
第一个选AA第二个选AA，得到AAAA能够与AAA产生0中匹配方式
所以一共4种

数据范围

对于30%的数据， $1 \leq k \leq 25$, $|s| \leq 10000$, $a_i \leq 3$
对于100%的数据， $1 \leq k \leq 100$, $|s| \leq 10000$, $a_i \leq 10$