

Trong quá trình tìm kiếm các hành tinh có khả năng tồn tại sự sống người ta phải phải xác định các tham số đặc trưng cho các hành tinh. Với hai hành tinh mới được phát hiện người ta xác định bộ giá trị đặc trưng cho mỗi hành tinh là:

$$A = \{a_1, a_2, \dots, a_n\} \text{ và } B = \{b_1, b_2, \dots, b_m\}$$

Mức độ tương đồng của hai hành tinh là đoạn  $k$  lớn nhất các phần tử liên tiếp nhau trong mỗi dãy trùng nhau với *độ chính xác hoán vị*. Nói một cách khác, độ giống nhau là độ dài lớn nhất của đoạn các phần tử liên tiếp nhau trong  $A$  mà bằng cách đổi chỗ các phần tử trong đó ta được đoạn các phần tử liên tiếp trong  $B$ .

**Yêu cầu:** Hãy xác định  $k$  và vị trí đầu của dãy con tìm được trong  $A$  và  $B$ .

**Dữ liệu:** vào từ file văn bản SIMILARITY.INP gồm:

- Dòng đầu tiên chứa số nguyên dương  $n$  ( $1 \leq n \leq 1000$ );
- Dòng thứ hai chứa  $n$  số nguyên  $a_1, a_2, \dots, a_n$  ( $1 \leq a_i \leq 10^5, i = 1..n$ )
- Dòng thứ ba chứa số nguyên dương  $m$  ( $1 \leq m \leq 1000$ );
- Dòng thứ hai chứa  $m$  số nguyên  $b_1, b_2, \dots, b_m$  ( $1 \leq b_i \leq 10^5, i = 1..m$ )

**Kết quả:** ra file văn bản SIMILARITY.OUT:

- Chứa 1 dòng gồm 3 số nguyên  $k, p$  và  $q$  trong đó  $k$  là độ dài lớn nhất của dãy con tìm được,  $p$  là vị trí đầu của dãy con trong  $A$ , và  $q$  là vị trí đầu của dãy con trong  $B$ . Nếu không tồn tại dãy con giống nhau thì đưa ra 3 số 0, -1 và -1.

Ví dụ:

SIMILARITY.INP	SIMILARITY.OUT
3	3 1 1
1 2 3	
3	
2 1 3	