

## C dna

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

### 题目描述

加里敦大学的生物研究所，发现了决定人喜不喜欢吃藕的基因序列 $S$ ，有这个序列的碱基序列就会表现出喜欢吃藕的性状，但是研究人员发现对碱基序列 $S$ ，任意修改其中不超过3个碱基，依然能够表现出吃藕的性状。现在研究人员想知道这个基因在DNA链 $S_0$ 上的位置。所以你需要统计在一个表现出吃藕性状的人的DNA序列 $S_0$ 上，有多少个连续子串可能是该基因，即有多少个 $S_0$ 的连续子串修改小于等于三个字母能够变成 $S$ 。

### 输入

第一行有一个数 $T$ ，表示有几组数据  
每组数据第一行一个长度不超过 $10^5$ 的碱基序列 $S_0$   
每组数据第二行一个长度不超过 $10^5$ 的吃藕基因序列 $S$

### 输出

共 $T$ 行，第 $i$ 行表示第 $i$ 组数据中，在 $S_0$ 中有多少个与 $S$ 等长的连续子串可能是表现吃藕性状的碱基序列

### 样例输入

```
1
ATCGCCCTA
CTTCA
```

### 样例输出

```
2
```

### 数据范围

对于20%的数据， $S_0$ ， $S$ 的长度不超过 $10^4$   
对于100%的数据， $S_0$ ， $S$ 的长度不超过 $10^5$   
对于所有数据 $0 < T \leq 10$