

¿Dónde Están Mis Genes?

Una manera que tienen los científicos de tratar de medir cómo una especie está involucrada en otra es buscando la manera en que el genoma del antecesor cambia en otro individuo. Especies estrechamente relacionadas tienen varios genes en común, por lo que comparar los genes y sus mutaciones se convierte en un buen mecanismo de verificación.

Una de las mutaciones más comunes que cambia el orden de los genes en los genomas es la llamada "mutación reversa". Si modelamos una secuencia de N genes donde cada gen es un entero desde 1 hasta N , entonces la mutación reversa es una mutación que cambia el genoma revirtiendo el orden de un bloque consecutivo de genes.

La mutación reversa, entonces; se puede denotar por 2 índices (i, j) , $1 \leq i \leq j \leq N$, indicando que esta mutación revierte el orden de los genes con índices desde la posición i hasta la posición j . Así que cuando es aplicada a un genoma $[g_1, \dots, g_{i-1}, g_i, g_{i+1}, \dots, g_{j-1}, g_j, g_{j+1}, \dots, g_N]$, se obtiene el genoma $[g_1, \dots, g_{i-1}, g_j, g_{j-1}, \dots, g_{i+1}, g_i, g_{j+1}, \dots, g_N]$. Por ejemplo, la mutación reversa $(3,6)$ aplicada al genoma $[1, 2, 3, 4, 5, 6, 7]$ da como resultado $[1, 2, 6, 5, 4, 3, 7]$, o la mutación reversa $(1,3)$ aplicada al genoma resultante como resultado $[6, 2, 1, 5, 4, 3, 7]$.

Un científico que está estudiando la evolución de las especies quiere probar con varias series de mutaciones reversas en un genoma, así que ha contratado sus servicios para que lo ayude.

Input

El ingreso de datos tiene varios casos, los cuales se los obtiene de un archivo de texto llamado genes.txt. Este archivo puede contener cualquier cantidad de casos a verificar.

En primera instancia se ingresa un entero N que representa el número de genes del genoma ($1 \leq N \leq 50000$). Se puede asumir que el orden inicial de los genes es una secuencia de enteros que van de 1 a N ascendentemente.

Luego se ingresa un entero R ($0 \leq R \leq 1000$) el cual indica el número de mutaciones reversas que se aplicará al genoma.

Después se ingresan R pares de enteros i, j ($1 \leq i \leq j \leq N$), los cuales representan los índices i y j para cada mutación reversa.

Posteriormente se ingresa un entero Q ($0 \leq Q \leq 100$), que representa el número de consultas que se harán de las nuevas posiciones de los genes.

Finalmente se ingresan Q enteros que representan los genes de los cuales se buscan sus nuevas posiciones.

El programa finaliza cuando N=0

Output

Para cada caso de prueba del input se deben producir Q + 1 líneas de respuesta. La primera línea contiene la palabra "Genoma" seguido por el número de caso de prueba. En seguida se presentan Q líneas conteniendo cada una un entero que representa la respuesta a las consultas. El resultado debe presentarse tanto por pantalla como en un archivo de texto llamado out.txt

Sample input	Output for the sample input
9	Genome 1
1	1
3 6	6
4	4
1	1
3	Genome 2
5	1
1	5
5	
2	
1 2	
1 5	
2	
5	
2	
0	