

Onde estão meus Genes

Por Vinícius Fortuna  Brasil**Timelimit: 3**

Uma maneira que os cientistas tem para tentar medir como uma espécie evoluiu para outra é investigando como o genoma do ancestral se modificou para se transformar nesta outra espécie. Espécies intimamente relacionadas têm vários genes em comum e verifica-se que uma boa maneira de compará-las é através da comparação de como os genes comuns mudaram de lugar.

Uma das mutações mais comuns que alteram a ordem dos genes de genomas é a inversão. Se modelarmos um genoma como uma sequência de N genes sendo cada gene um número inteiro de 1 a N , então uma inversão é uma mutação que altera o genoma revertendo a ordem de um bloco de genes consecutivos. A inversão pode ser descrita por dois índices (i, j) , $(1 \leq i \leq j \leq N)$, indicando que ela inverte a ordem dos genes dentro de índices de i até j .

Assim, quando isto é aplicado para um genoma $[g_1, \dots, g_{i-1}, g_i, g_{i+1}, \dots, g_{j-1}, g_j, g_{j+1}, \dots, g_N]$, obtém-se o genoma $[g_1, \dots, g_{i-1}, g_j, g_{j-1}, \dots, g_{i+1}, g_i, g_{j+1}, \dots, g_N]$. Como um exemplo, a inversão de $(3, 6)$, aplicado à genoma $[1, 2, 3, 4, 5, 6, 7]$ dá $[1, 2, 6, 5, 4, 3, 7]$. Se depois que a inversão $(1, 3)$ é aplicada, obtém-se o genoma $[6, 2, 1, 5, 4, 3, 7]$.

Um cientista que está estudando a evolução de uma espécie deseja tentar uma série de inversões no genoma desta espécie. Em seguida, ele quer consultar a posição final de vários genes. Será que você aceita o desafio de ajudá-lo?

Entrada

A entrada contém vários casos de teste. A primeira linha de um caso de teste contém um inteiro N indicando o número de genes no genoma ($1 \leq N \leq 50000$). Você pode supor que o ordem inicial dos genes é a sequência de números inteiros de 1 a N em ordem crescente. A segunda linha de um caso de teste contém um inteiro R ($0 \leq R \leq 1000$) que indica o número de inversões a serem aplicadas ao genoma. Então, R linhas seguem, cada uma contendo dois inteiros i, j ($1 \leq i \leq j \leq N$), separados por um único espaço, o qual indicam os dois índices que definem a inversão correspondente. Após a descrição das inversões há uma linha contendo um inteiro Q ($0 \leq Q \leq 100$), que indica o número de consultas para os genes, seguido de Q linhas, onde cada linha contém um inteiro representando um gene cuja posição final você deve determinar.

O final da entrada é indicada por $N = 0$.

Saída

Para cada caso de teste da entrada seu programa deve produzir $Q + 1$ linhas de saída. A primeira linha deve conter a string "**Genome**", seguido do número do caso de teste. As seguintes Q linhas devem conter um número inteiro, cada um representando as respostas das consultas.

| Exemplo de Entrada | Exemplo de Saída |
|--------------------|------------------|
| 9 | Genome 1 |
| 1 | 1 |
| 3 6 | 6 |
| 4 | 4 |
| 1 | 1 |
| 3 | Genome 2 |

| 5 | Exemplo de Entrada | 1 | Exemplo de Saída |
|-----|--------------------|---|------------------|
| 1 | | 5 | |
| 5 | | | |
| 2 | | | |
| 1 2 | | | |
| 1 5 | | | |
| 2 | | | |
| 5 | | | |
| 2 | | | |
| 0 | | | |