

Notice: 1:由于本OJ建立在Linux平台下，而许多题的数据在Windows下制作，请注意输入、输出语句及数据类型及范围，避免无谓的RE出现。 2:本站即将推出针对初学者的试题系统(与目前OJ是分开的，互不影响)，内容覆盖从语法入门到NOI的所有知识点，敬请关注。

2468: [中山市选2010]三核苷酸

Time Limit: 5 Sec Memory Limit: 128 MB

Submit: 142 Solved: 36

[\[Submit\]](#)[\[Status\]](#)[\[Discuss\]](#)

Description

三核苷酸是组成DNA序列的基本片段。具体来说，核苷酸一共有4种，分别用'A'，'G'，'C'，'T'来表示。而三核苷酸就是由3个核苷酸排列而成的DNA片段。三核苷酸一共有64种，分别是'AAA'，'AAG'，...，'GGG'。给定一个长度为L的DNA序列，一共可以分辨出(L-2)个三核苷酸。现在想用一些统计学的方法来进行一些分析，步骤如下：

1. 对于这(L-2)个三核苷酸，我们从左到右给予编号，分别为1到L-2。
2. 从这(L-2)个三核苷酸挑选一对出来，一共有 $(L-2)*(L-3)/2$ 种可能。如果某一对三核苷酸是一样的，我们就记录他们之间的距离。他们之间的距离定义为他们的编号之差。
3. 根据我们所记录的“样本数据”，我们现在需要计算样本数据的方差。方差的计算公式是 $S^2 = [(x_1 - X)^2 + (x_2 - X)^2 + \dots + (x_n - X)^2] / n$ ， $X = (x_1 + x_2 + \dots + x_n) / n$ 。如果样本的大小 $n=0$ ，那么我们认为 $S^2 = X = 0$ 。

例如，我们要统计DNA序列'ATATATA'：

1. 为三核苷酸编号. L_1 : ATA, L_2 : TAT, L_3 : ATA, L_4 : TAT, L_5 : ATA.
2. $(L_1, L_3)=2$, $(L_1, L_5)=4$, $(L_3, L_5)=2$, $(L_2, L_4)=2$. 所以样本数据是2,4,2,2.
3. 样本数据平均值 $X=(2+4+2+2)/4=2.5$.

方差 $S^2 = [(2-2.5)^2 + (4-2.5)^2 + (2-2.5)^2 + (2-2.5)^2] / 4 = 0.75$.

给定一个DNA序列，请你计算出它的方差。

Input

输入包含多组测试数据。第一行包含一个正整数T，表示测试数据数目。每组数据包含一个由'A'，'G'，'C'，'T'组成的字符串，代表要统计的DNA序列。DNA序列的长度大于等于3且不会超过100000。

Output

对每组测试数据，输出一行答案，为一个保留6位精度的实数，代表S2的值。如果你的答案和标准答案的“相对误差”小于 $1e-8$ ，你的答案会被视为正确的答案。

Sample Input

```
1
```

```
ATATATA
```

Sample Output

```
0.750000
```

HINT

Source

[\[Submit\]](#)[\[Status\]](#)[\[Discuss\]](#)

[HOME](#) [Back](#)

[한국어](#) [中文](#) [فارسی](#) [English](#) [ไทย](#)

版权所有 ©2008-2012 大视野在线测评 | 湘ICP备13009380号 | 站长统计

Based on opensource project hustoj.