

Agile Programming Contest 2021

Round 2

Saturday 10 July 2021

20:00 P.M. - 24:00 P.M.

Task Setter

Mr. Akarapon Watcharapalakorn (PeaTT~)

Mr. Phumipat Chaiprasertsud (MAGCARI)

Mr. Warat Palpai (Waratpp123)

Miss Wichada Chaiprasertsud (Wasrek)

1. อีจิลพีทวิงวน (AG_Run Loop Peatt)

ที่มา: ข้อเก่า Agile Programming Contest 2021 โจทย์สำหรับตัวผู้แทนศูนย์ สอน. คอมพิวเตอร์ ม.บูรพา รุ่น17

<https://www.youtube.com/watch?v=1rBQw-sQ7l0>

A: ผมจะบริจาคให้ 1,000 บาท ประมาณตอนเที่ยงพรุ่งนี้

B: คุณก็จะเอาชื้อหน้าจอมัยยะ คุณพี

A: ไม่ต้องครับ ไม่จำเป็น

B: อ้อค่ะ ขอบพระคุณเป็นอย่างสูงค่ะ ขอให้คุณมีความสุขความเจริญค่ะ

A: แต่ผมจะให้คุณทำโจทย์ข้อพีทวิงวนก่อนนะ...

กาลครั้งหนึ่ง ณ ดินแดน POSNBUU เป็นแผนที่ที่มีขนาด R แถว C คอลัมน์ ประกอบไปด้วย '.' คือช่องว่างที่สามารถเดินทางไปได้, '#' คือกำแพงที่ไม่สามารถเดินไปได้ และ 'P' แทนตำแหน่งที่พีทเทเพยืนอยู่ซึ่งจะมีอยู่เพียงช่องเดียวเท่านั้น

การเดินทางของพีทเทเพในแผนที่นี้จะได้วิธีได้แก่ 'L' คือไปทางซ้าย 1 ช่อง, 'R' คือไปทางขวา 1 ช่อง, 'U' คือไปด้านบน 1 ช่อง และ 'D' คือลงด้านล่าง 1 ช่อง พีทเทเพต้องการเดินทางในตารางนี้เป็นจำนวน A ก้าว โดยไม่ออกนอกแผนที่และกลับมาที่ตำแหน่งเดิม โดยใช้คำสั่งที่ปรากฏหน้าสุดในพจนานุกรม

งานของคุณ

จงเขียนโปรแกรมเพื่อช่วยพีทเทเพหาคำสั่งวิ่งวนในแผนที่ให้กลับมาที่ตำแหน่งเดิม โดยใช้คำสั่งในอยู่หน้าสุดในพจนานุกรม

ข้อมูลนำเข้า

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวก Q แทนจำนวนคำถาม โดยที่ Q ไม่เกิน 50 ในแต่ละคำถาม

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวก R C A โดยที่ R, C ไม่เกิน 1,000 และ A ไม่เกิน 1,000,000

อีก R บรรทัดต่อมา รับแผนที่ที่ประกอบไปด้วย '.' หรือ '#' หรือ 'P' เท่านั้น

พีทเทเพรับประกันว่าในชุดข้อมูลทดสอบจะถูกสร้างมาอย่างดี ให้เป็นแผนที่ที่ถูกต้องและมีตัว P เพียงตัวเดียวเท่านั้น

10% ของชุดข้อมูลทดสอบ จะมีค่า R, C ไม่เกิน 5

20% ของชุดข้อมูลทดสอบ จะมีค่า R, C ไม่เกิน 10

40% ของชุดข้อมูลทดสอบ จะมีค่า R, C ไม่เกิน 100

ข้อมูลส่งออก

มีทั้งสิ้น Q บรรทัด แต่ละบรรทัดให้แสดงคำสั่งเพื่อให้พีทเทเพกลับมาที่ตำแหน่งเริ่มต้น หากไม่สามารถทำได้ให้ตอบ Can't do

ตัวอย่าง

ข้อมูลนำเข้า	ข้อมูลส่งออก
2 3 5 4 ##... ...P# ...#. 2 2 4 P# #.	LDUR Can't do

คำอธิบายตัวอย่างที่ 1

มีทั้งสิ้น 2 คำถาม ได้แก่

คำถามแรก สามารถเดิน 4 ก้าว ได้หลายวิธี เช่น LLRR, UDUD, LURD แต่ตอบ LDUR เพราะอยู่หน้าสุดในพจนานุกรม
คำถามที่สอง ไม่สามารถเดิน 4 ก้าวให้กลับมาที่เดิมได้ จึงตอบว่า Can't do นั่นเอง

+++++

2. อีจีแอลดีเอ็นเอ กลายพันธุ์ (AG_Mutating DNA)

ที่มา: ข้อสอบ Agile Programming Contest 2021 โจทย์สำหรับตัวผู้แทนศูนย์ สอวน. คอมพิวเตอร์ ม.บูรพา รุ่น17

กรดดีออกซีไรโบนิวคลีอิก (อังกฤษ: deoxyribonucleic acid) หรือย่อเป็น ดีเอ็นเอ เป็นกรดนิวคลีอิกที่มีคำสั่งพันธุกรรม ซึ่งถูกใช้ในพัฒนาการและการทำหน้าที่ของสิ่งมีชีวิตทุกชนิดเท่าที่ทราบ (ยกเว้นอาร์เอ็นเอไวรัส) ส่วนของดีเอ็นเอซึ่งบรรจุข้อมูล พันธุกรรมนี้เรียกว่า ยีน ทำนองเดียวกัน ลำดับดีเอ็นเออื่น ๆ มีความมุ่งหมายด้านโครงสร้าง หรือเกี่ยวข้องกับการควบคุมการใช้ ข้อมูลพันธุกรรมนี้ ดีเอ็นเอ อาร์เอ็นเอและโปรตีนเป็นหนึ่งในสามมหัศจรรย์หลักที่สำคัญในสิ่งมีชีวิตทุกชนิดที่ทราบ

ดีเอ็นเอประกอบด้วยพอลิเมอร์สองสายยาวประกอบจากหน่วยย่อย เรียกว่า นิวคลีโอไทด์ โดยมีแกนกลางเป็นน้ำตาลและ หมู่ฟอสเฟตเชื่อมต่อกันด้วยพันธะเอสเทอร์ ทั้งสองสายนี้จัดเรียงในทิศทางตรงกันข้าม จึงเป็น antiparallel น้ำตาลแต่ละตัวมี โมเลกุลหนึ่งในสี่ชนิดเกาะอยู่ คือ นิวคลีโอเบส หรือเรียกสั้น ๆ ว่า เบส ลำดับของนิวคลีโอเบสทั้งสี่ชนิดนี้ตามแกนกลางที่เข้ารหัส ข้อมูลพันธุกรรม ข้อมูลนี้อ่านโดยใช้รหัสพันธุกรรม ซึ่งกำหนดลำดับของกรดอะมิโนในโปรตีน รหัสนี้ถูกอ่านโดยการคัดลอกดีเอ็นเอ เป็นกรดนิวคลีอิกอาร์เอ็นเอที่เกี่ยวข้องในขบวนการที่เรียกว่า การถอดรหัส

ดีเอ็นเอภายในเซลล์มีการจัดระเบียบเป็นโครงสร้างยาว เรียกว่า โครโมโซม ระหว่างการแบ่งเซลล์ โครโมโซมเหล่านี้ถูก คัดลอกในขบวนการการถ่ายแบบดีเอ็นเอ ทำให้แต่ละเซลล์มีชุดโครโมโซมที่สมบูรณ์ของตัวเอง สิ่งมีชีวิตยูคาริโอต (สัตว์ พืช ฟังไจ และโพรทิสต์) เก็บดีเอ็นเอส่วนมากไว้ในนิวเคลียส และดีเอ็นเอบางส่วนอยู่ในออร์แกเนลล์ เช่น ไมโทคอนเดรียและคลอโรพลาสต์ ในทางตรงข้าม โปรคาริโอต (แบคทีเรียและอาร์เคีย) เก็บดีเอ็นเอไว้เฉพาะในไซโทพลาสซึม ในโครโมโซม โปรตีนโครมาติน เช่น ฮิส โตนีบิวด์และจัดรูปแบบของดีเอ็นเอ โครงสร้างบีบอัดเหล่านี้ทำอันตรกิริยาระหว่างดีเอ็นเอกับโปรตีนอื่น ช่วยควบคุมส่วนของดี เอ็นเอที่จะถูกถอดรหัส

การกลายพันธุ์ของดีเอ็นเอโดยปกติแล้วอาจจะกลายพันธุ์แบบแทนที่คู่เบส หรืออาจจะกลายพันธุ์แบบ Frameshift แต่ใน มหาวิทยาลัยบูรพาได้พบสิ่งมีชีวิตขนาดเล็กที่ไม่เคยพบเจอในที่ใดมาก่อน และในการกลายพันธุ์ของสิ่งมีชีวิตแปลกประหลาดชนิดนี้ จะมีขั้นตอนซับซ้อนเป็นอย่างมาก โดยการกลายพันธุ์หนึ่งครั้งจะทำให้คู่เบสเกิดการสลับที่กันหนึ่งคู่ เรียกว่า Burapha Mutation ตัวอย่าง Wild Type ของสิ่งมีชีวิตชนิดนี้ นอกจากจะมีการกลายพันธุ์แบบแปลกประหลาดแล้ว สิ่งมีชีวิตนี้ทุกชนิดยังสามารถหัก ซิ่นส่วน DNA เป็นท่อน ๆ ได้ และ ดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตนี้จะพบแค่เบส A (Adenine), C (Cytosine) และ T (Thymine) เท่านั้น จะไม่พบเบส G (Guanine) เป็นอันตราย โดยสารพันธุกรรมที่พบจะเรียกลำดับเบสตั้งแต่ลำดับที่ 0 ถึง N - 1

ตัวอย่างสารพันธุกรรมที่พบได้ในสิ่งมีชีวิตชนิดนี้

Wild Type

ACTACTACTACT

Mutant 1

ATCACTACTACT

เกิดการกลายพันธุ์ที่เบสลำดับที่ 1 และ 2

Mutant 2

ACCCACTACTATT

เกิดการกลายพันธุ์ที่เบสลำดับที่ 2 และ 10

Mutant 3

ACTACTACTACT

เกิดการกลายพันธุ์ที่เบสลำดับที่ 0 และ 9 แต่ผลลัพธ์เหมือนเดิม

จึงทำให้สิ่งมีชีวิตนี้มีคุณสมบัติเหมือนเดิมไม่เปลี่ยนแปลง

การกลายพันธุ์หนึ่งครั้งในสิ่งมีชีวิตชนิดนี้อาจทำให้เกิดผลลัพธ์หลายอย่าง แต่การกลายพันธุ์อาจจะมีรูปแบบ Multiple Mutation ซึ่งก็คือการกลายพันธุ์แบบลูกโซ่ ยกตัวอย่างด้วย Wild Type เดิมที่เกิดการ Multiple Mutation 3 ครั้งดังนี้

ตัวอย่างการกลายพันธุ์แบบลูกโซ่

Wild Type

ACTACTACTACT

เกิดการกลายพันธุ์ที่เบสลำดับที่ 1 และ 2 กลายเป็น

ATCACTACTACT

เกิดการกลายพันธุ์ที่เบสลำดับที่ 2 และ 10 กลายเป็น

ATCACTACTACTT แต่ผลลัพธ์เหมือนเดิม

เกิดการกลายพันธุ์ที่เบสลำดับที่ 0 และ 9 กลายเป็น

ATCACTACTACTACT แต่ผลลัพธ์เหมือนเดิม



ภาพ สารพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตชนิดนี้

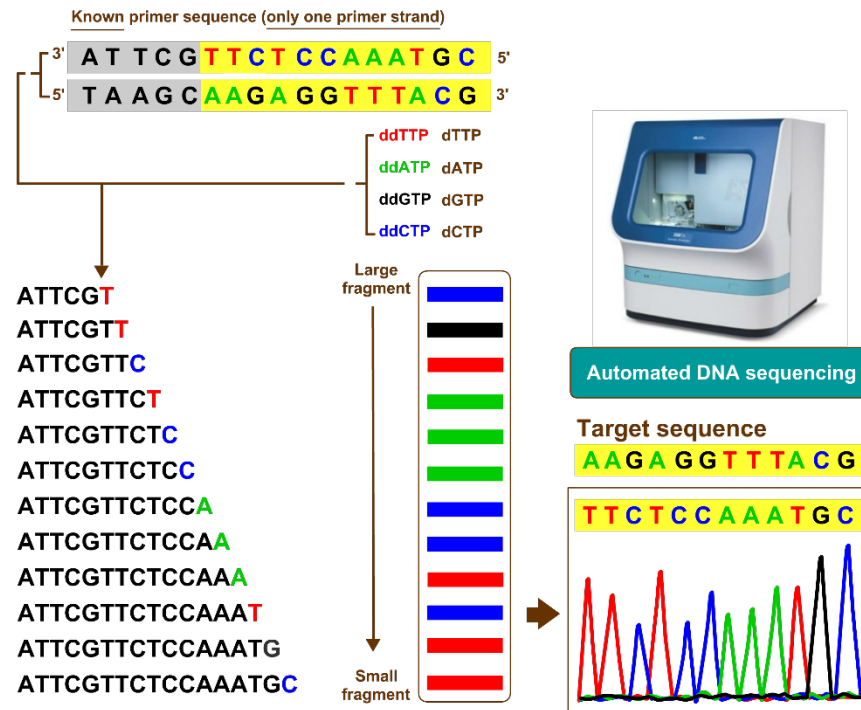
เราจะใช้เทคนิคการตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์ (DNA sequencing) ที่เรียกกันว่า Sanger Sequencing ในการตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์ โดยการตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์เป็นเทคนิคที่ใช้อย่างแพร่หลายในปัจจุบัน เพื่อตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์ในบริเวณที่สนใจศึกษา หรือในกรณีที่ต้องการรู้รายละเอียดของลำดับนิวคลีโอไทด์ของผลผลิต Polymerase chain reaction (PCR) ว่าถูกต้องหรือไม่ การตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์นี้อาจใช้เพื่อตรวจหา single nucleotide polymorphisms (SNPs), point mutation ทั้งแบบที่เป็น silent, missense และ nonsense mutation, ลำดับนิวคลีโอไทด์เพิ่มขึ้นขนาดเล็ก (small insertion) และลำดับนิวคลีโอไทด์ขาดหายไปขนาดเล็ก (small deletion) ซึ่งการเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับนิวคลีโอไทด์ขนาดเล็ก มักเรียกว่า INDEL (small insertion and deletion) เทคนิค DNA sequencing ถือเป็นวิธีมาตรฐาน (gold standard) จึงมักใช้เป็นขั้นตอนสุดท้ายเพื่อสรุปผลที่แน่นอนของทุกเทคนิคที่ใช้ในการตรวจกรอง mutation เพราะเป็นวิธีที่ให้ผลถูกต้อง 100 เปอร์เซ็นต์

การตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์มีหลายวิธีแต่วิธีที่นิยม คือวิธีที่ใช้หลักการของแซงเกอร์ (Sanger sequencing method) เรียกอีกอย่างว่า Dideoxy chain termination method ปัจจุบันได้มีการพัฒนามาใช้กับเครื่องอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์อัตโนมัติ (Automated DNA sequencing) โดยในปฏิกิริยาประกอบด้วย

- ดีเอ็นเอต้นแบบที่มีการเพิ่มจำนวนในบริเวณที่ต้องการศึกษาหาลำดับนิวคลีโอไทด์
- ไพรมเมอร์ 1 เส้นเป็น forward หรือ reverse primer
- เอนไซม์ DNA polymerase
- Deoxyribonucleotide triphosphates (dNTPs) 4 ชนิด ได้แก่ dATP, dTTP, dGTP และ dCTP
- Dideoxyribonucleotide triphosphates (ddNTPs) 4 ชนิด ได้แก่ ddATP, ddTTP, ddGTP และ ddCTP ซึ่งติดฉลากด้วยสารเรืองแสงฟลูออเรสเซนต์ (fluorescent dye) ที่มีสีแตกต่างกัน

โดย ddNTPs จะมีโครงสร้างคล้ายคลึงกับ dNTPs ปกติ แต่จะมีความแตกต่างเฉพาะที่คาร์บอนตำแหน่งที่ 3 จะมี H แทนที่ OH ซึ่งคุณสมบัตินี้ทำให้ไม่สามารถเกิดพันธะ phosphodiester bond กับนิวคลีโอไทด์ตัวต่อไปได้ จึงเกิดการหยุดต่อสาย ดีเอ็นเอ (chain termination)

ในปฏิกิริยา DNA sequencing เมื่อมีการสร้างสายดีเอ็นเอใหม่โดยเอนไซม์ DNA polymerase หากมีการนำ ddNTPs ไปใช้ในการต่อสายดีเอ็นเอ จะทำให้ไม่สามารถสร้างสายดีเอ็นเอต่อจากตำแหน่งนั้นได้และทำให้การสร้างหยุดลงตรงตำแหน่งนั้น โดยสายดีเอ็นเอที่สร้างใหม่จะมีนิวคลีโอไทด์ตัวสุดท้ายเป็น ddNTPs ชนิดต่าง ๆ กันเสมอ เมื่อมีการทำปฏิกิริยาซ้ำ ๆ กันจะทำให้ได้สายดีเอ็นเอที่มีขนาดที่แตกต่างกัน จากนั้นจึงนำไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยเครื่องอ่านนิวคลีโอไทด์อัตโนมัติ ซึ่งสามารถแยกดีเอ็นเอที่มีความยาวต่างกันเพียงหนึ่งนิวคลีโอไทด์ได้ด้วย capillary electrophoresis แล้วใช้แสงเลเซอร์และตัวตรวจวัดสัญญาณ (detector) ซึ่งสามารถแยกสัญญาณการเรืองแสงที่มีความยาวคลื่นแตกต่างกันของสารเรืองแสงตามชนิดของ ddNTPs จึงทำให้ทราบลำดับนิวคลีโอไทด์ของสายดีเอ็นเอนั้นได้



หลักการตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์โดยใช้เครื่องตรวจลำดับนิวคลีโอไทด์อัตโนมัติ (Automated DNA sequencing)

นักจุลชีววิทยาแห่งมหาวิทยาลัยบูรพาได้เก็บ Sample ของ Strand หนึ่งของสารพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตที่เขาพบมาสองจุด นั่นคือ สารพันธุกรรมในเซลล์อสุจิที่อาจเกิด mutation และสารพันธุกรรมบริเวณเซลล์ผิวหนัง แต่นักจุลชีววิทยาต้องการเก็บเซลล์อสุจิที่มีสารพันธุกรรมเหมือนบริเวณเซลล์ผิวหนัง จึงทำการ Burapha Reverse Mutation Forcing (BRMF) ในเซลล์อสุจิของ Wild Type ซึ่งก็คือการบังคับให้เซลล์อสุจิมีการกลายพันธุ์กลับ โดยกรรมวิธีก็จะคล้ายกับการทำ Polymerase chain reaction (PCR) โดยการนำไปใส่เครื่องกระตุ้น โดยขั้นตอนการทำ Burapha Reverse Mutation Forcing (BRMF) มีสามขั้นตอน

ขั้นตอนที่หนึ่ง ปรับอุณหภูมิในเครื่องให้อยู่ที่ประมาณ 90 องศาเซลเซียส เพื่อให้ DNA ตั้งต้นเกิดการแยกตัวออกเป็น Chain ย่อยๆ

ขั้นตอนที่สอง เติม Primer ที่จำเพาะไปจับในบริเวณที่ต้องการเพื่อทำให้เกิด Burapha Mutation จำนวนหนึ่งครั้ง

ขั้นตอนที่สาม ปรับอุณหภูมิในเครื่องอยู่ที่ 72-75 องศาเซลเซียส พร้อมเติม DNA Polymerase เพื่อทำให้ DNA กลายเป็น Chain เติม

โดยรวมแล้วการทำ BRFM รอบหนึ่งทำให้ DNA ตั้งต้นเกิดการ Burapha Mutation จำนวนหนึ่งครั้ง โดยมีสารตั้งต้นก็คือ DNA polymerase, Burapha Mutationase, Free DNA nucleotides และ Primer ที่เหมาะสม

สมมติต้องการให้เซลล์อสุจิที่มีลำดับเบสเป็น ATCTAC กลายเป็นเซลล์ผิวหนังที่มีลำดับเบสเป็น TACTAC อาจทำได้โดยการทำ BRFM สามรอบโดยที่

ครั้งที่ 1 มี Primer สำหรับการ mutation ที่ตำแหน่งที่ 2 และ 3 กลายเป็น ATTCAC

ครั้งที่ 2 มี Primer สำหรับการ mutation ที่ตำแหน่งที่ 0 และ 1 กลายเป็น TATCAC

ครั้งที่ 3 มี Primer สำหรับการ mutation ที่ตำแหน่งที่ 2 และ 3 กลายเป็น TACTAC

แต่การทำ BRMF สามารถทำให้เปลืองค่าใช้จ่ายเป็นอย่างมาก ทำให้การแปลงที่เหมาะสมที่สุดคือการแปลงขั้นตอนเดียว คือมีการใช้ Primer สำหรับการ mutation ที่ตำแหน่งที่ 0 และ 1 กลายเป็น TACTAC

แต่จากที่ได้กล่าวไปตั้งแต่ต้นว่าสิ่งมีชีวิตนี้ทุกชนิดยังสามารถหักชิ้นส่วน DNA เป็นท่อน ๆ ได้คือนักจุลชีววิทยาต้องเตรียมแผนการประหยังบในการทำ BRMF สำหรับทุก ๆ ช่วงชิ้นส่วนของสารพันธุกรรม แต่ก็อาจมีบางช่วงของสารพันธุกรรมที่ไม่สามารถทำการ BRMF จากเซลล์สุจิจนกลายเป็นเซลล์ผิวหนังได้ เช่นจาก AAAAAA กลายเป็น AAAAAC ให้ตอบ -1

นักจุลชีววิทยาของมหาวิทยาลัยบูรพาจึงวานให้ผู้แทนศูนย์บูรพาทุกคนวางแผนว่าจำนวนครั้งในการทำ BRMF สำหรับทุก ๆ ช่วงชิ้นส่วนของสารพันธุกรรมที่นักจุลชีววิทยาต้องการจำนวน Q ช่วง เนื่องจากการทำ BRMF มีข้อจำกัดหลายประการ ตั้งแต่

1. ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณที่ต้องการตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อาจมีมากถึงหนึ่งแสนลำดับเบส
2. ยังไม่มีการทดลองเพื่อตรวจสอบว่าการทำการ BRMF มีผลต่อตัวอ่อนที่เกิดจากการโคลนสุจิหรือไม่
3. การทำกระบวนการหนึ่งครั้งใช้งบประมาณมาก

ด้วยเหตุปัจจัยเหล่านี้ยังไม่รวมถึงข้อเสียของ DNA sequencing ซึ่งได้แก่

ความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์

ในการทำปฏิกิริยา DNA sequencing แต่ละครั้งจะสามารถอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์ได้สูงสุดโดยประมาณไม่เกิน 1000 bp เนื่องจากข้อจำกัดของเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสอัตโนมัติในปัจจุบัน ดังนั้นหากดีเอ็นเอบริเวณที่ต้องการหาลำดับนิวคลีโอไทด์มีความยาวมากกว่า 1000 bp ควรออกแบบไพรเมอร์เพื่อใช้ในการทำ DNA sequencing แต่ละครั้งเป็นชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่มีขนาดเล็กลง นอกจากนี้การทำ DNA sequencing ในแต่ละครั้งนั้นถึงแม้ว่าจะใช้ไพรเมอร์เพียงเส้นเดียว (forward primer หรือ reverse primer) แต่เพื่อความถูกต้องและแม่นยำของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ ควรมีการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ 2 ครั้ง โดยใช้ forward primer และ reverse primer ซึ่งมีทิศสวนทางกัน และอ่านผลร่วมกัน ซึ่งจะทำให้ได้ผลลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณเดียวกันจึงเป็นการยืนยันผลซึ่งกันและกัน

การตรวจหาการเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับนิวคลีโอไทด์ขนาดใหญ่ (large deletion and large duplication)

เทคนิค DNA sequencing ไม่เหมาะสมสำหรับการตรวจหาการเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับนิวคลีโอไทด์ขนาดใหญ่ เนื่องจากหากมีความผิดปกติของลำดับนิวคลีโอไทด์ลักษณะนี้ มักทำให้เกิด Frameshift mutation จึงทำให้เห็นสัญญาณแสงฟลูออเรสเซนซ์เป็น peak ซ้อนกันตั้งแต่บริเวณที่มีการเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับนิวคลีโอไทด์ จนไม่สามารถอ่านผลได้ว่ามีนิวคลีโอไทด์ตัวใดที่ขาดหายไปหรือเพิ่มขึ้นมา ดังนั้นหากต้องการทราบขนาดและตำแหน่งที่แน่ชัดของ large deletion and large duplication จำเป็นต้องมีการตรวจสอบด้วยเทคนิคอื่นที่เหมาะสมเพิ่มเติมต่อไป เช่น เทคนิค real-time PCR, เทคนิค Multiplex ligation-dependent probe amplification (MLPA) หรือ เทคนิค Fluorescence in situ hybridization (FISH) เป็นต้น

ดังนั้นผู้แทนศูนย์บูรพาทุกคนจึงต้องเขียนโปรแกรมเพื่อหาว่าควรทำ BRMF น้อยที่สุดกี่ครั้งสำหรับช่วง DNA ที่ต้องการ กล่าวคือ ได้รับช่วง [X, X+1, ..., Y] มาแล้วถ้าจะแปลงข้อมูลสารพันธุกรรมจากเซลล์สุจิในช่วงดังกล่าวเป็นสารพันธุกรรมของเซลล์ผิวหนัง แล้วควรทำ BRMF น้อยที่สุดกี่ครั้ง

งานของคุณ

จงเขียนโปรแกรมเพื่อหาว่าควรทำ BRMF น้อยที่สุดกี่ครั้งสำหรับช่วง DNA ที่ต้องการ

ข้อมูลนำเข้า

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวกสองจำนวน คือ N และ Q แทนความยาว string (ขอบเขตของตัวแปร N อยู่ในโจทย์)

ด้านบน) และ จำนวนคำถาม ตามลำดับ โดยที่ Q มีค่าไม่เกิน 100,000

บรรทัดที่สอง รับสตริงเพื่อแทนลำดับ DNA ของเซลล์สุจิขนาด N หนึ่งสตริง ประกอบด้วยอักขระ A, C และ T

บรรทัดที่สาม รับสตริงเพื่อแทนลำดับ DNA ของเซลล์ผิวหนังขนาด N หนึ่งสตริง ประกอบด้วยอักขระ A, C และ T

อีก Q บรรทัดถัดมา รับจำนวนเต็มบวกสองจำนวน คือ X, Y ซึ่ง $0 \leq X \leq Y \leq N - 1$

20% ของชุดข้อมูลทดสอบ จะมี $Y - X \leq 2$

40% ของชุดข้อมูลทดสอบ จะมีอักขระแต่ละตัวเป็น "A" หรือ "T" เท่านั้น

ข้อมูลส่งออก

มี Q บรรทัด โดยบรรทัดที่ i แทนว่าควรทำ BRMF น้อยที่สุดกี่ครั้งสำหรับช่วง DNA ที่ต้องการในช่วงที่ i

ตัวอย่าง

ข้อมูลนำเข้า	ข้อมูลส่งออก
6 3	2
ATACAT	1
ACTATA	-1
1 3	
4 5	
3 5	

คำอธิบายตัวอย่างที่ 1

ในคำถามย่อยคำถามแรกคือได้รับช่วง DNA ตั้งแต่เบสที่ 1, 2 และ 3 จำเป็นต้องทำ BRMF ที่ตำแหน่งที่ 1 และ 2 ในครั้งแรกและทำ BRMF ที่ตำแหน่งที่ 2 และ 3 ในครั้งที่ 2

ในคำถามย่อยคำถามที่สองคือได้รับช่วง DNA ตั้งแต่เบสที่ 4 และ 5 จำเป็นต้องทำ BRMF ที่ตำแหน่งที่ 4 และ 5 ครั้งเดียว

ในคำถามย่อยคำถามที่สามคือได้รับช่วง DNA ตั้งแต่เบสที่ 3, 4 และ 5 ซึ่งไม่สามารถทำ BRMF จากเซลล์สุจิ เป็นเซลล์ผิวหนังได้ จึงตอบ -1

+++++

3. อัจฉริยะสุดผัก (AG_Best Vegetable)

ที่มา: ข้อสอบเอ็ด Agile Programming Contest 2021 โจทย์สำหรับตัวผู้แทนศูนย์ สอน. คอมพิวเตอร์ ม.บูรพา รุ่น17

มีคนบอกมาว่าการกินผักจะให้ฉลาด แต่ไม่ใช่ผักทุกต้นจะให้ความฉลาดได้เท่ากันหมด เด็กชายปั้นที่กำลังจะสอบ TOI ก็อยากที่จะฉลาดขึ้น เขาจึงเดินทางไปยังฟาร์มที่ดีที่สุดในโลกเพื่อซื้อผักจากฟาร์มมากิน

ในฟาร์ม มีผักอยู่ทั้งหมด N ต้นวางเรียงเป็นเส้นตรง ปั้นไม่ได้ชอบกินผักขนาดที่จะซื้อทั้ง N ต้น เขาจึงตัดสินใจจะซื้อแค่ K ต้นเท่านั้น แต่เจ้าของร้านก็เรื่องมากบอกว่า ต้องซื้อเรียงจากต้นที่ 1 ถึงต้นที่ K เท่านั้น ปั้นก็เลยตอรองว่า ขอสลักผักที่อยู่ติดกันไม่เกิน L ครั้งได้มั้ย เจ้าของร้านอยากเข้าไปนอนต่อก็เลยยอมให้ทำได้ ปั้นจึงสงสัยว่า ถ้าทำตามเงื่อนไขแล้วเขาจะได้ผลรวมความฉลาดที่มากที่สุดจากผักทั้ง K ต้นที่เขาจะซื้อเป็นเท่าไร?

เช่น มีผัก 6 ต้น ซื้อ 2 ต้น สลักได้ไม่เกิน 3 ครั้ง แต่ละต้นมีความฉลาดดังนี้

เริ่มต้น 60 54 32 95 93

สลักครั้งที่ 1 60 54 95 32 93

สลักครั้งที่ 2 60 95 54 32 93

สลักครั้งที่ 3 95 60 54 32 93

ทำให้ได้ความฉลาดมากที่สุดเท่าที่จะเป็นไปได้แล้ว คือ $95+60 = 155$

งานของคุณ

จงเขียนโปรแกรมเพื่อช่วยให้ปั้นได้รับความฉลาดที่มากที่สุด จากผักทั้ง K ต้นของเขา

ข้อมูลนำเข้า

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวก Q แทนจำนวนคำถาม โดยที่ $Q \leq 3$ ในแต่ละคำถาม

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวก N K และ L โดยที่ $1 \leq K \leq N \leq 70$ และ $L \leq 10^9$

บรรทัดต่อมา รับจำนวนเต็มบวก N จำนวนเพื่อแทนความฉลาด S_i ของผักแต่ละต้น ($S_i \leq 10^4$)

20% ของข้อมูลชุดทดสอบจะมี $N \leq 10$

ข้อมูลส่งออก

Q บรรทัด แต่ละบรรทัดตอบผลรวมความฉลาดที่มากที่สุดจากผัก K ต้นแรกหลังจากสลักอย่างเหมาะสมแล้ว

ตัวอย่าง

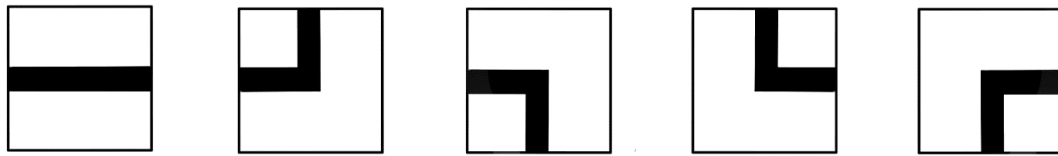
ข้อมูลนำเข้า	ข้อมูลส่งออก
1 5 2 3 60 54 32 95 93	155

+++++

4. อไจล์พื้นกระเบื้องหรรษา (AG_Tiles)

ที่มา: ข้อสิบสอง Agile Programming Contest 2021 โจทย์สำหรับติวผู้แทนศูนย์ สอน. คอมพิวเตอร์ ม.บูรพา รุ่น17

พิทเทพที่ต้องการจะสร้างบ้านใหม่จึงได้ไปเดินในงานบ้านและสวน เขาได้ไปพบกับกระเบื้องดีไซน์ใหม่สุดแปลกตาโดยกระเบื้องเหล่านี้จะมีช่องไฟที่สามารถเปิดปิดได้อยู่ ดังรูป



กระเบื้องจะมีทั้งหมด 5 แบบและเราไม่สามารถหมุนกระเบื้องเหล่านี้ได้ พิตเทพต้องการที่จะนำกระเบื้องแต่ละอันที่มีขนาดกว้าง 1 หน่วย ยาว 1 หน่วย มาใส่ในทางเดินที่มีขนาดกว้าง 2 หน่วย ยาว N หน่วย โดยที่บริเวณปลายทางเดินทั้ง 2 ฝั่งจะต้องมีช่องไฟเชื่อมอยู่ฝั่งละ 1 ช่องทางพอดี และช่องไฟซึ่งเชื่อมปลายทั้งสองฝั่งเข้าด้วยกันจะต้องเชื่อมเป็นเส้นเดียวกันทั้งหมด แต่เนื่องจากเขาเป็นคนขี้เหนียวเป็นอย่างมาก เขาจึงได้ตรวจสอบกระเบื้องเก่าที่ถูกปูไว้อยู่แล้ว และพบว่ากระเบื้องในบางจุดยังใช้งานได้ ทำให้ในพื้นที่ $2 \times N$ ที่เขาต้องการจะสร้างทางเดินนั้น เขาไม่ต้องการที่จะวางกระเบื้องดีไซน์ใหม่นี้ในทุกช่อง เราจะวางได้แค่ในช่องที่กระเบื้องเก่าชำรุดใช้งานไม่ได้แล้วเท่านั้น พิตเทพต้องการให้คุณช่วยหาว่าการวางกระเบื้องจะสามารถเป็นไปได้ทั้งหมดกี่แบบ

งานของคุณ

จงเขียนโปรแกรมเพื่อหาวิธีการวางกระเบื้องทั้งหมด

ข้อมูลนำเข้า

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวก Q แทนจำนวนคำถาม โดยที่ $1 \leq Q \leq 5,000$ ในแต่ละคำถาม

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวก N โดย $1 \leq N \leq 5,000$

2 บรรทัดถัดมา รับตารางขนาด $2 \times N$ โดยที่ช่องที่แทนด้วย '.' จะแสดงถึงช่องที่เราต้องการจะวางกระเบื้องใหม่ และช่องที่แทนด้วย '#' จะแสดงถึงช่องที่เราต้องการจะเก็บกระเบื้องเก่าเอาไว้

20% ของชุดข้อมูลทดสอบ ไม่มีช่องใดในตารางที่ต้องการจะเก็บกระเบื้องเก่า ทางเดินจะปูด้วยกระเบื้องใหม่ทั้งหมด

ข้อมูลส่งออก

มีทั้งสิ้น Q บรรทัด แต่ละบรรทัด ให้แสดงวิธีการวางกระเบื้องทั้งหมด mod 1,000,000,007

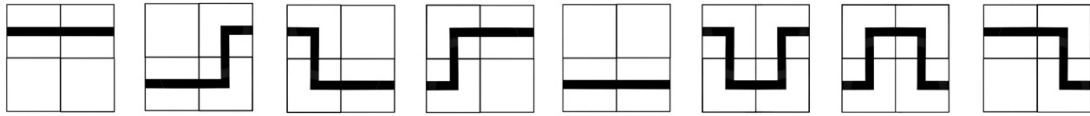
ตัวอย่าง

ข้อมูลนำเข้า	ข้อมูลส่งออก
2	8
2	2
..	
..	
2	
.#	
..	

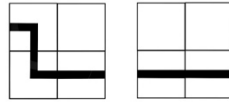
คำอธิบายตัวอย่างที่ 1

มีทั้งสิ้น 2 คำถาม ได้แก่

คำถามแรก เป็นไปได้ทั้งหมด 8 แบบดังนี้



คำถามที่ 2 เป็นไปได้ทั้งหมด 2 แบบดังนี้



+++++

5. อัจฉริยะผลรวมสุดเพอร์เฟกต์ (AG_SumPerfect)

ที่มา: ข้อสอบสาม Agile Programming Contest 2021 โจทย์สำหรับตัวผู้แทนศูนย์ สอน. คอมพิวเตอร์ ม.บูรพา รุ่น17

หลังจากเรียนเรื่องเลขยกกำลังมาอย่างหนักหน่วงทำให้คุณเสพติดเลขยกกำลังที่มีฐานเป็น 2 ซะแล้ว กลางดึกคืนหนึ่งระหว่างที่คุณกำลังสอบออยู่ คุณก็เผลอหลับไป ในฝันนั้นเขาได้เข้าไปอยู่ดินแดนแห่งตัวเลขที่ซึ่งมีตัวเลข N ตัวลอยอยู่ เขารู้ทันทีว่านี่เป็นฝันแน่ ๆ และเขาก็อยากกลับไปทำข้อสอบต่อแล้ว

หลังจากใช้เวลาหนึ่งวิเคราะห์อยู่สักพัก คุณก็เริ่มรู้ดีว่าต้องทำอย่างไรกับเลขพวกนี้ ทันใดนั้นก็มียักษ์สาวคนหนึ่งเดินมาสะกิด แล้วบอกกับคุณว่า ทางเดียวที่จะออกจากที่นี่ได้ ให้คุณสร้างเลขขึ้นมา K ตัว เพื่อที่ $\sum_{i=1}^{N+K} 2^{a_i}$ เป็นค่าสมบูรณ์แบบ

นิยาม ค่าสมบูรณ์แบบ คือ ค่าที่สามารถเขียนให้อยู่ในรูป $2^x - 1$ ได้

งานของคุณ

จงเขียนโปรแกรมเพื่อช่วยให้คุณได้กลับไปสอบต่อ

ข้อมูลนำเข้า

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวก Q แทนจำนวนคำถาม โดยที่ $Q \leq 3$ ในแต่ละคำถาม

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวก N โดยที่ $1 \leq N \leq 10^5$

บรรทัดต่อมา รับจำนวนเต็มบวก N จำนวนเพื่อแทนตัวเลขเดิมที่มีกำลังลอยไปลอยมาในความฝัน (a_i ทั้งสิ้น N จำนวนแรก) โดยที่แต่ละจำนวนจะมีค่าไม่เกิน 10^{18}

20% ของข้อมูลชุดทดสอบ ตัวเลขเดิม หรือ ตัวเลขที่ลอยไปลอยมา (a_i ทั้งสิ้น N จำนวนแรก) จะมีค่าไม่เกิน 10^5

ข้อมูลส่งออก

Q บรรทัด แต่ละบรรทัดตอบ K แทนจำนวนตัวเลขที่ต้องสร้างขึ้นมาเพื่อให้ $\sum_{i=1}^{N+K} 2^{a_i}$ เป็นค่าสมบูรณ์แบบ

ตัวอย่าง

ข้อมูลนำเข้า	ข้อมูลส่งออก
3	4
3	2
5 3 3	2
4	
3 5 4 2	
4	
0 0 0 0	

คำอธิบายตัวอย่างที่ 1

ในคำถามแรก มีตัวเลข 3 ตัว คือ 2^5 , 2^3 , 2^3 ต้องเติมเลขอีก 4 ตัว คือ 2^0 , 2^1 , 2^2 , 2^3

ในคำถามที่ 3 มีตัวเลข 4 ตัว คือ 2^0 , 2^0 , 2^0 ต้องเติมตัวเลข 2 ตัว คือ 2^0 , 2^1

+++++

6. อไจล์ศิลปะสร้างสรรค์ (AG_Art Basket)

ที่มา: ข้อสอบ Agile Programming Contest 2021 โจทย์สำหรับตัวผู้แทนศูนย์ สอน. คอมพิวเตอร์ ม.บูรพา รุ่น 17

วันหนึ่งพีพีเดินเข้าไปในห้องน้ำजेตตะกร้าที่มีรูปทรงตามรูปนี้แล้วรู้สึกอยากทำให้ตะกร้านี้มีความสวยงามขึ้น



พีพีมองตะกร้านี้หน้าตาเป็นสี่เหลี่ยมจัตุรัสที่มีรูปบนด้านทั้งสี่ด้านที่ไม่ใช่ตรงมุมทั้งสิ้น มีจำนวนรูปบนด้านเรียงกันตามเข็มนาฬิกาเป็นจำนวน A, B, C และ D ตามลำดับ เขาจึงทำให้ตะกร้านี้สวยงามขึ้นโดยการร้อยเชือกเข้าจากรูหนึ่งไปยังอีกรูหนึ่งที่อยู่คนละด้านกัน โดยเขาอาจจะใช้เชือกกี่เส้นก็ได้ แต่มี ข้อแม้เพียงข้อเดียวคือเชือกห้ามตัดกันและห้ามร้อยรูเดียวกันเด็ดขาด

แต่จำนวนวิธีการร้อยมันช่างเยอะเกินความสามารถที่จะนับ เขาจึงให้ค้นหาเฉพาะวิธีการร้อยที่ต้องเว้นไว้ด้านหนึ่ง หมายความว่า จะมีด้านอย่างน้อยหนึ่งด้านที่ต้องเว้นไว้ แล้ววานให้ค้นหาแล้ว mod 1,000,000,007 ให้ที่

งานของคุณ

จงเขียนโปรแกรมเพื่อหาว่าจำนวนวิธีการร้อยมีกี่วิธี mod 1,000,000,007

ข้อมูลนำเข้า

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวกสองจำนวน คือ T และ Q แทนหมายเลขชุดทดสอบ และจำนวนตะกร้า

ในแต่ละคำถามย่อย รับจำนวนเต็มบวกสี่จำนวน คือ A, B, C และ D

ข้อมูลส่งออก

มี Q บรรทัด แสดงว่าจำนวนวิธีการร้อยมีกี่วิธี

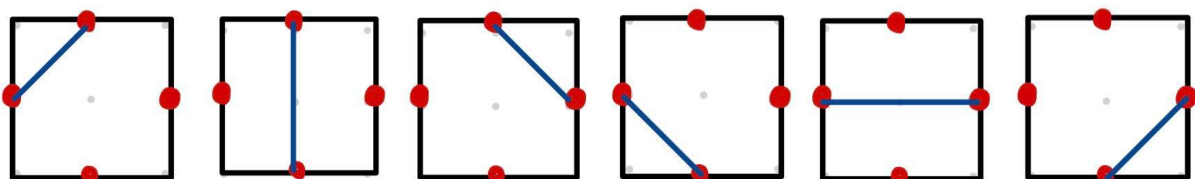
ตัวอย่าง

ข้อมูลนำเข้า	ข้อมูลส่งออก
0 1 1 1 1 1	6

คำอธิบายตัวอย่างที่ 1

ให้ชุดทดสอบตัวอย่างนี้มีหมายเลขชุดทดสอบเป็น 0

ตะกร้าของพีพีสามารถร้อยเชือกได้ดังนี้



แต่คนออกข้อสอบกล้าน้อง ๆ จะทำข้อสอบแล้วรู้สึกว่ามันยากเกินไปจึงให้ชุดทดสอบทั้งหมดไว้ตรงนี้เลย

ชุดทดสอบ (T)	ข้อมูลทดสอบ
1	ชุดทดสอบที่ได้รับจะเป็นดังนี้ 1 5 2 1 1 1 2 2 1 1 2 1 2 1 2 2 2 1 2 2 2 2
2	ชุดทดสอบที่ได้รับจะเป็นดังนี้ 2 5 3 3 1 1 4 4 1 1 5 5 1 1 6 6 1 1 7 7 1 1
3	ชุดทดสอบที่ได้รับจะเป็นดังนี้ 3 100000 บรรทัดที่ 2 ถึง 100,001 ในบรรทัดที่ $i + 1$ รับจำนวนเต็มบวก 4 จำนวนคือ $i, 1, 1, 1$
4	ชุดทดสอบที่ได้รับจะเป็นดังนี้ 4 100000 บรรทัดที่ 2 ถึง 100,001 รับจำนวนเต็มบวก A, B, C และ D แบบสุ่ม ที่ $1 \leq A, B \leq 2,000$ และ $C = D = 0$
5	ชุดทดสอบที่ได้รับจะเป็นดังนี้ 5 5 555 555 0 0 5555 5555 0 0 55555 55555 0 0 555555 555555 0 0 5555555 5555555 0 0
6-7	ชุดทดสอบที่ได้รับจะเป็นดังนี้ บรรทัดที่ 1 รับค่า T, Q โดยที่ $Q \leq 100$ บรรทัดที่ 2 ถึง Q+1 รับจำนวนเต็มบวก A, B, C และ D แบบสุ่ม ที่ $1 \leq A, B, C \leq 350$ และ $D = 0$
8-10	ชุดทดสอบที่ได้รับจะเป็นดังนี้ บรรทัดที่ 1 รับค่า T, Q โดยที่ $Q \leq 100$ บรรทัดที่ 2 ถึง Q+1 รับจำนวนเต็มบวก A, B, C และ D แบบสุ่ม ที่ $1 \leq A, B, C, D \leq 350$

+++++

7. อัจฉริยะเกมผกผัน (AG_InversionGame)

ที่มา: ข้อสอบห้า Agile Programming Contest 2021 โจทย์สำหรับตัวผู้แทนศูนย์ สอน. คอมพิวเตอร์ ม.บูรพา รุ่น17

หลังจากฝึกทำโจทย์มาตั้งนานก็อาจจะรู้สึกเบื่อบ้างเป็นธรรมดา วันนี้โปรแกรมเมอร์เลยหาเกมมาให้เพื่อน ๆ ได้เล่นกัน เกมนี้มีชื่อว่า "เกมผกผัน" (Inversion Game) ซึ่งวิธีการเล่นก็ง่ายมาก

เริ่มต้นมีลำดับ 1, 2, 3, ..., 1,000,000,000 มาให้ แล้วโปรแกรมเมอร์ก็จะทำการสลับเลข N ครั้ง แต่ละครั้งจะกำหนดตำแหน่ง i และตำแหน่ง j มาให้ทำการสลับเลขใดที่อยู่ใน 2 ตำแหน่งนั้น และเมื่อสลับครบแล้ว โปรแกรมเมอร์ก็จะถามว่า มี Inversion ทั้งหมดกี่คู่ เนื่องจากคำตอบอาจมีค่ามาก ให้ตอบเศษจากการหารด้วย 1,000,000,007

งานของคุณ

จงเขียนโปรแกรมเพื่อผ่อนคลาย (?) หลังจากฝึกทำโจทย์มานาน

ข้อมูลนำเข้า

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวก Q แทนจำนวนคำถาม โดยที่ $Q \leq 3$ ในแต่ละคำถาม

บรรทัดแรก รับจำนวนเต็ม N แทนจำนวนครั้งการสลับ โดยที่ $N \leq 10^4$

อีก N บรรทัดต่อมา รับจำนวนเต็ม i j แทนตำแหน่งที่ต้องการสลับ โดยที่ $1 \leq i, j \leq 10^9$ และ i ไม่เท่ากับ j

20% ของชุดข้อมูลทดสอบ จะมีค่า i j ไม่เกิน 10^5 และ i ไม่เท่ากับ j

ข้อมูลส่งออก

มีทั้งสิ้น Q บรรทัด แต่ละบรรทัดแสดงเศษจากการหารจำนวนคู่ Inversion ด้วย 1,000,000,007

ตัวอย่าง

ข้อมูลนำเข้า	ข้อมูลส่งออก
1	6
2	
5 9	
6 5	

คำอธิบายตัวอย่างที่ 1

มีการสลับ 2 ครั้ง จะได้ลำดับ 1, 2, 3, 4, 6, 9, 7, 8, 5, 10, 11, 12, ... ซึ่งมีจำนวน Inversion ทั้งหมด 6 คู่ ได้แก่ (6, 5), (9, 7), (9, 8), (9, 5), (7, 5) และ (8, 5)

+++++

8. อไจล์ดีเอ็นเอพาลินโดรม (AG_Palindrome)

ที่มา: ข้อสอบ Agile Programming Contest 2021 โจทย์สำหรับตัวผู้แทนศูนย์ สอน. คอมพิวเตอร์ ม.บูรพา รุ่น 17

A
EVE
RADAR
REVIVER
ROTATOR
LEPERS REPEL
MADAM I'M ADAM
STEP NOT ON PETS
DO GEESE SEE GOD
PULL UP IF I PULL UP
NO LEMONS, NO MELON
DENNIS AND EDNA SINNED
ABLE WAS I ERE I SAW ELBA
A MAN, A PLAN, A CANAL, PANAMA
A SANTA LIVED AS A DEVIL AT NASA
SUMS ARE NOT SET AS A TEST ON ERASMUS
ON A CLOVER, IF ALIVE, ERUPTS A VAST, PURE EVIL; A FIRE VOLCANO
ตัวอย่าง คำ วลี หรือ ประโยคที่เป็นพาลินโดรม

ในปีคริสตศักราช 2021 ที่เรากำลังดำรงชีวิตอยู่นี้ เราก็ต้องเคยผ่านวันที่ 12 กุมภาพันธ์ ค.ศ. 2021 ซึ่งในวันนี้อาจจะเป็นวันธรรมดา แต่แท้ที่จริงแล้ววันนี้เป็นวันพาลินโดรม 12 02 2021 วันนี้ที่สอบ Agile Programming 2021 กันต้องรู้จักกับคำว่า "พาลินโดรม" เสียก่อน สังเกตเห็นอะไรไหม เลขดังกล่าวนี้จะเรียงกันแบบสมมาตร ไม่ว่าจะอ่านจากซ้ายไปขวาหรือขวามาซ้าย ก็จะได้เหมือนกัน ซึ่งเรียกกันว่า "พาลินโดรม"

พาลินโดรม (Palindrome) หมายถึงกลุ่มของตัวเลข ตัวอักษร หรือสัญลักษณ์ใด ๆ ที่มีลักษณะสมมาตร คือไม่ว่าจะอ่านจากซ้ายไปขวา หรือจากขวามาซ้าย ก็จะอ่านออกมาได้เหมือนกัน

ตัวอย่างของพาลินโดรมที่เป็นตัวเลขก็อย่างเช่นที่ยกมาให้ดูแล้ว 12022021 หรือตัวเลขอื่นเช่น 77 131 2442 เป็นต้น ส่วนที่เป็นตัวอักษรก็มีเช่นเดียวกัน เช่น ในภาษาอังกฤษ ก็มีคำที่มีลักษณะแบบนี้อยู่หลายคำ เช่น dad mom noon madam หรือแม้กระทั่งเป็นวลีหรือประโยคยาว ๆ ก็มีคนคิดขึ้นมาเช่นกัน เช่น

Do geese see God?

Was it Eliot's toilet I saw?

Murder for a jar of red rum. เป็นต้น

ส่วนในภาษาไทยอาจจะหาได้ยากหน่อย เพราะภาษาไทยมีสระบนล่างรวมถึงวรรณยุกต์ด้วย แต่ก็มียู่บ้าง เช่น นอน, กวัก, วาว, กาฝาก, กอดอก, ทายาท เป็นต้น (ส่วนที่เป็นประโยคยาว ๆ ถ้านับสระบนล่างและวรรณยุกต์ด้วย นี่ก็ไม่ออกเลย แต่ถ้าไม่นับสระบนล่างและวรรณยุกต์ หรือนับทีละพยางค์ ก็พอมีอยู่)

นอกจากในตัวเลขและตัวอักษรแล้ว ในทางดนตรีก็มีการนำแนวคิดนี้ไปใช้ในการแต่งเพลงด้วย อย่างเช่นเพลงซิมโฟนี หมายเลข 47 ของฟรานซ์ โจเซฟ ไฮเดิน ที่มีชื่อว่า The Palindrome เพราะในตอนต้นของเพลงนี้ ได้มีการแต่งทำนอง โดยให้ช่วงที่สองเล่นย้อนตัวโน้ตกลับจากช่วงแรก

นอกจากพาลินโดรมแบบ 1 มิติ คือจากซ้ายไปขวาและขวามาซ้ายแล้ว ก็ยังมีคนคิดพาลินโดรมแบบ 2 มิติ คือเป็นตารางที่ทั้งกลับซ้ายไปขวาและบนลงล่างด้วย เช่น

G E L

E Y E

L E G

เราพูดถึงพาลินโดรมมาเยอะพอแล้ว เข้าเรื่อง Palindromic DNA ได้ เนื่องจากเขียนหยกแห่งบูรพาได้เปรยว่าข้อสอบกลางค่ายหนึ่ง ข้อที่ 5 ของพีพีทให้หาจำนวนช่วงของ DNA หนึ่งว่ามี palindromic substring อยู่กี่ substring นั้นเป็นข้อสอบที่

โคตรรรรรรรรรรรรรรร่ง่าย พี่พีทพร้อมทีมงานเลยให้เขียนหยก พร้อมทั้งผู้แทนศูนย์ทุกคนแก้ปัญหานี้โดยให้จำแนกว่ามี palindromic substring แต่ละขนาดอยู่เท่าไรใน string ตั้งต้นและเปลี่ยน constraint เป็น $1 \leq N \leq 10^6$ น่าจะยากพอแล้ว

งานของคุณ
จงเขียนโปรแกรมเพื่อจำแนกว่ามี palindromic substring แต่ละขนาดอยู่เท่าไรใน string ตั้งต้น

ข้อมูลนำเข้า

- บรรทัดแรก รับจำนวนเต็มบวกหนึ่งจำนวน คือ N แทนความยาว string โดยที่ $1 \leq N \leq 10^6$
- บรรทัดที่สอง รับสตริงของตัวอักษรภาษาอังกฤษตัวพิมพ์ใหญ่ขนาด N หนึ่งสตริงประกอบด้วย A, T, C และ G เท่านั้น
- 20% ของชุดข้อมูลทดสอบ จะมีค่า N ไม่เกิน 200
- 50% ของชุดข้อมูลทดสอบ จะมีค่า N ไม่เกิน 10,000

ข้อมูลส่งออก

มี N บรรทัด โดยบรรทัดที่ i แทนว่ามี palindromic substring ขนาด i อยู่กี่ substring

ตัวอย่าง

ข้อมูลนำเข้า	ข้อมูลส่งออก
5	5
ATATA	0
	3
	0
	1

คำอธิบายตัวอย่างที่ 1

มี substring ที่เป็น palindromic substring อยู่ 9 substring คือ A จำนวน 3 substing, T จำนวน 2 substing, ATA จำนวน 2 substring, TAT จำนวน 1 substring และ ATATA จำนวน 1 substring ทำให้ palindromic substring ที่มีขนาด 1, 2, 3, 4 และ 5 มีจำนวน 5, 0, 3, 0 และ 1 ตามลำดับ

+++++