



Problema G

En busca del genoma perdido

Tras unos recientes hallazgos en un laboratorio andaluz, se ha desatado una carrera contrarreloj para descifrar secretos ocultos en el ADN. Los científicos han descubierto que ciertas regiones, donde se concentra un elevado número de las bases citosina (C) y guanina (G), y a la vez se limita la presencia de adenina (A) y timina (T), podrían estar relacionadas con mecanismos de defensa celular y adaptación a ambientes adversos. Debido al (extremo) clima veraniego de esta región, sería muy interesante estudiar estas secuencias para poder desarrollar nuevos tratamientos y herramientas que hagan los veranos más soportables. El objetivo es analizar diversas secuencias de ADN para identificar aquellas subsecuencias que cumplan simultáneamente las siguientes condiciones:

1. Una abundancia marcada de los nucleótidos guanina (G) y citosina (C), fundamentales para la estabilidad estructural del ADN. Es imprescindible que en cada región se encuentren al menos N nucleótidos de guanina y al menos N nucleótidos de citosina.
2. Una baja presencia de los nucleótidos adenina (A) y timina (T), que se ha observado podrían estar relacionados con una menor vulnerabilidad a ciertas agresiones ambientales. Por ello, cada región debe contener menos de M nucleótidos de adenina y menos de M nucleótidos de timina.

Debido a la diversidad en el tamaño de las regiones de interés, los científicos han decidido analizar todas aquellas subsecuencias contiguas cuya longitud se encuentre en un intervalo variable, definido por un tamaño mínimo y un tamaño máximo.

Entrada

La entrada comienza con una línea que contiene un entero O ($1 \leq O \leq 10^4$), el número de casos de prueba. Cada caso de prueba se describe de la siguiente forma:

- Una línea con cinco enteros L , $Kmin$, $Kmax$, N y M ($1 \leq L \leq 10^6$, $1 \leq Kmin \leq Kmax \leq L$, $0 \leq N \leq Kmin$, $1 \leq M \leq Kmin + 1$), donde:
 - L es la longitud de la cadena de ADN.
 - $Kmin$ y $Kmax$ definen el rango de tamaños de subsecuencias a analizar, ambos incluidos.
 - N es el umbral mínimo requerido para cada uno de los nucleótidos ‘G’ y ‘C’ (la cantidad debe ser mayor o igual que N).
 - M es el umbral máximo estricto permitido para cada uno de los nucleótidos ‘A’ y ‘T’ (la cantidad debe ser estrictamente menor que M).
- Una línea con una cadena de ADN de longitud L , compuesta únicamente por los caracteres ‘A’, ‘C’, ‘G’ y ‘T’.



Salida

Para cada caso de prueba, imprime una línea que contenga un entero: el número de subsecuencias en la cadena de ADN que cumplen con las condiciones descritas.

Ejemplos de Entrada y Salida

Entrada de ejemplo	Salida de ejemplo
2	16
10 3 5 1 2	1
ACGTGGCATG	
8 2 4 1 2	
GATTACAG	