

DNA là phân tử mang thông tin di truyền mã hóa cho hoạt động sinh trưởng, phát triển, chuyên hóa chức năng và sinh sản của các sinh vật và thực vật.

Bốn base trong DNA là adenine (viết tắt A), cytosine (C), guanine (G) và thymine (T). Bốn base này gắn với nhóm đường/phosphat để tạo thành nucleotide hoàn chỉnh, như adenosine monophosphate. Adenine ghép cặp với thymine và guanine ghép cặp với cytosine, ký hiệu bằng các cặp base A-T và G-C.

Các nhà khoa học khảo sát một loại cây có DNA xác định bởi chuỗi độ dài n , trong đó $s_i = 'C'$ tương ứng với cặp base $G-C$ và $s_i = 'T'$ tương ứng với cặp base $A-T$, $i = 1 \div n$.

Để nghiên cứu tính trội của cặp $G-C$ người ta loại bỏ trong đoạn từ lf đến rt một số cặp $A-T$ sao cho khi quan sát từ trái sang phải và từ phải sang trái trong đoạn đang xét số lượng cặp $G-C$ bao giờ cũng không ít hơn số cặp $A-T$.

Có q dự án nghiên cứu, dự án thứ j nghiên cứu đoạn từ lf_j đến rt_j , $j = 1 \div q$. Một trong số các dự án đó sẽ được chọn.

Hãy các định số lượng ít nhất cặp base $A-T$ cần loại bỏ trong mỗi dự án.

Dữ liệu: Vào từ file văn bản GENETECH.INP:

- + Dòng đầu tiên chứa một số nguyên n ($1 \leq n \leq 5 \times 10^5$),
- + Dòng thứ 2 chứa chuỗi s độ dài n chỉ gồm các ký tự trong tập $\{'C', 'T'\}$,
- + Dòng thứ 3 chứa số nguyên q ($1 \leq q \leq 5 \times 10^5$),
- + Dòng thứ j trong q dòng sau chứa 2 số nguyên lf_j và rt_j ($1 \leq lf_j \leq rt_j \leq n$).

Kết quả: Đưa ra file văn bản GENETECH.OUT số lượng ít nhất cặp base $A-T$ cần loại bỏ trong mỗi dự án, mỗi số trên một dòng, dưới dạng số nguyên.

Ví dụ:

GENETECH.INP	GENETECH.OUT
14	4
CTCTTTCCTTCTTT	6
5	2
3 12	4
1 14	3
3 8	
2 9	
3 11	

