

# CONTAGEM DE NUCLEOTÍDEOS

Nucleotideos.[ c | cpp | java | cs | py ]

O DNA (ácido desoxirribonucleico) é a molécula que carrega toda a informação genética dos seres vivos, sendo essencial para a transmissão de características hereditárias de uma geração para a outra. Ele é composto por longas cadeias de unidades básicas chamadas nucleotídeos. Cada nucleotídeo é formado por três componentes:

- Um grupo fosfato
- Um açúcar (desoxirribose) e
- Uma base nitrogenada

Existem quatro tipos de bases nitrogenadas que compõem os nucleotídeos no DNA:

- Adenina (A),
- Citosina (C),
- Guanina (G)
- Timina (T).

Essas bases se pareiam de maneira específica (A com T, e C com G) para formar a famosa estrutura em dupla hélice do DNA.

A contagem dos nucleotídeos em uma sequência de DNA é uma tarefa básica, mas fundamental, em muitas análises genéticas e bioinformática. Essa contagem pode fornecer informações importantes sobre a estrutura e a função de uma sequência de DNA, e é utilizada em diversas aplicações, tais como: Identificação de padrões genéticos, cálculo do conteúdo GC, identificação de regiões codificadoras, análise de mutações entre outras.

Neste problema, você deve construir um programa de computador que receba uma sequência de bases nitrogenadas que compõe os nucleotídeos de uma sequência de DNA e faça a contagem de cada base nitrogenada.

## Entrada

A entrada é composta por apenas um caso de teste consistindo de uma única linha contendo uma quantidade indefinida de caracteres separados por um espaço em branco cada.

Cada um desses caracteres **B** representa uma base nitrogenada que compõe um nucleotídeo. A entrada termina quando o valor **B** = 'X' for lido.

**Restrição:**  $B \in \{ 'A', 'C', 'G', 'T' \}$  ou **B** = 'X', para terminar.

## Saída

O programa gera 4 linhas de saída contendo um número inteiro em cada linha.

Na primeira linha deve ser impresso um número inteiro,  $Q_A$ , representando a quantidade total de bases nitrogenadas do tipo Adeninas presentes na sequência de DNA informada na entrada.

Na segunda linha deve ser impresso um número inteiro,  $Q_C$ , representando a quantidade total de bases nitrogenadas do tipo Citosinas presentes na sequência de DNA informada na entrada.

Na terceira linha deve ser impresso um número inteiro,  $Q_G$ , representando a quantidade total de bases nitrogenadas do tipo Guaninas presentes na sequência de DNA informada na entrada.

E finalmente, na quarta linha deve ser impresso um número inteiro,  $Q_T$ , representando a quantidade total de bases nitrogenadas do tipo Timinas presentes na sequência de DNA informada na entrada.

Após a impressão de cada número inteiro,  $Q_A$ ,  $Q_C$ ,  $Q_G$  e  $Q_T$ , inclusive o último, salte uma linha.

## Exemplos

Entrada	Saída
T A G C X	1 1 1 1

Entrada
T A T T C A C T C A G A T T A C A C A T T C T T A C G X
Saída
8 7 2 10