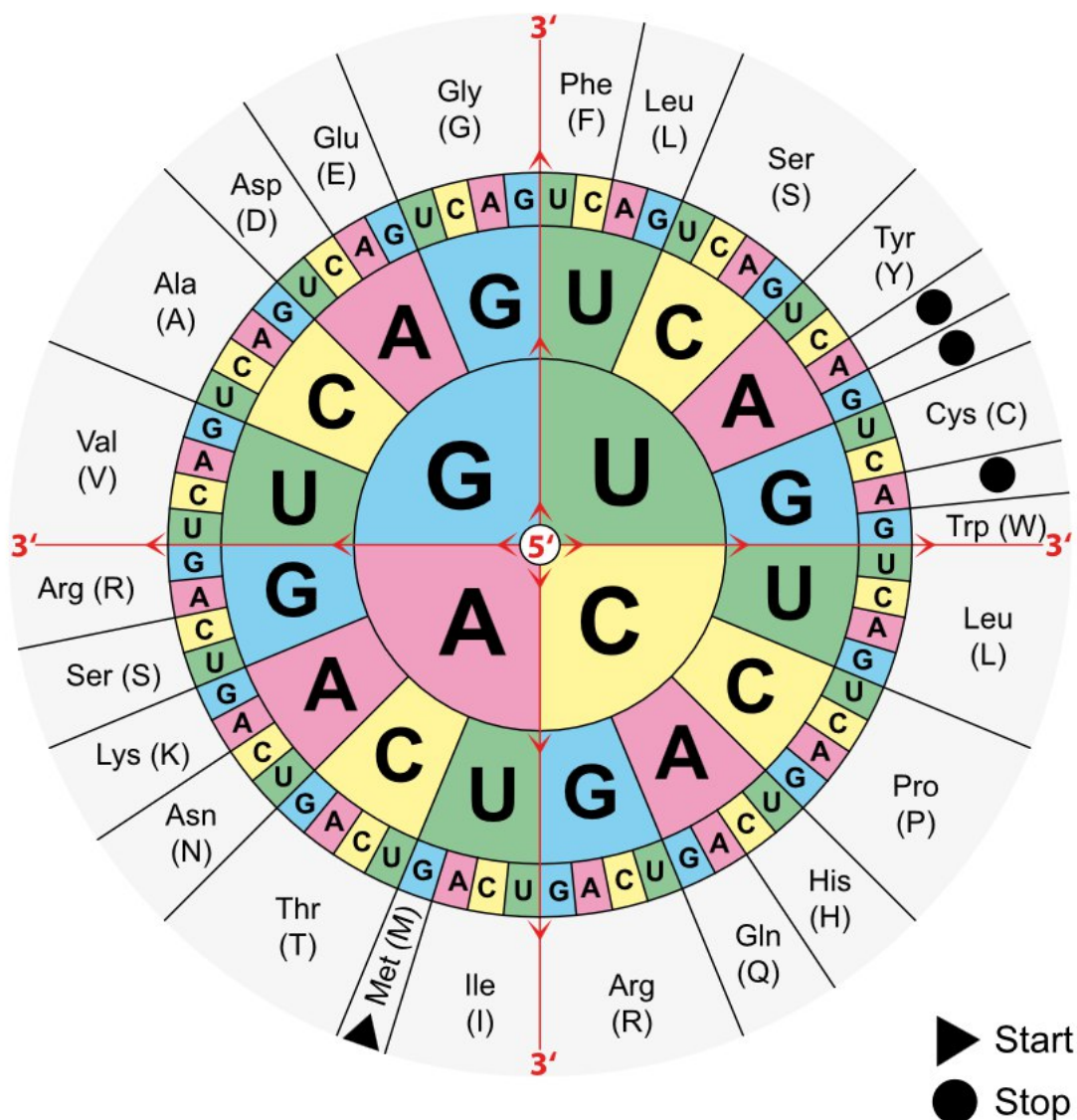


Мутация белка

Имя входного файла:	стандартный ввод
Имя выходного файла:	стандартный вывод
Ограничение по времени:	1 секунда
Ограничение по памяти:	1024 мегабайта

РНК можно рассматривать как длинную цепочку, составленную из *нуклеотидов*. В этой задаче *нуклеотидом* будем называть один из символов 'U', 'C', 'A', 'G'. Три подряд идущих нуклеотида образуют *кодон* (порядок нуклеотидов в кодоне важен). Каждому кодону соответствует некоторая *аминокислота*, при этом нескольким различным кодонам может соответствовать одна и та же аминокислота:



Соответствие кодонов аминокислотам

Выберем первый нуклеотид в центре, далее будем переходить на следующее кольцо по соответствующему нуклеотиду, соседнему со стороной фигуры.

Например, «AUG» — это кодон, который соответствует аминокислоте 'М'.

Обратите внимание, что старт кодон выглядит как «AUG», а стоп кодон — это один из вариантов: «UAA», «UAG», «UGA».

Будем говорить, что *белок* — это последовательность аминокислот, которая начинается с аминокислоты 'М' и заканчивается одной из аминокислот, являющихся стоп-кодоном (такие аминокислоты

обозначены в таблице кружком). Стоп-кодон не может встречаться в середине белка. Аминокислота ‘М’, напротив, может встречаться несколько раз.

Биолог исследует белок длины n . При синтезе РНК произошла ошибка: в неё было вставлено ещё k нуклеотидов в произвольные места. В результате получилась последовательность из $3n + k$ нуклеотидов, и биолог хочет восстановить какой-нибудь белок длины n .

Формат входных данных

В первой строке записано одно целое число t — количество наборов входных данных. В этой версии задачи во всех тестах $t = 1$.

Во $2 \cdot (t + 1)$ -й строке записаны два целых числа n и k ($2 \leq n \leq 10^5, 1 \leq k \leq 10^5$).

В $2 \cdot (t + 1) + 1$ -й строке записана строка длины $3n + k$, которая является последовательностью нуклеотидов. Гарантируется, что строка содержит только символы ‘U’, ‘C’, ‘A’, ‘G’.

Формат выходных данных

Выведите t строк, в каждой из них k различных целых чисел — номера удаляемых нуклеотидов в тесте t . Номера можно выводить в любом порядке.

Система оценки

В этой версии задачи 40 тестов помимо тестового примера из условия, каждый оценивается в 1 балл. Тестовый пример не оценивается.

Длина восстановленного белка len определяется следующим образом.

Рассмотрим строку, полученную после удаления некоторых нуклеотидов, и разобьём её на кодоны. Затем найдём первое вхождение старт-кодона и первое вхождение стоп-кодона, расположенное после него. Тогда длиной белка будем считать количество аминокислот от ‘М’ до этого стоп-кодона включительно.

Количество баллов за тест определяется по формуле

$$score = \frac{len}{n}.$$

Обратите внимание, что если у вас выполнится одно из трёх условий:

- 1. Нет ни одного старт кодона
- 2. Нет ни одного стоп кодона
- 3. Все старт кодоны находятся после всех стоп кодонов

То вы получите 0 баллов за тест.

Подзадача	Баллы	Доп. ограничения
0	0	тесты из условия
1	8	$2 \leq n \leq 6, 1 \leq k \leq 6$
2	8	$k = 1$
3	8	$k = 2$
4	8	$k = 3$
5	8	Вставка происходит только между соседними кодонами

Пример

стандартный ввод	стандартный вывод
1 2 1 AUUGUGA	3

Замечание

Для удобства обозначим стоп кодон как ‘e’.

В первом примере после удаления нуклеотидов под номером 3 получим последовательность нуклеотидов AUGUGA, разобьём её на кодоны AUG, UGA — это соответствует белку Me. Его длина равна 2.