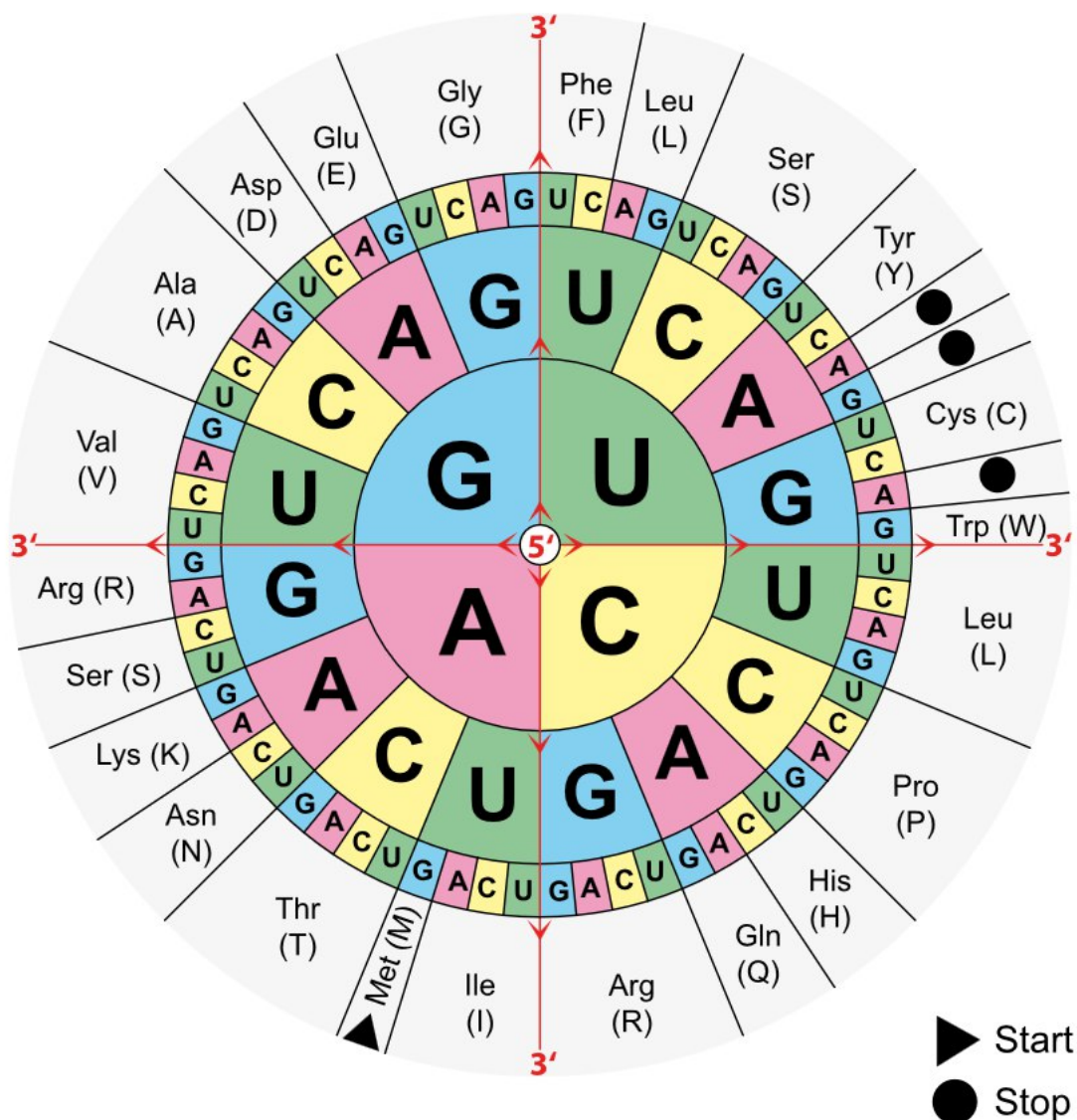


# Мутация белка

Имя входного файла:	стандартный ввод
Имя выходного файла:	стандартный вывод
Ограничение по времени:	15 секунд
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 тестов. В этой версии задачи  $t = 20$ .

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

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

$$score = \frac{len}{n} \cdot 3.$$

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.

### 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.