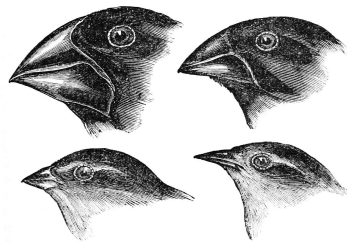


# Úloha č. 1

## Darwinovy pěnkavy



Tato úloha je vyhodnocována automaticky. Je potřeba, aby výstup programu **přesně** korespondoval se specifikací výstupu níže. Jak odevzdávat tento typ úloh se můžeš dočíst na webových stránkách FIKSu pod záložkou „Jak řešit FIKS“.

Na Galapážském souostroví lze nalézt velmi zajímavá zvířata. Evoluce zde stále pracuje a vznikají tak nové živočišné druhy. Některá zvířata by se tak dokonce dala považovat za příslušníky více druhů. Naše ZOO by chtěla získat takto unikátního živočicha. Abychom měli jistotu, že daný jedinec je příslušníkem alespoň dvou živočišných druhů, je potřeba získat další dvě zvířata navzájem různého druhu, která sdílí svůj druh s prvním jedincem.

Naštěstí naše expedice již pochytila několik pěnkav, které se jeví jako skvělí kandidáti. Určit pouhým okem zda dvě pěnkavy jsou stejného druhu není přesné, a proto se určení shodnosti druhů provádí pomocí prozkoumání jejich DNA.

Řekneme, že dva jedinci  $A$ ,  $B$  s DNA řetězci  $S_A$ ,  $S_B$ , jsou stejného druhu právě tehdy, když lze řetězec  $S_A$  převést na řetězec  $S_B$  pomocí maximálně  $K$  operací přidání, smazání nebo přepsání libovolného znaku.

Vzorky DNA byly pěnkavám již odebrány, a tak poslední část je na tobě. Dokážeš zjistit, které pěnkavy jsou pro naši ZOO zajímavé?

Trojici pěnkav  $A$ ,  $B$ ,  $C$  nazveme zajímavou pokud:

- Pěnkavy  $A$  a  $B$  lze považovat za pěnkavy stejného druhu.
- Pěnkavy  $B$  a  $C$  lze považovat za pěnkavy stejného druhu.
- Pěnkavy  $A$  a  $C$  nelze považovat za pěnkavy stejného druhu.

### Vstup

Na prvním řádku vstupu se nachází číslo  $T$  určující počet testů. Následuje  $T$  zadání testovacích vstupů. Každý test začíná řádkem obsahujícím čísla  $N$  a  $K$  ( $3 \leq N \leq 100$ ,  $0 \leq K \leq 100$ ), kde  $N$  určuje počet vzorků DNA a  $K$  říká, jak moc se může DNA dvou pěnkav lišit, aby byly považovány za jedince stejného druhu. Následuje  $N$  zápisů DNA jednotlivých ptáků. DNA pěnkavy je zapsáno jako číslo  $L_i$  tvořené ASCII číslicemi, mezera a následně řetězec bytů délky  $\lceil \frac{L_i}{4} \rceil$  reprezentující DNA  $i$ -té pěnkavy, za nímž je znak pro ukončení řádky.

Každý byte v DNA je rozdělen na 4 části po 2 bitech. Každá tato část určuje jednu z nukleových bází adenin (A), guanin (G), cytosin (C) nebo thymin (T). Převod z 2 bitů na nukleovou bázi se odvíjí následující tabulkou:

2 bity	00	01	10	11
nukleová báze	A	C	G	T

Nukleové báze jsou v bytu uloženy směrem od nejvíce důležitého bitu po nejméně důležitý bit, takže např. DNA řetězec **CGAT** je binárně reprezentováno jako 01100011 a reprezentuje se jedním ASCII znakem **c**. Obecně nelze předpokládat, že byte bude reprezentovatelný tisknutelným znakem, je třeba číst DNA binárně.

Je zaručeno, že za každým číslem je právě jeden „bílý“ znak a to mezera nebo odsazení řádku.

## Výstup

Za každý test odpověz číslo  $P$  na PRVNÍ řádek, znamenající počet trojic  $A, B, C$ , kde  $A < C$ , takových, že pěnkava  $B$  je stejného druhu jako pěnkava  $A$  i  $C$ , ale pěnkavy  $A, C$  stejného druhu nejsou. Následně vypiš  $P$  řádků, na každém uveď jednu takovou unikátní trojici.

*Za každý vyřešený test obdržíte 1 bod. Náročnost testů postupně stoupá. Pro vyřešení všech testů v časovém limitu je nutné vhodně využít informaci o velikosti  $K$ .*

## Ukázkové vstupy

Vstup	Nukleové báze	Výstup
1	1	2
5 2	5 2	0 1 3
4 c	4 CGAT	0 2 3
6 IO	6 CAGCAT	
6 k0	6 CGGTAT	
8 Js	8 CAGGCTAT	
4 -	4 AGTC	

Pro zadaný vstup odpovídá počet použitých operací, při porovnávání shodnosti druhů pěnkav, hodnotám uvedeným v následující tabulce. Řádky i sloupce jsou indexy DNA pěnkav ze vstupu.

	0	1	2	3	4
0	0	2	2	4	3
1	2	0	2	2	4
2	2	2	0	2	4
3	4	2	2	0	5
4	3	4	4	5	0