

DNA

A análise genômica teve avanços significativos nessa última década, culminando com o completo mapeamento do genoma humano.

Há muitas formas de armazenar os dados gerados por esse mapeamento, mas uma das formas mais comuns de manipular os elementos é com o uso de listas duplamente encadeadas, que contém a informação das bases de DNA na ordem que parecem em um gene. Cada tipo de base é representada por um caractere.

As análises desses dados vão de contagem à simulação de crossover. A contagem precisa ser realizada para cada gene.

E nesse caso, se conta o número de vezes que cada elemento aparece no gene, gerando uma nova lista tendo como informações a base e quantas vezes ela aparece no gene.

ENTRADA

Cada linha contém um inteiro N, de 10 a 300 pares de bases, que indica a quantidade de pares do gene a ser analisado.

Na sequência há N linhas da entrada corresponde ao mapeamento de um gene, cada linha contém um caractere representando as bases do DNA (cada caractere pode ser A, T, C ou G)

SAÍDA

São produzidas 4 linhas de saída, contendo em ordem alfabética o caracter que representa a base e quantas vezes a base apareceu no gene, seguida de '\n'

EXEMPLO

Entrada

45

T

T

T

C

A

A
G
T
T
A
T
C
C
C
C
T
A
T
C
G
T
G
G
C
A
T
C
C
C
A
A
A
A

T
T
A
T
C
T
A
A
G
T
G
G

SAÍDA

A 12

C 11

G 7

T 15