

EL PROYECTO GENOMA

Una cadena de ADN es una palabra compuesta por las letras A, C, G y T. Queremos clasificar dichas cadenas según las relaciones entre sus integrantes considerados por parejas. Dada la cadena $X = x_1 x_2 \dots x_k$, el par (x_m, x_n) está ordenado si x_m es alfabéticamente menor o igual que x_n . Definimos la función $\text{desorden}(X)$ como el número de pares desordenados (x_m, x_n) tales que $m < n$. Así, $\text{desorden}(\text{"CCGATC"}) = 5$, siendo los pares desordenados (x_1, x_4) , (x_2, x_4) , (x_3, x_4) , (x_3, x_6) y (x_5, x_6) .

Objetivo

Dada una lista de cadenas de ADN todas del mismo tamaño, producir una lista de las mismas cadenas ordenadas según el valor de la función *desorden*.

Entrada

La entrada del programa consiste de una secuencia de líneas, que residen en un archivo de texto (ASCII) con nombre GENOMA.IN, que tendrá el siguiente formato:

- La primera línea (la 1) contiene el número m de cadenas de ADN que aparecen en la entrada. Podéis suponer que se cumple $1 \leq m < 100$.
- Las m líneas siguientes (de la 2 a la $m+1$) contienen, cada una, una cadena de ADN. Cada cadena está formada íntegramente por las letras A, C, G y T. Todas las líneas tendrán la misma longitud.

Salida

La salida del programa ha de grabarse en un archivo de texto (ASCII) con nombre GENOMA.OUT, que contendrá una secuencia de m líneas con las mismas cadenas de ADN que en la entrada, pero ordenadas crecientemente según el valor de la función *desorden* aplicada sobre ellas. Aquellas cadenas con el mismo valor de *desorden* se ordenarán alfabéticamente, también de menor a mayor.

EJEMPLO:

GENOMA.IN	GENOMA.OUT
6	AACATGAAGG
TTTTGGCCAA	CCCGGGGGGA
CCCGGGGGGA	GATCAGATTT
TTTGGCCAAA	ATCGATGCAT
GATCAGATTT	TTTTGGCCAA
AACATGAAGT	TTTGGCCAAA
ATCGATGCAT	