



Empodia

PROBLEMA

El anciano matemático y filósofo Pitágoras creía que la realidad es matemática en la naturaleza. En nuestros días, los biólogos estudian las propiedades de las biosecuencias. Una biosecuencia es una secuencia de M enteros, tal que

- Contiene cada uno de los números $0, 1, \dots, M-1$,
- Empieza con 0 y termina con $M-1$, y
- No tiene dos elementos $E, E+1$ en posiciones adyacentes en este orden.

Una subsecuencia consistente en elementos adyacentes de una biosecuencia se llama *segmento*.

Un segmento de una biosecuencia se llama un *intervalo enmarcado* si incluye a todos los enteros cuyos valores están entre el valor del primer elemento, que debe ser el elemento más pequeño del segmento, y el último elemento, que debe ser el más grande y diferente del primero. Un intervalo enmarcado se llama un *empodio* si no contiene ningún intervalo enmarcado menor.

Por ejemplo, considera la biosecuencia $(0, 3, 5, 4, 6, 2, 1, 7)$. Toda la biosecuencia es un intervalo enmarcado. Sin embargo, contiene otro intervalo enmarcado $(3, 5, 4, 6)$ y por consiguiente no es un empodio. El intervalo enmarcado $(3, 5, 4, 6)$ no contiene ningún intervalo enmarcado menor, así que es un empodio. Además, es el único empodio en esta biosecuencia.

Tienes que escribir un programa que, dada una biosecuencia, encuentre todos los empodios (el plural de empodio es *empodia* o empodios) en la biosecuencia.

ENTRADA

El fichero de entrada es `empodia.in`. La primera línea contiene un único entero M : el número de enteros en la biosecuencia. Las siguientes M líneas contienen los enteros de la biosecuencia en el orden de la secuencia. Cada una de estas M líneas contiene un solo entero.

SALIDA

El fichero de salida es `empodia.out`. La primera línea en este fichero contiene un entero H : el número de empodios en la biosecuencia de entrada. Las siguientes H líneas describen todas las empodia de la biosecuencia de entrada en el orden de aparición del punto de comienzo en la biosecuencia. Cada una de estas líneas contiene dos enteros A y B (en este orden) separados por un espacio, donde el A -ésimo elemento de la biosecuencia de entrada es el primer elemento del empodio y el B -ésimo elemento de la biosecuencia de entrada es el último elemento del empodio.



EJEMPLO DE ENTRADA Y SALIDA

empodia.in

```
8
0
3
5
4
6
2
1
7
```

empodia.out

```
1
2 5
```

RESTRICCIONES

En una entrada, $1.000.000 \leq M \leq 1.100.000$.

En todas las otras entradas, $1 \leq M \leq 60.000$.

Adicionalmente, en un 50% de las entradas, $M \leq 2.600$.