

Empodia

PROBLEMA

El antiguo matemático y filósofo Pitágoras, creía que la realidad es matemática en su naturaleza. Los biólogos actuales estudian las propiedades de las biosecuencias. Una biosecuencia es una secuencia de M enteros tal que:

- Contiene cada uno de los números $0, 1, 2, \dots, M-1$.
- Comienza con 0 y termina con $M-1$, y
- No tiene dos elementos $E, E+1$ en posiciones consecutivas en ese orden.

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

Un segmento de una biosecuencia se llama *intervalo enmarcado* si incluye todos los enteros cuyos valores estén entre el primer elemento, que debe ser el menor elemento del segmento y el último elemento, que deberá ser el mayor y diferente del primero. Un intervalo enmarcado se llama *empodio* si no contiene ningún intervalo enmarcado más chico.

Como un ejemplo, considere la biosecuencia $(0, 3, 5, 4, 6, 2, 1, 7)$. La biosecuencia completa es un intervalo enmarcado. Sin embargo, ésta contiene otro intervalo enmarcado $(3, 5, 4, 6)$ por lo cual no es un empodio. El intervalo enmarcado $(3, 5, 4, 6)$, no contiene otro intervalo enmarcado menor, por lo tanto es un empodio. Y más aún, éste es el único empodio en la biosecuencia dada.

Debes escribir un programa que, dada una biosecuencia, encuentre todos los empodios contenidos en ella.

ENTRADA

El nombre del archivo de entrada es `empodia.in`. La primera línea contiene un sólo número entero M : la cantidad de números enteros que integran la biosecuencia de entrada. Las siguientes M líneas, contienen los números enteros que integran la biosecuencia en el orden de la secuencia. Cada una de las M líneas, contiene sólo un número entero.

SALIDA

El nombre del archivo de salida es `empodia.out`. La primera línea de este archivo debe contener un número entero H : que es el número de empodios que hay en la biosecuencia de entrada. Las siguientes H líneas describen todas los empodios de la biosecuencia de entrada por orden de aparición desde el punto inicial de la biosecuencia. Cada una de esas líneas contienen dos números enteros A y B (en ese 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 ENTRADAS Y SALIDAS

empodia.in

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

empodia.out

```
1
2 5
```

RESTRICCIONES

En una entrada, $1.000.000 = M = 1.100.000$.

En las demás entradas, $1 = M = 60.000$.

Además, en el 50% de las entradas, $M = 2.600$.