

Bajtokwasy

dna

Bajtoccy genetycy zbadali już dokładnie sekwencje bajtokwasów nicienia *Bajtorhabditis elegans* i muszki *Bajtophila melanogaster*. Teraz przyszedł czas na *Trylobajty*. Okazało się, że sekwencje bajtokwasów wszystkich gatunków tych stworzeń pochodzą w pewnym sensie od sekwencji bajtokwasów innego zwierzątka - *Megabajtusa pospolitusa*. Naukowcy udowodnili, że mając sekwencję bajtokwasów $\langle p_1, p_2, \dots, p_n \rangle$ (która jest n -permutacją) tego drugiego

możemy z łatwością ustalić sekwencje bajtokwasów wszystkich gatunków *Trylobajtów*. Proces ten polega na znalezieniu wszystkich takich podciągów tej sekwencji $\langle p_i, p_j, p_k \rangle$, że $i < j < k$ oraz $p_i < p_j < p_k$ lub $p_i > p_j > p_k$. Odkrycie zatem jest naprawdę godne podziwu. Problem tylko polega na tym, aby ustalić ile tak właściwie tych podciągów możemy otrzymać. Cóż, do tego potrzeba sprawnego informatyka, zatem naukowcy proszą Cię o pomoc.

Wejście

Wejście rozpoczyna liczba testów $0 < t \leq 10$. Pojedynczy test to liczba $0 < n \leq 10^5$ oraz, po spacji, n -permutacja, która stanowi sekwencję bajtokwasów *Megabajtusa pospolitusa*.

Wyjście

Dla każdego testu należy wypisać odpowiedź w oddzielnej linii. Odpowiedzią jest liczba możliwych gatunków *Trylobajtów*, które pochodzą od danego *Megabajtusa pospolitusa*.

Przykład

Wejście:

```
2
3
1 2 3
5
4 2 3 5 1
```

Wyjście:

```
1
3
```

Wyjaśnienie do przykładu:

W drugim teście *Megabajtusa pospolitusa* ma sekwencję bajtokwasów $\langle 4, 2, 3, 5, 1 \rangle$. Liczba wszystkich monotonicznych podciągów 3-elementowych tej permutacji to 3 i są to: $\langle 4, 2, 1 \rangle$, $\langle 4, 3, 1 \rangle$ oraz $\langle 2, 3, 5 \rangle$. Mamy zatem trzy gatunki *Trylobajtów*.