

## Сгъни белтъка

По време на ученическите си години, Мечо Пух не намираше нищо интересно в учебниците по биология и химия. Откакто обаче Прасчо успя в домашни условия да синтезира всички видове мед, срещащи се в гората, Мечо се зарече да утрои годишния си добив, като измени генетичния материал на пчелите-майки, кодиран в аминокиселинни последователности. За целта е необходимо да се познава не само съставът на един белтък, но и неговото разположение. Евентуален провал би оставил Пух без мед в продължение на цяла година, и затова той изготви компютърен модел, който да намира най-вероятното разположение на **белтъчна структура в равнината**. Мечо се е погрижил да опрости модела, като е представил белтъка като последователност от хидрофобни(**H**) и полярни(**P**) аминокиселини и е задал енергията на пептидните връзки **HH**, **HP** и **PP** между две свързващи се аминокиселини, в зависимост от вида им. Всяка аминокиселина трябва да бъде самостоятелно поместена в клетка в квадратна решетка, така че всеки две съседни аминокиселини в белтъчната последователност да се намират в съседни клетки (т.е. с обща страна). Следвайки тенденцията в природата, максимизирайте сумата на енергиите на пептидните връзки, които се образуват само между аминокиселини в съседни клетки, които не са последователни в белтъчната структура.

На първия ред във входния файл **protein.in**, разделени с по един интервал, са записани четирите естествени числа: броят **K**( $25 \leq K \leq 500$ ) на аминокиселините в белтъчната последователност и енергиите на съответните връзки **HH**, **HP** и **PP**( $0 \leq HH, HP, PP \leq 10$ ). Следва ред с последователност от **K** символа 'H' и 'P' (номерирани от **1** до **K**), определящи вида на передната аминокиселина в белтъка.

На първия ред в изходния файл **protein.out** трябва запишете естествените числа **N** и **M**( $N, M \leq 500$ ), задаващи големината на решетката, в която сте избрали да разположите белтъка. Следват **N** реда с по **M** естествени числа на всеки ред, всяко от които указва номера на аминокиселината, поместена в съответната клетка, или числото **0** за незаета клетка.

### Примерен вход:

```
9 1 0 2
HRRHRNHRH
```

### Примерен изход (не задължително оптимален):

```
3 4
3 4 5 6
2 9 8 7
1 0 0 0
```

### Обяснение на примера:

Енергията на всяка от HH връзките е 1.

Енергията на всяка от HP връзките е 0.

Енергията на всяка от PP връзките е 2.

Номерацията на аминокиселините е:

```
123456789
HRRHRNHRH
```

Разположението на аминокиселините, предвид вида им (последователните аминокиселини са свързани с чертичка, а пептидните връзки са изобразени с диези):

```
R-H-R-H
| # # |
R#H-R-H
|
H . . .
```

Образуват се по една от всеки вид пептидни връзки (забележете, че една аминокиселина може да установи повече от една пептидна връзка), следователно сумата на енергиите на пептидните връзки е  $1+0+2=3$ .