

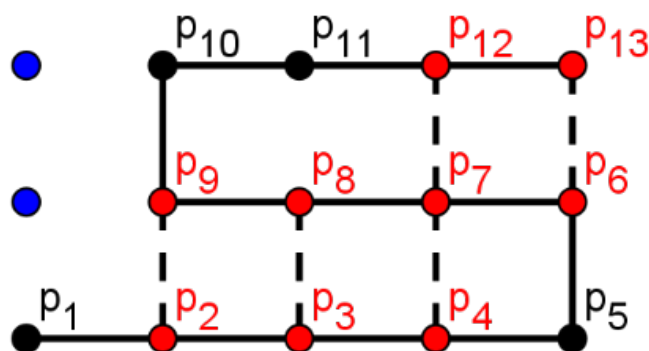
第二題：蛋白質摺疊 (Folding)

問題敘述

在計算生物學中，由輸入的氨基酸序列去預測蛋白質結構是最重要的開放性問題之一。舉例來說，在疏水-極性模型中，蛋白質折疊問題 Protein Folding Problem (PFP) 可以由氨基酸序列來預測蛋白質結構：

在疏水-極性模型中，20 種構成蛋白質的氨基酸被分為疏水性 Hydrophobic (H) 或極性 Polar (P) 兩類。根據這個分類，將蛋白質的主要氨基酸序列抽象為由字母 H 和 P 所構成長度為 n 的序列，我們將輸入的氨基酸序列表示為 $p = p_1 p_2 p_3 \cdots p_n$ ，其中 $p_i \in \{P, H\}$ ， p_i 是第 i 個氨基酸單體。

為了簡化問題，我們將序列不重疊的嵌入二維方形格點 (2D-lattice) 中來計算其結構強度。在這個問題中，我們規定這個結構必須為 **Zig-Zag 排列**：也就是說排列在二維方形格點中，從 p_1 開始往右，直到第一個轉折處往上並且必須馬上往左，直到下一個轉折處往上並且馬上往右、以此類推。



如圖所示，序列 PHHHPHHHPPHH 中的每個氨基酸單體需放置在相鄰的格子點中，相鄰的兩個疏水性 (H) 氨基酸會形成氫鍵鍵結，增加此結構的鍵節強度(原序列中就相鄰的 H 不計算)，由此，請你根據輸入的氨基酸序列計算此序列鍵結數最多的結構，輸出此結構的鍵結數量。

範例說明：圖中的紅點代表疏水性 Hydrophobic (H) 氨基酸，黑點代表極性 Polar (P) 氨基酸，其中共有 (p_2, p_9) 、 (p_3, p_8) 、 (p_4, p_7) 、 (p_6, p_{13}) 、 (p_7, p_{12}) 五對相鄰的疏水性 (H) 氨基酸會形成氫鍵(如圖中的虛線)，此結構的鍵結數量即為氫鍵的數量：5。

輸入格式

輸入包含一個由 H 和 P 組成的字串。

輸出格式

針對所輸入的資料，輸出該蛋白質序列的最大鍵結數量。

輸入範例 1 HPHHPPHP	輸出範例 1 2
--------------------	-------------

輸入範例 2 HHHPPHP	輸出範例 2 1
-------------------	-------------

輸入範例 3 PPHPHPPP	輸出範例 3 0
--------------------	-------------

評分說明

本題共有 4 個子任務，條件限制如下所示。每一子任務含有多筆測試資料，該組所有測試資料皆需答對才會獲得該組分數。

子任務	分數	額外輸入限制
1	15	$1 \leq \text{序列長度} \leq 20$
2	16	$1 \leq \text{序列長度} \leq 100$
3	30	$1 \leq \text{序列長度} \leq 500$
4	39	$1 \leq \text{序列長度} \leq 5000$