编写一个RNA secondary structure prediction (hydrogen-bond maximization) 程序，分两个部分：

1. filling step：能自动填写V，W两个array (AU: 2, GU:2, GC:3)。

2. traceback step: 输出具有最多hydrogen-bonds的一个RNA的二级结构。

规则见： Structure Prediction-recursion, trace back and VW tables.pdf

示例程序见：Source Code Examples , 能自己独立完成类似功能的程序即可。

（请务必提供编译环境和参数，可以用文字或者截图显示。）