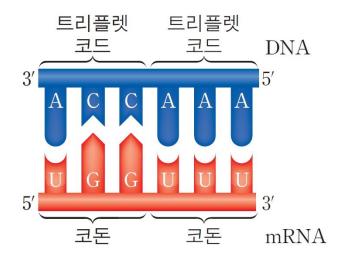
근손실 싫어! 단백질 좋아!

바야흐로 근손실의 시대이다. 우리는 매일매일 근손실을 방지하기 위해 매일매일 운동을 하고 단백질을 섭취한다. 그런데 우리 몸에서는 단백질을 합성하는 방식이 생각보다 복잡하다고 한다. 어떻게 단백질을 합성하는지 한번 살펴보자.

단백질은 여러 아미노산으로 이루어져있고, 이것의 합성은 DNA으로부터 시작한다. 이 DNA는 여러 염기의 서열로 구분되는데, 이를 이용해 우리 몸은 아미노산을 만들어내어 우리의 궁극적 목표인 단백질을 합성해낼 수 있다.



DNA는 세 개의 염기로 묶어서 하나의 **트리플렛 코드**를 이룬다. 이로부터 mRNA가 각염기에 대응하는 염기 서열을 만들어내는데, 이를 **전사**라고 하며, 이렇게 만들어진 mRNA의 세 개의 염기를 묶어 **코돈**이라고 한다. 전사는 다음과 같은 규칙으로 일어난다.

DNA	RNA
A (Adenine)	U (Uracil)
T (Thymine)	A (Adenine)
C (Cytosine)	G (Guanine)
G (Guanine)	C (Cytosine)

mRNA의 코돈 상태에 따라 단백질을 구성하는 아미노산의 종류와 결합 순서가 결정되게 된다.



어떤 코돈이 어떤 아미노산을 만들어내는지는 위의 표처럼 이미 밝혀져있다. 이때, AUG 코돈은 "개시 코돈"으로서, 모든 아미노산 합성이 시작되는 코돈이자 메싸이오닌 아미노산을 만들어내는 코돈이다. 그리고 UAA, UAG, UGA 코돈은 "종결 코돈"으로, 아미노산을 합성하지 않고 아미노산의 생성을 중단한다.

위 과정을 요약하면 다음과 같다.

- 1. DNA 의 염기 서열이 주어진다
- > TAC AGA ACA AAA ATT
- 2. 위 DNA 로부터 상보적으로 전사된 mRNA 의 서열을 알아낸다.
- > AUG UCU UGU UUU UAA
- 3. 염기 서열에 해당하는 코돈을 해석한다.
- ▶ 메싸이오닌 세린 시스테인 페닐알라닌

생명과학을 공부하는 노이만은 웰니스에서 벤치프레스를 하던 도중 문득 염기 서열에서 생성될 수 있는 아미노산의 수가 궁금해졌다. mRNA를 앞에서부터 해석할 수 있도록 DNA의 염기 서열이 주어질 때, 노이만을 도와 생성할 수 있는 단백질의 아미노산 개수를 구해보자.

입력

DNA의 트리플렛코드가 문자열 s로 주어진다. $(1 \le length(s) \le 100,000)$

출력

전사된 mRNA에서 생성되는 아미노산의 개수를 출력한다.

예시 입력 1

TACAGAACAAAAATT

예시 출력 1

4

예시 입력 2

GCCTTCTACCCCGGCAAAAGAATT

예시 출력 2

5