

Фолдинг белка

Ограничение времени на тест: 5 мин

Ограничение памяти на тест: ТВА

Ввод: стандартный

Вывод: стандартный

Представление белка

Одной из возможных моделей представления белковых последовательностей является гидрофобно-полярная модель, используемая в данной задаче. В модели белок является последовательностью из двух видов аминокислот: гидрофобных (H) и полярных (P). При этом соседство двух непоследовательных H -аминокислот в свертке дает вклад в энергию равный 1, а все остальные взаимодействия энергию никак не изменяют.

Задача

Имея белковую последовательность длины N , необходимо уложить (свернуть) ее на двумерную решетку со стороной L так, чтобы суммарная энергия белковой свертки равнялась K .

Входные данные

В первой строке дана белковая последовательность, состоящая из символов H и P . Длина последовательности равна N , где $N \in [4, 30]$.

Во второй строке даны размер стороны решетки L и суммарная энергия свертки K , где $L \in (\sqrt{N}, N)$ и $K \in [1, N]$.

В третьей строке и четвертой строках даны координаты первых двух элементов последовательности на решетке: (x_0, y_0) , (x_1, y_1) . Координаты даются через пробел без скобок и запятых, как в примерах к задаче.

Вывод

Требуется вывести N строк с координатами элементов последовательности на решетке (x_i, y_i) , $i \in [0, N - 1]$, $x_i \in [0, L - 1]$, $y_i \in [0, L - 1]$. Координаты выводятся через пробел без скобок и запятых, как в примерах к задаче.

Если последовательность нельзя уложить на решетку или нельзя получить суммарную энергию равную K , то следует вывести слово *unfolded*.

Пример

Ввод	Вывод
ННРРНН 3 1 0 0 1 0	0 0 1 0 2 0 2 1 1 1 1 2
ННРРНН 3 3 0 0 1 0	unfolded