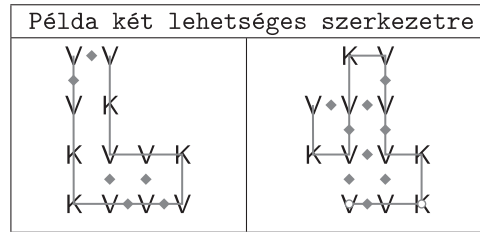


Makromolekulák (például proteinek) szerkezetét erősen leegyszerűsített formában vonzó- (V) és közömbös- (K) részek sorozatával írhatjuk le.

Például: KVVKVVVKVVKV

A vonzó-részek egymás mellé kerülése a térszerkezet kialakulásakor kedvező. A molekula szerkezetét karakterláncként írhatjuk le, amely modellünkben két dimenzióban feltekeredhet. A V-részek leginkább a molekulaszervezet belsejében halmozódnak fel és a K-részek kívül.



Az ábrán jelöltük a molekulaszervezet tekeredését és a VV elemek kapcsolatát. A természetben az a szerkezet kedvező stabilitású, amelynél több VV kapcsolat jön létre. A második szerkezetben 9, míg az elsőben csak 6 kapcsolat jött létre.

Készítsünk programot **S63** néven, amely meghatározza egy adott makromolekula legstabilabb szerkezetét.

A program a makromolekula szerkezetét fájlból olvassa be. Az eredményt, a molekula síkbeli alakját, amely a maximális számú VV kapcsolatot tartalmazza (ha több ilyen van, akkor elegendő egyet), a kapcsolatok számát és a molekula kapcsolódási sorrendjét a képernyőn jelenítjük meg. A program egyetlen parancssori argumentuma a bemeneti fájl legyen.

A bemenet egyetlen sora V és K karaktereket tartalmaz (maximum 20-at).

Példa a bemenetre	Kimenet
KVVKVVVKVVKV	K V V V V K V V K V V K Szomszédszám= 9 A molekula= KVVKVVVKVVKV

Beküldendő a program forráskódja (**s63.pas**, **s63.cpp**, ...) az **.exe** és más fordító által generált állományok nélkül, valamint a program rövid dokumentációja (**s63.txt**, **s63.pdf**, ...), amely tartalmazza a megoldás rövid leírását, és megadja, hogy a forrás melyik fejlesztői környezetben fordítható egy tömörített **s63.zip** állományban.