Fehérje

A fehérjék óriás molekulák, amelyeknek egy része az élő szervezetekben végbemenő folyamatokat katalizálják. Egy-egy fehérje aminosavak százaiból épül fel, melyek láncszerűen kapcsolódnak egymáshoz. A természetben a fehérjék fajtája több millió. Minden fehérje aminosavak különböző mennyiségű és sorrendű összekapcsolódásával épül fel. Az aminosavak mindegyike tartalmaz szenet (C), hidrogént (H), oxigént (O) és nitrogént (N), néhányban kén (S) is található.

Egy fehérje összegképletét megkaphatjuk a felépítő aminosavak sorrendjéből, figyelembe véve, hogy az aminosavak összekapcsolódása során minden kapcsolat létrejöttekor egy vízmolekula (H_2O) lép ki. Tudjuk, hogy a fehérjét felépítő aminosavakban előfordul a kiváláshoz szükséges számú oxigén-, és hidrogénatom.

A fehérjék szekvencia szerkezetét hasításos eljárással határozzák meg. Egyes enzimek bizonyos aminosavak után kettéhasítják a fehérjemolekulát, míg más enzimek akkor, ha adott aminosavak megfelelő sorban követik egymást.

Írj programot, amely

1. meghatározza az aminosavak relatív molekulatömegét és az aminosavakat a molekulatömegük, azon belül a rövidítésük alapján növekvő sorba rendezi!
2. meghatározza egy adott fehérje összegképletét!
3. meghatározza egy fehérjelánc hasítása után létrejövő leghosszabb darabjának a hosszát és eredeti helyét (több ilyen létezése esetén a legelsőt kell megadni)!
4. meghatározza a hasítás során keletkező első fehérjeláncban egy adott aminosav előfordulásainak számát!

Bemenet

A *standard bemenet* első sorában az 5 előforduló atom relatív atomtömege szerepel C, H, O, N, S sorrendben $(1 \le T_i \le 1000)$.

A következő sorban az aminosavak száma $(2 \le M \le 26)$ szerepel. A következő M sorban egy-egy aminosav leírása található: az aminosav 3 karakteres rövidítése (angol ábécé kisbetűit tartalmazza), betűjele (angol ábécé egy nagybetűje) és az egyes atomok darabszáma $(1 \le C,H,O,N \le 1000, 0 \le S \le 1000)$ szén, hidrogén, oxigén, nitrogén, kén sorrendben. Minden aminosav rövidítése és betűjele különböző.

A következő sor a 2-4. részfeladatokban feldolgozandó fehérje szerkezetét tartalmazza $(1 \le hossz(F) \le 10\,000)$.

A következő sor azon aminosavak számát $(1 \le K \le M)$ tartalmazza, melyek után a 3. részfeladatban vizsgált enzim kettéhasítja a fehérjeláncot. A következő sor ezen aminosavak betűjelét tartalmazza.

A következő sor egy L $(1 \le L < M)$ számot tartalmaz és a 4. részfeladatban megszámolandó aminosav betűjelét. A következő sor egy X aminosav betűjelét tartalmazza. A következő sorban L db aminosav betűjele van, melyek után hasítás történik, ha közvetlenül X után álltak $(L_i \neq X)$.

Kimenet

A *standard kimenetre* minden részfeladat eredménye előtt egy-egy, egyetlen # karaktert tartalmazó sort kell kiírni, amelyet a részfeladat eredményét tartalmazó egy vagy több sor követ! Ha egy részfeladatot nem tudsz megoldani, akkor csak a # karaktert kell kiírni! Ha a kimenet formailag nem felel meg ennek a követelménynek (pl. kevesebb/több # karaktert ír ki) akkor „Output formátum hiba” üzenetet ad az értékelő (akkor is, ha van helyes részfeladat megoldás).

Készült az ELTE IK és az NJSZT közös pályázatainak keretében

1. részfeladat: M sorba az aminosavak rövidítését és relatív atomtömegét kell írni, atomtömeg, majd rövidítés szerint növekvő sorban!

2. részfeladat: A fehérje összegképletét kell írni szén, hidrogén, oxigén, nitrogén, kén sorrendben! Az összegképletben csak az előforduló tagok szerepelnek!

3. részfeladat: A lánc hasítás utáni leghosszabb darabjának hosszát és az eredeti láncban előtte lévő aminosavak számát kell írni! MI VAN HA NINCS?

4. részfeladat: Az adott aminosav előfordulásainak számát kell írni a hasítás után keletkező első láncban! MI VAN HA NINCS?

Példa

Bemenet	Kimenet
12 1 16 14 32 3 gly G 2 5 2 1 0 cys C 3 7 2 1 1 glu E 5 9 4 1 0 GECEEC 2 G C 2 E C E G	# gly 75 cys 121 glu 147 # C 23 H 46 O 18 N 6 S 2 # 3 3 # 2

Korlátok

Időlimit: 0.1 mp.

Memórialimit: 32 MiB

Készült az ELTE IK és az NJSZT közös pályázatainak keretében