

Zadanie: NIE Niedbałość



XXVI OI, etap I. Plik źródłowy nie.* Dostępna pamięć: 512 MB.

8.10 – 12.11.2018

Pan Bajtazar, nauczyciel przyrody w Liceum nr $2^8 - 1$ w Bajtocji, jest strasznie niesprawiedliwy. Właśnie zadał Bajtkowi i jego kolegom zadanie domowe z genetyki polegające na określeniu maksymalnego stopnia pokrewieństwa między dwoma genotypami. Aby to zrobić, uczniowie muszą znaleźć najdłuższą sekwencję aminokwasów, która zawiera się w obu genotypach jako podciąg (niekoniecznie spójny). Nasi bohaterowie doskonale wiedzą, że zadanie jest bardzo mozolne, i nie mogą wyjść z podziwu, że Pan Bajtazar miałby poświęcać czas na sprawdzanie go, gdyż jest bardzo leniwy. Od starszych kolegów dowiedzieli się że, na szczęście, nauczyciel sprawdza zadanie niedbale – po prostu określa, czy do znalezionej przez uczniów sekwencji da się w pewnym miejscu dodać jakiś aminokwas, tak aby dalej zawierała się w obu genotypach. Jeśli nie da się tego zrobić, to zadanie jest zaliczone na szóstkę.

Zakładamy, że genotypy to ciągi złożone liter A, C, G i T. Niech $S = (s_1, \dots, s_n)$ i $T = (t_1, \dots, t_m)$ oznaczają podane dwa genotypy długości, odpowiednio, n i m . Zadanie domowe jest zaliczone na szóstkę, jeśli uczeń poda sekwencję $W = (w_1, \dots, w_k)$, która jest podciągami każdego z ciągów S i T i dla której żadna sekwencja W' długości $k+1$ zawierająca sekwencję W jako podciąg nie jest podciągami równocześnie genotypu S i genotypu T .

Pomóż Bajtkowi i jego kolegom lawirować po moralnej szarej strefie i otrzymać najwyższą ocenę.

Wejście

W pierwszym wierszu standardowego wejścia znajduje się pierwszy genotyp, przestawiony jako ciąg wielkich liter A, T, C i G o długości n . W drugim wierszu, w takim samym formacie jest opisany drugi genotyp, o długości m .

Wyjście

W pierwszym, jedynym wierszu standardowego wyjścia powinien pojawić się jeden ciąg złożony z liter A, C, G i T opisujący „nierozszerzalny” dowód pokrewieństwa między genotypami z wejścia. Jeśli jest więcej niż jedna poprawna odpowiedź, Twój program może wypisać dowolną z nich.

Możesz założyć, że wynik będzie zawsze niepusty.

Przykład

Dla danych wejściowych:

```
ACTAGG  
GATCA
```

poprawnym wynikiem jest:

```
ACA
```

lub:

```
ATA
```

lub:

```
G
```

Testy „ocen”:

1ocen: $n = m = 7$, tylko literki A i T;

2ocen: $n = 100$, $m = 10\,000$, pierwszy genotyp jest podciągami drugiego;

3ocen: $n = m = 1\,000\,000$, aminokwasy w pierwszym genotypie są ułożone alfabetycznie.

Ocenianie

Zestaw testów dzieli się na następujące podzadania. Testy do każdego podzadania składają się z jednej lub większej liczby osobnych grup testów.

Podzadanie	Warunki	Liczba punktów
1	$n, m \leq 12$	10
2	$n, m \leq 100$	10
3	$n, m \leq 1000$	10
4	$n, m \leq 50\,000$	20
5	$n, m \leq 1\,000\,000$, tylko aminokwasy A i T	20
6	$n, m \leq 1\,000\,000$	30