

Reconstrucția ADN-ului

Una dintre sarcinile bioinformaticii constă în reconstruirea secvenței ADN pe baza fragmentelor sale. ADN-ul este o moleculă care conține informația genetică a organismului. ADN-ul este format din două lanțuri, fiecare format dintr-o secvență de nucleotide. Nucleotidele pot fi de patru tipuri: adenină (A), citozină (C), guanină (G) și timină (T). Rar se obține întreaga secvență ADN completă. De obicei se obțin doar fragmente mici ale acesteia. Cu toate acestea, dacă se știe că fragmentele se suprapun, atunci se poate reconstrui întreaga secvență ADN. De exemplu, dacă se știe că secvența ADN constă din fragmentele ACGT și GTAG, atunci se poate afirma că secvența ADN este ACGTAG.

Sarcină: Elaborați un program care să reconstruiască secvența ADN în baza a două fragmente ADN.

Date de intrare: Intrarea standard conține pe prima linie primul fragment ADN, iar pe cea de a doua - al doilea fragment ADN. Ambele șiruri sunt formate din litere mari A, C, G, T

Date de ieșire: Ieșirea standard va conține secvența ADN reconstruită. Dacă există mai multe variante de reconstrucție, afișați toate secvențele ADN reconstruite cu cea mai mică lungime, fiecare pe câte o linie nouă.

Restricții: Lungimea fiecărui fragment nu depășește 1000 caractere. Toate fragmentele sunt formate din litere mari A, C, G, T. Restricțiile referitoare la timpul de execuție și volumul utilizat de memorie sunt date în descrierea generală a problemelor propuse pentru rezolvare. Fișierul sursă va avea denumirea `reconstructie.pas`, `reconstructie.c` sau `reconstructie.cpp`.

Exemple:

Intrare

```
ACGT
GTAG
```

Ieșire

```
ACGTAG
```

Intrare

```
AACGCG
CGCGT
```

Ieșire

```
AACGCGT
```