

## Восстановление ДНК

Одна из задач биоинформатики заключается в восстановлении последовательности ДНК по её фрагментам. ДНК — это молекула, которая содержит генетическую информацию организма. ДНК состоит из двух цепей, каждая из которых состоит из последовательности нуклеотидов. Нуклеотиды могут быть четырёх видов: аденин (A), цитозин (C), гуанин (G) и тимин (T).

Редко удастся получить всю последовательность ДНК целиком. Обычно удастся получить лишь её небольшие фрагменты. Однако, если известно, что фрагменты пересекаются, то можно восстановить всю последовательность ДНК. Например, если известно, что последовательность ДНК состоит из фрагментов ACGT и GTAG, то можно утверждать, что последовательность ДНК равна ACGTAG.

**Задача:** Разработайте программу, которая будет реконструировать последовательность ДНК на основе двух фрагментов ДНК.

**Входные данные:** Стандартный ввод содержит в первой строке первый фрагмент ДНК, а во второй строке - второй фрагмент ДНК. Обе строки состоят из больших букв A, C, G, T.

**Выходные данные:** Стандартный вывод будет содержать восстановленную последовательность ДНК. Если существует несколько вариантов восстановления, выведите все восстановленные последовательности ДНК наименьшей длины, каждую на новой строке.

**Ограничения:** Длина каждого фрагмента не превышает 1000 символов. Все фрагменты состоят из заглавных букв A, C, G, T. Ограничения по времени выполнения и объему используемой памяти приведены в общем описании задач, предлагаемых к решению. Исходный файл должен называться `reconstructie.pas`, `reconstructie.c` или `reconstructie.cpp`.

**Примеры:**

**Ввод**

```
ACGT
GTAG
```

```
AACGCG
CGCGT
```

**Вывод**

```
ACGTAG
```

```
AACGCGT
```