

JUEZ - Secuencias de ADN

Descripción:

Los investigadores de un laboratorio están estudiando secuencias de ADN. Tienen dos muestras diferentes, cada una ordenada alfabéticamente. Para facilitar su análisis, necesitan combinar ambas muestras en una única secuencia ordenada. Cada muestra contiene letras que representan las bases nitrogenadas del ADN (A, C, G, T).

El laboratorio necesita un programa que combine dos secuencias ordenadas en una única secuencia que mantenga el orden y que permita repeticiones. Debes implementar la función que realice esta mezcla de manera eficiente.

La función debe:

1. Recibir dos vectores ordenados de caracteres
2. Combinarlos en un único vector ordenado
3. Mantener el orden lexicográfico de los elementos
4. Preservar los elementos repetidos

Entrada:

La entrada comienza con el número de casos de prueba. Cada caso de prueba se describe de la siguiente manera:

- Primera línea: Dos números enteros n y m ($0 \leq n, m \leq 100,000$) que representan las longitudes de las dos secuencias.
- Segunda línea: n caracteres separados por espacios que representan la primera secuencia.
- Tercera línea: m caracteres separados por espacios que representan la segunda secuencia. La entrada termina cuando $n = m = 0$.

Salida:

Para cada caso de prueba, imprimir en una línea los caracteres de la secuencia resultante separados por espacios.

→ Ejemplo de Entrada:

```
3
43
ACGT
AGT
23
ATACG
34
ACT
AGGT
00
```

→ Ejemplo de Salida:

```
AACGGTT
AACGT
AACGGTT
```

