

Hieroglyphs

Un team di ricercatori sta studiando somiglianze tra sequenze di geroglifici. Ciascun geroglifico è rappresentato da un numero intero non negativo. Per svolgere il loro studio, i ricercatori utilizzano le seguenti definizioni sulle sequenze.

Data una sequenza A , una sequenza S è chiamata **sottosequenza** di A se e solo se S può essere ottenuto rimuovendo alcuni elementi (eventualmente nessuno) da A .

La tabella seguente mostra alcuni esempi di sottosequenze di una sequenza $A = [3, 2, 1, 2]$.

Sottosequenza	Come si può ottenere da A
$[3, 2, 1, 2]$	Nessun elemento viene rimosso.
$[2, 1, 2]$	$[3, 2, 1, 2]$
$[3, 2, 2]$	$[3, 2, \text{†}, 2]$
$[3, 2]$	$[3, \text{‡}, \text{†}, 2]$ o $[3, 2, \text{†}, \text{‡}]$
$[3]$	$[3, \text{‡}, \text{†}, \text{‡}]$
$[]$	$[3, \text{‡}, \text{†}, \text{‡}]$

Invece, $[3, 3]$ o $[1, 3]$ non sono sottosequenze di A .

Consideriamo due sequenze di geroglifici, A e B . Una sequenza S è chiamata **sottosequenza comune** di A e B se e solo se S è una sottosequenza sia di A che di B . Inoltre, diciamo che una sequenza U è una **sottosequenza comune universale** di A e B se e solo se sono soddisfatte le due seguenti condizioni:

- U è una sottosequenza comune di A e B .
- Ogni sottosequenza comune di A e B è anche una sottosequenza di U .

Si può dimostrare che due sequenze qualsiasi A e B hanno al massimo una sottosequenza comune universale.

I ricercatori hanno trovato due sequenze di geroglifici A e B . La sequenza A è composta da N geroglifici e la sequenza B è composta da M geroglifici. Aiuta i ricercatori a calcolare una sottosequenza comune universale delle sequenze A e B , oppure determina che tale sequenza non esiste.

Note di implementazione

Devi implementare la seguente funzione.

```
std::vector<int> ucs(std::vector<int> A, std::vector<int> B)
```

- A : un array di lunghezza N che descrive la prima sequenza.
- B : un array di lunghezza M che descrive la seconda sequenza.
- Se esiste una sottosequenza comune universale di A e B , la funzione deve restituire un array contenente questa sequenza. Altrimenti la funzione deve restituire $[-1]$ (un array di lunghezza 1, il cui unico elemento è -1).
- Questa funzione viene chiamata esattamente una volta per ogni caso di test.

Assunzioni

- $1 \leq N \leq 100\,000$
- $1 \leq M \leq 100\,000$
- $0 \leq A[i] \leq 200\,000$ per ogni i tale che $0 \leq i < N$
- $0 \leq B[j] \leq 200\,000$ per ogni j tale che $0 \leq j < M$

Subtask

Subtask	Punteggio	Limitazioni aggiuntive
1	3	$N = M$; sia A sia B sono costituiti da N numeri interi distinti compresi tra 0 e $N - 1$ (inclusi).
2	15	Per qualsiasi intero k , (il numero di elementi di A uguali a k) più (il numero di elementi di B uguali a k) è al massimo 3.
3	10	$A[i] \leq 1$ per ogni $0 \leq i < N$; $B[j] \leq 1$ per ogni $0 \leq j < M$.
4	16	Esiste una sottosequenza comune universale di A e B .
5	14	$N \leq 3000$; $M \leq 3000$.
6	42	Nessuna limitazione aggiuntiva.

Esempi

Esempio 1

Consideriamo la seguente chiamata.

```
ucs([0, 0, 1, 0, 1, 2], [2, 0, 1, 0, 2])
```

In questo caso, le sottosequenze comuni di A e B sono le seguenti: $[], [0], [1], [2], [0, 0], [0, 1], [0, 2], [1, 0], [1, 2], [0, 0, 2], [0, 1, 0], [0, 1, 2], [1, 0, 2]$ e $[0, 1, 0, 2]$.

Poiché $[0, 1, 0, 2]$ è una sottosequenza comune di A e B , e tutte le sottosequenze comuni di A e B sono sottosequenze di $[0, 1, 0, 2]$, la funzione deve restituire $[0, 1, 0, 2]$.

Esempio 2

Consideriamo la seguente chiamata.

```
ucs([0, 0, 2], [1, 1])
```

In questo caso, l'unica sottosequenza comune di A e B è la sequenza vuota $[]$. Ne consegue che la funzione deve restituire un array vuoto $[]$.

Esempio 3

Consideriamo la seguente chiamata.

```
ucs([0, 1, 0], [1, 0, 1])
```

In questo caso, le sottosequenze comuni di A e B sono $[], [0], [1], [0, 1]$ e $[1, 0]$. Si può dimostrare che non esiste una sottosequenza comune universale. Pertanto, la funzione deve restituire $[-1]$.

Grader di esempio

Formato di input:

```
N M
A[0] A[1] ... A[N-1]
B[0] B[1] ... B[M-1]
```

Formato di output:

```
T
R[0] R[1] ... R[T-1]
```

dove R è l'array restituito da `ucs` e T è la sua lunghezza.