

Dãy số nguyên không âm (a_1, a_2, \dots, a_n) được gọi là khớp với dãy số nguyên không âm (b_1, b_2, \dots, b_n) qua chuẩn M nếu $a_i \% M = b_i \% M$ với mọi $i = 1, 2, \dots, n$, trong đó $\%$ là phép chia lấy dư. Với hai dãy số nguyên không âm, việc tìm chuẩn M đối với Hoàng không phải là công việc khó, Hoàng còn muốn tìm chuẩn M lớn nhất một cách hiệu quả.

Yêu cầu: Cho hai dãy số nguyên không âm (a_1, a_2, \dots, a_n) , (b_1, b_2, \dots, b_n) và k cặp chỉ số (L_j, R_j) với $1 \leq L_j \leq R_j \leq n$, $j = 1, 2, \dots, k$. Với mỗi cặp chỉ số (L_j, R_j) , hãy tìm số nguyên dương M_j lớn nhất là chuẩn của hai dãy $(a_{L_j}, a_{L_j+1}, \dots, a_{R_j})$ và $(b_{L_j}, b_{L_j+1}, \dots, b_{R_j})$.

Dữ liệu: Vào từ file văn bản **seq.inp** có định dạng:

- Dòng đầu chứa số hai số nguyên dương n, k ($n \leq 10^5$);
- Dòng thứ hai gồm n số nguyên không âm a_1, a_2, \dots, a_n ;
- Dòng thứ ba gồm n số nguyên không âm b_1, b_2, \dots, b_n ($b_i \neq a_i$ với $i = 1, 2, \dots, n$);
- Tiếp theo là k dòng, dòng thứ j ($1 \leq j \leq k$) gồm 2 số nguyên dương L_j, R_j với $1 \leq L_j \leq R_j \leq n$, $j = 1, 2, \dots, k$.

Kết quả: Ghi ra file văn bản **seq.out** gồm k dòng, dòng thứ j là giá trị M_j lớn nhất là chuẩn của hai dãy $(a_{L_j}, a_{L_j+1}, \dots, a_{R_j})$ và $(b_{L_j}, b_{L_j+1}, \dots, b_{R_j})$.

Ràng buộc:

- Có 30% số test có $k = 1$ và các giá trị a_i, b_i không vượt quá 10^3 ;
- Có 50% số test khác có $k \leq 10$ và các giá trị a_i, b_i không vượt quá 10^9 ;
- Có 20% số test còn lại có $k \leq 10^5$ và các giá trị a_i, b_i không vượt quá 10^{15} .

Ví dụ:

seq.inp	seq.out
3 3	3
1 3 10	4
10 15 2	1
1 2	
2 3	
1 3	