

NOIP2017 模拟题

By Tgopknight

题目名称	Count	Blocks	Biology
源程序文件名	count.c/cpp/pas	blocks.c/cpp/pas	biology.c/cpp/pas
输入文件名	count.in	blocks.in	biology.in
输出文件名	count.out	blocks.out	biology.out
每个测试点时限	1.5s	2s	2s
空间限制	128M	128M	256M
总分	100	100	100
测试点数目	20	10	20
每个测试点分数	5	10	5
题目类型	传统型	传统型	传统型
是否开启 O2 优化	否	否	否

提示：

本次测试在 linux 环境下进行，请注意 int64 的输出等问题。

最终测试点时限会根据评测机性能进行微幅度调动，测试时会另行通知

Count

题目描述

令 $f(x)$ 表示 $\leq x$ 的正整数中与 x 互质的数的平均数 $\times 2$ ，请计算 $\sum_{i=L}^R f(i)^k$ 。

输入格式

一行三个正整数，表示 L, R, k ，含义如题所示。

输出格式

一行一个整数，表示答案 $\text{mod } 998244353$ 。

样例输入

2 3 1

样例输出

5

样例解释

≤ 2 的正整数中与2互质的数有1，平均数 $\times 2 = 2$

≤ 3 的正整数中与3互质的数有1、2，平均数 $\times 2 = 3$

数据范围

对于100%的数据，有 $1 \leq L \leq R$ 。

数据点编号	R	k	数据点编号	R	k
0	≤ 10	≤ 10	10	$\leq 10^8$	≤ 5000
1	≤ 100	≤ 100	11	$\leq 10^8$	≤ 5000
2	≤ 1000000	≤ 100	12	$\leq 10^8$	≤ 100000
3	≤ 1000000	≤ 100	13	$\leq 10^8$	≤ 100000
4	$\leq 10^8$	≤ 100	14	$\leq 10^8$	≤ 200000
5	$\leq 10^8$	≤ 100	15	$\leq 10^8$	≤ 200000
6	$\leq 10^8$	≤ 1000	16	$\leq 10^8$	≤ 500000
7	$\leq 10^8$	≤ 1000	17	$\leq 10^8$	≤ 500000
8	$\leq 10^8$	≤ 2000	18	$\leq 10^8$	≤ 1000000
9	$\leq 10^8$	≤ 2000	19	$\leq 10^8$	≤ 1000000

时间限制：1.5s

空间限制：128M

Blocks

题目描述

给定一个长度为 N 的正整数序列 A ，你可以进行如下操作：

每次选择一个大于 K 的正整数 $a[i]$ ，将 $a[i]$ 减去1，选择 $a[i-1]$ 或 $a[i+1]$ 中的一个加上1

请问：经过若干次操作之后，最大能够选出多长的一个连续子序列，使得这个子序列的每个数都不小于 K

本题有 M 组询问，每次询问一个数 K ，你需要分别回答

输入格式

第一行两个正整数，表示 N, M ，含义如题所示。

第二行 N 个正整数，表示 a 序列。

第三行 M 个正整数，表示 M 次询问的 K

输出格式

一行 M 个整数，表示每次询问的答案，用空格隔开。

样例输入

```
10 5
1 7 9 9 5 9 3 4 5 8
5 7 20 9 1
```

样例输出

```
10 6 0 2 10
```

数据范围

对于100%的数据，有 $1 \leq a_i \leq 10^9$ ， $1 \leq K \leq 10^9$ 。

数据点编号	N	M	数据点编号	N	M
0	25	26	5	50003	50
1	70	25	6	150000	50
2	799	50	7	299999	50
3	1543	499	8	919200	50
4	6464	50	9	1000000	50

时间限制：2s

空间限制：128M

Biology

题目描述

G 博士发现了新的遗传疾病，这种疾病受到多种基因片段的控制。

我们用一个仅由小写字母组成的字符串 S 表示一个基因片段，该基因的有效片段为 S 的所有后缀（包括空串）。

根据 G 博士的研究，该遗传疾病的患病概率，与基因的有效片段有关，若控制该遗传疾病的基因片段的共有有效片段越长，则患病概率越大。

G 博士将所有的发现的基因片段放在了一个数据库中，随着研究的进展，G 博士的数据库中储存的基因片段越来越多，这给 G 博士对疾病的研究造成了一定困难。

现在 G 博士想知道，对于控制某一疾病的一些基因片段，它们的最长共有有效片段为多长？

输入格式

第一行两个整数 N, M ，其中 N 表示数据库中原本存在的基因片段个数， M 表示后来的事件个数

接下来 N 行，每行一个字符串，表示一个已知的基因片段，其中第 i 行的基因片段编号为 i

接下来 M 行，表示 M 个事件，格式为以下情况之一：

1. “1 S ”，表示发现了一个新的基因片段加入数据库，编号为已有基因片段数+1

2. “2 $T A_1 A_2 \dots A_T$ ”，表示询问编号为 A_1, A_2, \dots, A_T 这 T 个编号的最长共有有效片段的长度

输出格式

对于每个 2 号操作，输出一行表示最长共有有效片段的长度

样例输入

```
5 5
zzj
pri
prime
ime
owaski
2 3 1 3 5
2 2 2 3
1 actri
2 2 3 4
2 3 2 6 5
```

样例输出

```
0
0
3
1
```

样例解释

zzj, *prime*, *owaski* 三种基因片段的最长共有有效片段为空

pri, *prime*两种基因片段的最长共有有效片段为空
添加基因片段*actri*, 编号为6
prime, *ime*两种基因片段的最长共有有效片段为*ime*
pri, *actri*, *owaski*三种基因片段的最长共有有效片段为*i*

数据范围

对于前30%的数据, $N \leq 100$, $M \leq 100$, 每段基因片段长度 ≤ 100

对于前50%的数据, $N \leq 10000$, $M \leq 10000$, 每段基因片段长度 ≤ 100

接下来20%的数据, $N \leq 20000$, $M \leq 50000$, 每段基因片段长度 ≤ 1000 , 没有1号操作

对于前100%的数据, $N \leq 50000$, $M \leq 100000$, $2 \leq T \leq 10$, 每段基因片段长度 ≤ 10000 , 总字符个数 ≤ 1000000 , 数据库中基因型的个数 ≤ 100000

不同编号的基因型有可能相同, 并且不保证询问不会出现重复元素

数据虽然不是完全随机, 但依然保留水的本质

时间限制 : 2s

空间限制 : 256M