

题目名称	传销组织	Zhizhang Snake	分子配对
程序文件名	gplt	snake	pairing
输入文件名	gplt.in	snake.in	pairing.in
输出文件名	gplt.out	snake.out	pairing.out
每个测试点时限	2 秒	2 秒	3 秒
内存限制	512MB	512MB	512MB
测试点数目	10	10	10
每个测试点分值	10	10	10
试题类型	传统	传统	传统
是否有部分分	无	无	无

提交源程序需加后缀

对于 Pascal 语言	gplt.pas	city.pas	pairing.pas
对于 C 语言	gplt.c	city.c	pairing.c
对于 C++ 语言	gplt.cpp	city.cpp	pairing.cpp

编译命令：

C++语言：g++.exe %s.cpp -o %s.exe -Wl,--stack=8388608 -O2

C 语言：gcc.exe %s.c -o %s.exe -Wl,--stack=8388608 -O2

Pascal 语言：ppc386.exe -Sg %s.pas -O2

传销组织

(gplt.pas/c/cpp)

题目描述

传销组织 GPLT 的宗旨是“有志者事竟成”，他们最近在执行一项宏伟的 N 人计划，以构建科学有效的情报网。换句话说，GPLT 组织希望组建一个由 N 个人和若干单向私有电话线构成的情报网，并使得情报网满足一系列要求。这些要求分成两类：

- ① 从第 a 个人通过 1 条或多条电话线可以联系到第 b 个人。
- ② 从第 a 个人通过 1 条或多条电话线不能联系到第 b 个人。

现在 GPLT 组织的首脑 gluo 请你帮忙给出一个满足所有要求的情报网，或者告诉他这样的情报网是不可能存在的。

输入格式

第一行 1 个整数 N ，表示情报网的人数。

第二行 1 个整数 M ，表示①类要求的个数，接下来 M 行每行 2 个整数 a, b 。

第 $M+3$ 行 1 个整数 T ，表示②类要求的个数，接下来 T 行每行 2 个整数 a, b 。

输出格式

若不存在这样的情报网，输出 NO。否则在第一行输出 YES，在第二行输出情报网中电话线的数量 P ，接下来 P 行每行 2 个整数描述电话线。由于资源有限，要求 $P \leq N+M+T$ 。

样例输入 1

```
3
2
1 2
2 3
1
1 3
```

样例输出 1

NO

样例输入 2

```
3
2
1 2
2 3
1
```

3 1

样例输出 2

YES

2

1 2

2 3

数据范围与约定

对于 20%的数据， $1 \leq N \leq 100$ 。

对于 60%的数据， $1 \leq N \leq 25000$ 。

对于 100%的数据， $1 \leq N, M, T \leq 100000$ ， $1 \leq a, b \leq N$ ， $a \neq b$ ，要求输出的 $P \leq N+M+T$ 。

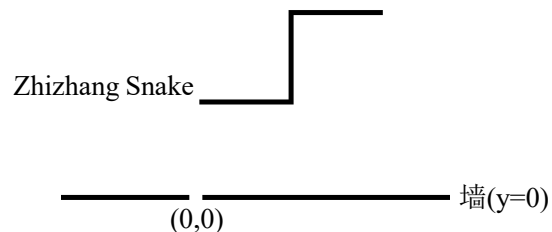
Zhizhang Snake

(sname.pas/c/cpp)

题目描述

Zhizhang Snake 是一个新型物种，它的身体是由 N 个点和 $N-1$ 条线段构成的折线，其中第 i 个点的坐标为 (x_i, y_i) ，折线不会自交。Zhizhang Snake 可以平移或旋转自己的身体，但是在移动过程中，身体形状不能发生任何改变（即构成它身体的每条线段的长度和它们之间的夹角都保持不变），否则它就会挂掉……

直线 $y=0$ 是一堵墙，坐标 $(0,0)$ 处开有一个洞，洞与蛇身的宽度都是一个可以忽略不计的小量。现在 Zhizhang Snake 完全处于墙的上方 ($y>0$)，它想知道它自己的整个身体能否活着穿过墙洞，到达墙的下方 ($y<0$)。



输入格式

每个测试点包含 5 组数据，以 EOF 结尾，对于每组数据：

第一行有 1 个整数 N ，表示 Zhizhang Snake 折线顶点的个数。

接下来 N 行每行 2 个整数 (x_i, y_i) ，描述这条折线。折线不会自交，折线上任意三个顶点都不共线。

输出格式

对于每组数据，输出 Possible 或 Impossible，表示 Zhizhang Snake 能否到达墙的下方。

样例输入 1

```
4
0 1
1 1
1 2
2 2
11
63 106
87 143
102 132
115 169
74 145
```

41 177
56 130
28 141
19 124
0 156
22 183

样例输出 1

Possible
Impossible

数据范围与约定

对于 20% 的数据， $1 \leq N \leq 10$ 。

对于 60% 的数据， $1 \leq N \leq 1000$ 。

对于 100% 的数据， $1 \leq N \leq 100000$, $0 \leq x_i \leq 10^9$, $1 \leq y_i \leq 10^9$ ，折线不会自交，折线上任意三个顶点都不共线。

分子配对

(pairing.pas/c/cpp)

题目描述

一次偶然的机会，Haibara 得到了一粒 APTX4869 毒药。为了研究其成分以制作解药，Haibara 在显微镜下对 APTX4869 进行了详细的观察。APTX4869 的分子结构是一条链，链上的每个部位宽窄不一，形成了锯齿的形状。Haibara 在这条分子链上选择了 N 个具有代表性的节点，并用一个整数表示每个节点处的宽度。

APTX4869 进入活生物体后，分子链将会在体内环境下带动机能细胞一起折叠、扭曲，引起生物体各系统的紊乱而致死。但在特殊的情况下，APTX4869 的分子链重叠时，部分锯齿刚好整齐地“咬合”在一起，避免了紊乱的发生，却造成了生物体细胞全面变小或恢复为以前某时刻的状态。我们说 APTX4869 分子链的 n 个代表节点中，第 $la \sim ra$ 个节点与 $lb \sim rb$ 个节点是“咬合”的，当且仅当节点区间 $[la, ra]$, $[lb, rb]$ 满足下列条件：

1. $[la, ra]$ 与 $[lb, rb]$ 不重叠，即 $la \leq ra < lb \leq rb$ 或 $lb \leq rb < la \leq ra$ ；
2. $[la, ra]$ 与 $[lb, rb]$ 的长度相等，即 $ra - la = rb - lb$ ；
3. 对应节点的高度和相等，即对于任意的 $0 \leq i \leq ra - la$ ，有 $w[la+i] + w[lb+i] = w[la] + w[lb]$ ，其中 $w[x]$ 表示第 x ($1 \leq x \leq n$) 个节点处的宽度。

现在 Haibara 给出 m 段区间，请你帮她统计一下对于每段区间，有多少段区间与它是“咬合”的。

输入格式

第一行一个整数 n 。

第二行包含 n 个整数，第 i 个数表示 $w[i]$ ，即第 i 个节点处的宽度。

第三行一个整数 m 。

接下来 m 行，每行有两个整数 l, r ，表示询问有多少段区间与 $[l, r]$ 是“咬合”的。

输出格式

对每个询问输出一个整数表示答案。

样例输入

```
10
1 2 2 1 100 99 99 100 100 100
6
1 4
1 2
3 4
1 5
9 10
```

10 10

样例输出

1
2
2
0
2
9

数据范围与约定

对于 20% 的数据， $1 \leq n, m \leq 100$ 。

对于另 30% 的数据，询问区间的长度不超过 10。

对于 100% 的数据， $1 \leq n, m \leq 100000$ ， $1 \leq w[i] \leq 10^9$ ， $1 \leq l \leq r \leq n$ 。