不要以为数学中的矩阵也是黑色屏幕上不断变化的绿色字符。在数学中,一个矩阵说穿了就是一个二维数组。一个n行m列的矩阵可以乘以一个m行p列的矩阵,得到的结果是一个n行p列的矩阵,其中的第i行第j列位置上的数等于前一个矩阵第i行上的m个数与后一个矩阵第j列上的m个数对应相乘后所有m个乘积的和。比如,下面的算式表示一个 2 行 2 列的矩阵乘以 2 行 3 列的矩阵,其结果是一个 2 行 3 列的矩阵。其中,结果的那个 4 等于 2\*2+0\*1:

$$\binom{1}{2}$$
  $\binom{1}{0}$   $\binom{0}{1}$   $\binom{2}{1}$   $\binom{2}{0}$   $\binom{1}{0}$   $\binom{3}{0}$   $\binom{5}{0}$ 

下面的算式则是一个1x3的矩阵乘以3x2的矩阵,得到一个1x2的矩阵:

$$(8 \ 8 \ 6)$$
  $\begin{pmatrix} 5 & 2 \\ 1 & 3 \\ 6 & 5 \end{pmatrix}$  =  $(84 \ 70)$ 

矩阵乘法的两个重要性质:一,矩阵乘法**不满足**交换律;二,矩阵乘法满足结合律。为什么矩阵乘法不满足交换律呢?废话,交换过来后两个矩阵有可能根本不能相乘。为什么它又满足结合律呢?仔细想想你会发现这也是废话。假设你有三个矩阵A、B、C,那么(AB)C和A(BC)的结果的第i行第j列上的数都等于所有A(ik)\*B(kl)\*C(lj)的和(枚举所有的k和l)。

## 经典题目 1 给定n个点,m个操作,构造O(m+n)的算法输出m个操作后各点的位置。操作有平移、缩放、翻转和旋转

这里的操作是对所有点同时进行的。其中翻转是以坐标轴为对称轴进行翻转(两种情况),旋转则以原点为中心。如果对每个点分别进行模拟,那么m个操作总共耗时O(mn)。利用矩阵乘法可以在O(m)的时间里把所有操作合并为一个矩阵,然后每个点与该矩阵相乘即可直接得出最终该点的位置,总共耗时O(m+n)。假设初始时某个点的坐标为x和y,下面 5 个矩阵可以分别对其进行平移、旋转、翻转和旋转操作。预先把所有m个操作所对应的矩阵全部乘起来,再乘以(x,y,1),即可一步得出最终点的位置。

## 经典题目 2 给定矩阵A, 请快速计算出A^n (n个A相乘)的结果, 输出的每个数都mod p。

由于矩阵乘法具有结合律,因此A^4=A\*A\*A\*A=(A\*A)\*(A\*A)=A^2\*A^2。我们可以得到这样的结论:当n为偶数时,A^n=A^(n/2)\*A^(n/2);当n为奇数时,A^n=A^(n/2)\*A^(n/2)\*A (其中n/2 取整)。这就告诉我们,计算A^n也可以使用二分快速求幂的方法。例如,为了算出A^25 的值,我们只需要递归地计算出A^12、A^6、A^3 的值即可。根据<u>这里</u>的一些结果,我们可以在计算过程中不断取模,避免高精度运算。

### 经典题目 3 POJ3233 (感谢rmq)

题目大意: 给定矩阵A,求 $A+A^2+A^3+...+A^k$ 的结果(两个矩阵相加就是对应位置分别相加)。输出的数据 $mod\ m.\ k <= 10^9$ 。

这道题两次二分,相当经典。首先我们知道,A^i可以二分求出。然后我们需要对整个题目的数据规模k进行二分。比如,当k=6 时,有:

 $A + A^2 + A^3 + A^4 + A^5 + A^6 = (A + A^2 + A^3) + A^3*(A + A^2 + A^3)$ 

应用这个式子后,规模k减小了一半。我们二分求出 $A^3$  后再递归地计算 $A + A^2 + A^3$ ,即可得到原问题的答案。

### 经典题目 4 <u>VOJ1049</u>

题目大意: 顺次给出m个置换,反复使用这m个置换对初始序列进行操作,问k次置换后的序列。m<=10, k<2^31。

首先将这m个置换"合并"起来(算出这m个置换的乘积),然后接下来我们需要执行这个置换k/m次(取整,若有余数则剩下几步模拟即可)。注意任意一个置换都可以表示成矩阵的形式。例如,将1234置换为3124,相当于下面的矩阵乘法:

$$\begin{pmatrix}
0 & 0 & 1 & 0 \\
1 & 0 & 0 & 0 \\
0 & 1 & 0 & 0 \\
0 & 0 & 0 & 1
\end{pmatrix}
\begin{pmatrix}
1 \\
2 \\
3 \\
4
\end{pmatrix}
=
\begin{pmatrix}
3 \\
1 \\
2 \\
4
\end{pmatrix}$$

置换k/m次就相当于在前面乘以k/m个这样的矩阵。我们可以二分计算出该矩阵的k/m次方,再乘以初始序列即可。做出来了别忙着高兴,得意之时就是你灭亡之日,别忘了最后可能还有几个置换需要模拟。

# 经典题目 5 《算法艺术与信息学竞赛》207 页(2.1 代数方法和模型,[例题 5]细菌,版次不同可能页码有偏差)

大家自己去看看吧,书上讲得很详细。解题方法和上一题类似,都是用矩阵来表示操作, 然后二分求最终状态。

#### 经典题目 6 给定n和p, 求第n个Fibonacci数mod p的值, n不超过 2^31

根据前面的一些思路,现在我们需要构造一个 2 x 2 的矩阵,使得它乘以(a,b)得到的结果是(b,a+b)。每多乘一次这个矩阵,这两个数就会多迭代一次。那么,我们把这个 2 x 2 的矩阵自乘n次,再乘以(0,1)就可以得到第n个Fibonacci数了。不用多想,这个 2 x 2 的矩阵很容易构造出来:

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 \\ 1 & 1 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \alpha \\ b \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} b \\ a+b \end{pmatrix}$$

#### 经典题目 7 VOJ1067

我们可以用上面的方法二分求出任何一个线性递推式的第n项,其对应矩阵的构造方法为:在右上角的(n-1)\*(n-1)的小矩阵中的主对角线上填 1,矩阵第n行填对应的系数,其它地方都填 0。例如,我们可以用下面的矩阵乘法来二分计算f(n) = 4f(n-1) - 3f(n-2) + 2f(n-4)的第k项:

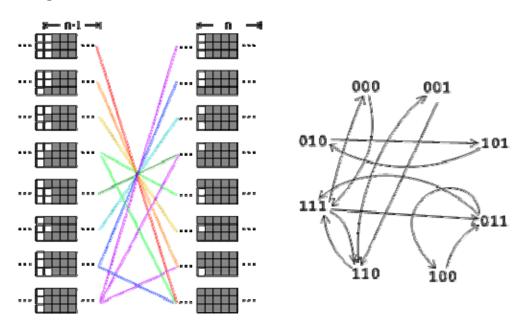
$$\begin{pmatrix}
0 & 1 & 0 & 0 \\
0 & 0 & 1 & 0 \\
0 & 0 & 0 & 1 \\
2 & 0 & -3 & 4
\end{pmatrix}
\cdot
\begin{pmatrix}
a \\
b \\
c \\
d
\end{pmatrix}
-
\begin{pmatrix}
b \\
c \\
d \\
2a - 3a + 4d
\end{pmatrix}$$

利用矩阵乘法求解线性递推关系的题目我能编出一卡车来。这里给出的例题是系数全为 1 的情况。

## 经典题目 8 给定一个有向图,问从A点恰好走k步(允许重复经过边)到达B点的方案数mod p的值

把给定的图转为邻接矩阵,即A(i,j)=1 当且仅当存在一条边i->j。令C=A\*A,那么 $C(i,j)=\Sigma A(i,k)*A(k,j)$ ,实际上就等于从点i到点j恰好经过 2 条边的路径数(枚举k为中转点)。类似地,C\*A的第i行第j列就表示从i到j经过 3 条边的路径数。同理,如果要求经过k步的路径数,我们只需要二分求出 $A^k$ 即可。

## 经典题目 9 用 $1 \times 2$ 的多米诺骨牌填满 $M \times N$ 的矩形有多少种方案,M <= 5, $N < 2^31$ ,输出答案mod p的结果



我们以M=3 为例进行讲解。假设我们把这个矩形横着放在电脑屏幕上,从右往左一列一列地进行填充。其中前n-2 列已经填满了,第n-1 列参差不齐。现在我们要做的事情是把第n-1 列也填满,将状态转移到第n列上去。由于第n-1 列的状态不一样(有 8 种不同的状态),因此我们需要分情况进行讨论。在图中,我把转移前 8 种不同的状态放在左边,转移后 8 种不同的状态放在右边,左边的某种状态可以转移到右边的某种状态就在它们之间连一根线。注意为了保证方案不重复,状态转移时我们不允许在第n-1 列竖着放一个多米诺骨牌(例如左边第 2 种状态不能转移到右边第 4 种状态),否则这将与另一种转移前的状态重复。把这 8 种状态的转移关系画成一个有向图,那么问题就变成了这样:从状态 111 出发,恰好经过n步回到这个状态有多少种方案。比如,n=2 时有 3 种方案,111->011->111、111->110->111和 111->000->111,这与用多米诺骨牌覆盖 3×2 矩形的方案——对应。这样这个题目就转化为了我们前面的例题 8。

后面我写了一份此题的源代码。你可以再次看到位运算的相关应用。

### 经典题目 10 POJ2778

题目大意是,检测所有可能的n位DNA串有多少个DNA串中不含有指定的病毒片段。合法的DNA只能由ACTG四个字符构成。题目将给出 10 个以内的病毒片段,每个片段长度不超

过10。数据规模n<=2000000000。

下面的讲解中我们以ATC,AAA,GGC,CT这四个病毒片段为例,说明怎样像上面的题一样通过构图将问题转化为例题 8。我们找出所有病毒片段的前缀,把n位DNA分为以下 7 类:以AT结尾、以AA结尾、以GG结尾、以?A结尾、以?G结尾、以?C结尾和以??结尾。其中问号表示"其它情况",它可以是任一字母,只要这个字母不会让它所在的串成为某个病毒的前缀。显然,这些分类是全集的一个划分(交集为空,并集为全集)。现在,假如我们已经知道了长度为n-1 的各类DNA中符合要求的DNA个数,我们需要求出长度为n时各类DNA的个数。我们可以根据各类型间的转移构造一个边上带权的有向图。例如,从AT不能转移到AA,从AT转移到??有 4 种方法(后面加任一字母),从?A转移到AA有 1 种方案(后面加个A),从?A转移到??有 2 种方案(后面加G或C),从GG到??有 2 种方案(后面加C将构成病毒片段,不合法,只能加A和T)等等。这个图的构造过程类似于用有限状态自动机做串匹配。然后,我们就把这个图转化成矩阵,让这个矩阵自乘n次即可。最后输出的是从??状态到所有其它状态的路径数总和。

题目中的数据规模保证前缀数不超过 100,一次矩阵乘法是三方的,一共要乘log(n)次。 因此这题总的复杂度是 100<sup>3</sup> \* log(n), AC了。

最后给出第 9 题的代码供大家参考(今天写的,熟悉了一下C++的类和运算符重载)。为了避免大家看代码看着看着就忘了,我把这句话放在前面来说:

Matrix67 原创, 转贴请注明出处。

```
#include <cstdio>
#define SIZE (1<<m)
#define MAX SIZE 32
using namespace std;
class CMatrix
    public:
        long element[MAX SIZE][MAX SIZE];
        void setSize(int);
        void setModulo(int);
        CMatrix operator* (CMatrix);
        CMatrix power(int);
    private:
        int size;
        long modulo;
}:
void CMatrix::setSize(int a)
    for (int i=0; i < a; i++)
        for (int j=0; j < a; j++)
            element[i][j]=0;
    size = a:
```

```
}
void CMatrix::setModulo(int a)
    modulo = a:
CMatrix CMatrix::operator* (CMatrix param)
    CMatrix product;
    product. setSize(size);
    product. setModulo (modulo);
    for (int i=0; i \le size; i++)
        for (int j=0; j \le ize; j++)
             for (int k=0; k \le ize; k++)
                 product. element[i][j]+=element[i][k]*param. element[k]
[.j];
                 product.element[i][j]%=modulo;
    return product;
CMatrix CMatrix::power(int exp)
    CMatrix tmp = (*this) * (*this);
    if (exp==1) return *this;
    else if (\exp \& 1) return tmp. power (\exp/2) * (*this);
    else return tmp. power (\exp/2);
}
int main()
    const int validSet[]=\{0, 3, 6, 12, 15, 24, 27, 30\};
    long n, m, p;
    CMatrix unit;
    scanf("%d%d%d", &n, &m, &p);
    unit. setSize(SIZE);
    for (int i=0; i \le SIZE; i++)
         for (int j=0; j \le SIZE; j++)
             if(((^{\sim}i)\&j) == ((^{\sim}i)\&(SIZE-1)))
```