

# Tecnología Digital 1: Introducción a la Programación - TP2

**Autores:** Pardo, Ignacio  
Silvestri, Juan Ignacio  
Schneider, Santiago

---

## Justificación

### **Método `arboles_de_la_especie`:**

El método `arboles_de_la_especie` contiene la siguiente comprensión de lista:

```
return [a for a in self._arboles if a.especie == especie]
```

Para el análisis de los ordenes de complejidad, nos es conveniente refactorizar el código con un ciclo `for`:

```
1. vr:List[Arbol] = []
2. for a in self._arboles:
3.     if a.especie == especie:
4.         vr.append(a)
5. return vr
```

La línea 1 crea una lista vacía, lo cual tiene  $O(1)$ . En la línea 2, comienza la ejecución de un ciclo, que se ejecuta  $\text{len}(\text{self._arboles})$  veces. Es decir, tiene  $O(n)$  donde  $n = \text{len}(\text{self._arboles})$ . Dentro del ciclo, tenemos las líneas 3 y 4 que forman parte de un condicional. Ambas líneas poseen  $O(1)$ , como se puede leer en la documentación de python. Por último, tenemos la línea 5 con  $O(1)$  también. De esta manera, podemos proceder a calcular el orden de complejidad de la función como sigue.

El máximo entre líneas 1, 2 y 5, ya que son ejecuciones secuenciales. La línea 2 se calcula como  $n$  veces el orden de las líneas dentro del bloque de código del ciclo. El condicional, a su vez, también se calcula como el máximo de las dos líneas que lo componen. En términos más formales, tenemos:

$$\begin{aligned} &O(1) + [O(n) * (O(1) + O(1))] + O(1) \\ &= \text{Max}(O(1), [O(n) * \text{Max}(O(1), O(1))], O(1)) \\ &= \text{Max}(O(1), [O(n*1)], O(1)) \\ &= \text{Max}(O(1), O(n), O(1)) \\ &= O(n) \end{aligned}$$

Luego, podemos concluir que el orden de la función es  $O(n)$  / lineal, donde  $n = \text{len}(\text{self._arboles})$ , es decir, la cantidad de árboles del dataset.

### Método cantidad\_por\_especie:

El método cantidad\_por\_especie contiene las siguientes líneas de código:

```
1.         vr: Dict[str, int] = dict()
2.
3.         for e in self.especies():
4.             c: int = len(self.arboles_de_la_especie(e))
5.             if c > minimo:
6.                 vr[e] = c
7.
8.         return vr
```

La línea 1 tiene  $O(1)$  porque crea un diccionario vacío. La línea 3 tiene  $O(m)$  donde  $m = \text{len}(\text{self.especies}())$ . La línea 4, tiene  $O(n)$  donde  $n = \text{cantidad de árboles del dataset}$ , como vimos en el análisis anterior. Luego, en las líneas 4 y 5 tenemos un condicional con  $O(m)$ . Esto se debe a que  $\text{vr}[e] = c$  tiene orden de complejidad  $O(\text{len}(\text{vr}))$ . Notemos que  $\text{vr}$  puede contener como máximo (cuando el parámetro mínimo de la función es 1), todas las especies del dataset. Luego, en el peor caso, es  $O(m)$ . Finalmente, en la línea 8 tenemos un return con  $O(1)$

Calculamos el orden de complejidad de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} & O(1) + O(m) * (O(n) + \text{Max}(O(1) + O(m)) + O(1)) \\ &= \text{Max}(O(1), O(m) * (O(n) + \text{Max}(O(1) + O(m)), O(1))) \\ &= \text{Max}(O(1), O(m * \text{Max}(O(m), O(n))), O(1)) \\ &= \text{Max}(O(1), O(m * n), O(1)) \\ &= O(m * n) \end{aligned}$$

Observemos que  $\text{Max}(O(m), O(n))$  es  $O(n)$  porque en el peor caso,  $m = n$ , ya que no puede haber más especies que árboles en el dataset. Así, es seguro afirmar que el máximo siempre es  $n$ .

De esta manera, podemos concluir que el orden de la función es  $O(m * n)$  donde  $m = \text{len}(\text{self.especies})$  y  $n = \text{len}(\text{self._arboles})$ .

### Método arbol\_mas\_cercano:

Para el análisis del método arbol\_mas\_cercano, necesitamos analizar el método distancia de la clase Arbol, y considerar la complejidad del método arboles\_de\_la\_especie.

El método distancia de la clase Arbol, contiene el siguiente código:

```
1.         vr: float = 0
```

```

2.         dif_x: float = (self.lat - lat) ** 2
3.         dif_y: float = (self.long - long) ** 2
4.
5.         vr = (dif_x + dif_y) ** 0.5
6.
7.         return vr

```

La complejidad de todas las líneas del código es  $O(1)$ : son asignaciones, llamados de atributos, cálculos matemáticos básicos y un return. De esta forma, tenemos que el código del método tiene el siguiente orden de complejidad:

$$\begin{aligned}
 &O(1) + O(1) + O(1) + O(1) + O(1) \\
 &= \text{Max}(O(1), O(1), O(1), O(1), O(1),) \\
 &= O(1)
 \end{aligned}$$

Así, tenemos que el orden del método `distancia()` es  $O(1)$ .

Ahora podemos proceder a calcular el orden de la función `cantidad_por_especie`. El método contiene el siguiente código:

```

1.         vr: Arbol = self.arboles_de_la_especie(especie)[0]
2.         min_d: int = vr.distancia(lat, lng)
3.         for a in self._arboles:
4.             if a.especie == especie:
5.                 d: int = a.distancia(lat, lng)
6.                 if not min_d:
7.                     min_d = d
8.                     vr = a
9.             else:
10.                 if d < min_d:
11.                     min_d = d
12.                     vr = a
13.         return vr

```

La línea 1 tiene complejidad  $O(N)$  respecto a la longitud del DataSet como es indicado en la justificación de la complejidad del método `arboles_de_la_especie`. La línea 2 como establecimos es de complejidad  $O(1)$ . Luego, en la línea 3 tenemos un ciclo que se ejecuta  $n$  veces donde  $n = \text{len}(\text{self._arboles})$ . Dentro del ciclo, tenemos un condicional. El condicional se calcula como el máximo entre las dos opciones, ya sea si el condicional se ejecuta por `if` o por `else`. Sin embargo, notemos que todas las líneas del condicional son  $O(1)$ , ya que son asignaciones y comparaciones. En la línea 5, donde se llama al método `distancia()`, también tenemos  $O(1)$  como lo calculamos anteriormente.

De esta manera, podemos calcular el orden como sigue:

$$\begin{aligned}
& O(n) + O(1) + O(n) * [\text{Max}(O(1), O(1), O(1), O(1), O(1), O(1), O(1), O(1))] + O(1) \\
& = \text{Max}(O(n), O(1), O(n) * [O(1)], O(1)) \\
& = \text{Max}(O(n), O(1), O(n * 1), O(1)) \\
& = O(n)
\end{aligned}$$

De esta manera, podemos concluir que el orden del método es  $O(n)$  donde  $n = \text{len}(\text{self}.\_arboles)$ , es decir, la cantidad de árboles del dataset.

## Metodos tamaño, barrios y especies

Para los métodos tamaño, barrios y especies de la clase DataSetArboreo se tomó la decisión de diseño de contabilizar los 3 valores a la hora de la instanciación de un nuevo objeto DataSetArboreo. De esta forma, los llamados a dichos métodos resultan de orden constante(1), a diferencia del orden lineal. El método para obtener el tamaño del DataSet podría reemplazarse con la evaluación de  $\text{len}(\text{self}.\_arboles)$  y mantendrá la misma complejidad, sin embargo la complejidad de los métodos barrios y especies se ve afectada en cada llamado.

Para ejemplificar otra manera de implementar el método. especies() de la clase DataSetArboreo, podría ser con una comprensión de conjuntos de la forma

```
{a.especie for a in self._arboles}
```

O refactorizado a un ciclo for:

```

1.  vr: Set[str] = set()
2.  for a in self._arboles:
3.      vr.add(a.especie)
4.  return vr

```

El cual resulta de complejidad:

$$\begin{aligned}
& O(1) + (O(N) * (O(M))) \\
& \quad \text{con } N = \text{len}(\text{self}.\_arboles) \text{ y } M = \text{len}(\text{vr}) \text{ por cada vuelta del for.} \\
& = \text{Max}[O(1) + O(N*M)] \\
& = O(N*M)
\end{aligned}$$

Algo a tener en cuenta de definir atributos en la clase DataSetArboreo para disminuir la complejidad del llamado de estas funciones, es la complejidad a la hora de modificarlos de ser mutable los árboles del DataSet. El tamaño del DataSet el cual se obtiene del atributo `._size`, del cual su incremento o decremento es orden 1.

Sin embargo, a la hora de añadir un nuevo Arbol al DataSet, agregar su especie y barrio a los conjuntos `._especies` y `._barrios` resulta de complejidad lineal respecto a la longitud de dichos conjuntos. De ser removido un Arbol del DataSet, habria que considerar si su barrio y especie deben ser removidos también de los conjuntos del DataSet. Esto se podría resolver contabilizando también árboles por

especie y árboles por barrio en la instanciación del DataSet, resultando entonces en una complejidad  $O(1)$ .

Estas son sólo consideraciones de tener que modificar el DataSet, pero, como establecimos previamente, el diseño del DataSet nos condiciona el método **cantidad\_por\_especie** a una complejidad  $O(N)$ , la cual hasta se podría haber reducido a orden lineal de ser contabilizada en un principio con este fin indicado.

### Otras consideraciones

#### **Función auxiliar list\_equals**

Para testear el método `arboles_de_la_especie` de la clase `DataSetArboreo`, el cual retorna un valor del tipo `List[Arbol]`, surgió la necesidad de poder comparar el valor de retorno contra uno establecido a mano. Sin embargo, al estas listas no respetan un orden, el método `assertListEqual` de `unittest` solo podríamos aprovecharlo de ordenar las listas y asegurarnos que no haya valores repetidos.

Para solucionar este problema evaluamos la posibilidad de crear dos conjuntos a partir de las listas para comparar su igualdad, sin embargo, para crear objetos del tipo `Set[Arbol]`, la clase `Arbol` debía de tener implementado el método `__hash__()`, lo cual luego de consultar se encontraba fuera del contenido de la materia. Recién ahí se podría testear con el método `assertEqual` la igualdad entre el conjunto de árboles resultante del método `arboles_de_la_especie` y el conjunto seleccionado manualmente.

A la hora de comparar ambas listas obtuvimos una solución de complejidad cuadrática, la cual encuadramos en una función auxiliar `list_equals`.

```
1.  if (len(a) != len(b)) :
2.      return False
3.  le = True
4.  for e in a:
5.      if e not in b:
6.          le = False
7.  for e in b:
8.      if e not in a:
9.          le = False
10. return le
```

La línea 1 es de complejidad  $O(1)$ , dado que `len(a)` es  $O(1)$ , `len(b)`  $O(1)$ , ambos resultantes en valores enteros, y la comparación `int != int` es  $O(1)$ . La línea 3 es una asignación de complejidad constante(1).

En la línea 4 comienza un ciclo de orden lineal  $O(N)$  donde  $N$  es el `len(a)`. En la línea 5 la evaluación `e not in b` es de complejidad  $O(N)$  también, como

establecimos previamente `len(a) == len(b)`. La línea 6 contiene otra asignación de orden 1. El ciclo for de la línea 4 entonces resulta de orden cuadrático  $O(N^2)$ . En la línea 7 se realiza un ciclo idéntico en complejidad al de la línea 4 dado que la orden depende de un mismo N. La complejidad de la función `list_equals` resulta entonces

$$\begin{aligned}
 &O(1) + O(1) + O(1) + O(N) * (O(N) * O(1)) + O(N) * (O(N) * O(1)) \\
 &= O(1) + O(1) + O(1) + O(N) * O(N) + O(N) * O(N) \\
 &= O(1) + O(1) + O(1) + O(N^2) + O(N^2) \\
 &= \text{Max}[O(1) + O(1) + O(1) + O(N^2) + O(N^2)] \\
 &= O(N^2)
 \end{aligned}$$

Al igual que en la evaluación de igualdad de dos sets, donde primero se compara la longitud de ambas, previo a evaluar la igualdad a fondo de dos listas, se fuerza un `assertEqual` entre la longitud de la lista devuelta y el valor esperado. Esto se tiene en cuenta en la solución propuesta `list_equals` para su uso fuera del de testing, pero decidimos tener en cuenta otra assertion con el valor de la longitud implícito.

Como ejemplo, en `test_dtl_arboles_de_la_especie_Fraxinus_pennsylvanica`, donde `ae` es la lista de árboles de la especie *Fraxinus Pennsylvanica* y `gt` la lista ground truth.

```
self.assertEqual(len(ae), 11) #comparación entre len(ae) y 11 implícito
self.assertTrue(list_equals(ae, gt)) #compara len(ae) == len(gt) dentro
```

Otra solución posible hubiera sido posible de implementar los métodos `__lt__()`, `__le__()`, `__eq__()`, `__ne__()`, `__ge__()` y `__gt__()` en la clase `Arbol`, para así poder ordenar ambas listas y testear la igualdad entre ellas con el método `assertListEqual`. La complejidad de las operaciones en esta solución hubiera sido  $O(N)$  cada sorting, resultando en un orden lineal contra el cuadrático obtenido, aunque no contaría con una verificación de que no haya árboles repetidos en las listas.

## Método `arbol_mas_cercano`

En el método `arbol_mas_cercano` de la clase `DataSetArboreo`, tanto el valor de retorno como la distancia mínima requeridos para nuestra primera solución, se inicializan como `None` para el correcto funcionamiento.

```
vr: Arbol = None
min_d: int = None
```

Para evitar esto optamos por inicializar ambos valores basandonos en el primer arbol de la especie, cuya obtención es en el peor de los casos  $O(N)$ , en el cual basamos nuestra resolución.

```
vr: Arbol = self.arboles_de_la_especie(especie)[0]
min_d: int = vr.distancia(lat, lng)
```