

Relatório 1º Projeto ASA 2025/2026

Grupo: AL030

Alunos: Leonor Costa Guedes (113396) e Manuel Francisco Santos Ramos Soares (113402)

Descrição do Problema e da Solução

O problema consiste em determinar a ordem ótima para remover aminoácidos de uma cadeia, maximizando a energia libertada com base nos seus potenciais e afinidades bioquímicas. Trata-se de uma variante do problema clássico de multiplicação de cadeia de matrizes, adaptado para incluir uma tabela de afinidade entre classes de elementos.

A solução utiliza programação dinâmica para calcular a energia máxima em cada subintervalo, seguida de reconstrução com memorização para obter a sequência lexicograficamente menor. Esta abordagem mantém a eficiência do algoritmo clássico enquanto incorpora as especificidades do problema bioquímico.

Análise Teórica

• Leitura dos dados de entrada:

leitura de n, dos valores P e de C, com ciclos que dependem linearmente de n

Complexidade: O(n)

• Pré-processamento: construção da matriz de afinidade A com tamanho $(n + 2) * (n + 2)$, envolvendo dois ciclos aninhados.

Complexidade: O(n²)

• Aplicação de programação dinâmica: preenchimento da tabela dp com três ciclos aninhados que dependem de n.

Complexidade: O(n³)

• Reconstrução da solução: processo recursivo com memorização que, no pior caso, visita cada par (i, j) e realiza operações de concatenação.

Complexidade: O(n³)

• Apresentação dos dados: impressão do resultado e da sequência.

Complexidade: O(n)

$$dp[i, j] = \begin{cases} 0, & \text{se } i + 1 \geq j \\ \max_{k=i+1}^{j-1} (dp[i, k] + dp[k, j] + contrib(i, k, j)), & \text{caso contrário} \end{cases}$$

onde,

$$contrib(i, k, j) = P[i] * A[i][k] * P[k] + P[k] * A[k][j] * P[j]$$

```
ler n; ler P[1..n]; ler C[1..n]
N := n + 2; inicializar P[0], P[N-1], C[0], C[N-1]
construir classIdx e AfTable
for i=0..N-1:
    for j=0..N-1:
        A[i][j] := afinidade entre i e j // O(N^2)

inicializar dp[i][i] = dp[i][i+1] = 0
for len = 2..N-1:
    for i = 0..N-len-1:
        j := i + len
        best := 0; found := false
        for k = i+1..j-1:
            contrib := P[i]*A[i][k]*P[k] + P[k]*A[k][j]*P[j]
            cand := dp[i][k] + dp[k][j] + contrib
            if not found or cand > best: best := cand; found := true
        dp[i][j] := best

memo := map vazio
function reconstruct(i,j):
    if i+1 >= j: return []
    if (i,j) in memo: return memo[(i,j)]
    target := dp[i][j]
    bestSeq := vazio
    for k = i+1..j-1:
        if dp[i][k] + dp[k][j] + contrib(i,k,j) != target: continue
        L := reconstruct(i,k)
        R := reconstruct(k,j)
        cand := L + R + [k]
        if bestSeq vazio or cand < bestSeq (lexico): bestSeq := cand
    memo[(i,j)] := bestSeq
    return bestSeq
```

Relatório 1º Projeto ASA 2025/2026

Grupo: AL030

Alunos: Leonor Costa Guedes (113396) e Manuel Francisco Santos Ramos Soares (113402)

Complexidade global da solução: $O(n^3)$ - O termo cúbico domina sobre as restantes complexidades. Outras operações contribuem com complexidades assintoticamente inferiores, tornando-se insignificantes face ao custo da programação dinâmica.

Avaliação Experimental dos Resultados

O gráfico mostra a relação entre o tempo de execução do código e a função teórica $f(n) = n^3$, representada no eixo horizontal em milhões. Os valores de n foram escolhidos de forma que n^3 varie de 0 até cerca de 8 milhões, permitindo comparar diretamente o crescimento experimental com o previsto pela análise teórica.

Observa-se uma tendência linear clara entre o tempo medido e n^3 , indicando que o algoritmo apresenta, na prática, um comportamento cúbico. Isso confirma que todos os subproblemas foram computados sem interrupções antecipadas e que os resultados experimentais estão alinhados com a complexidade estimada.

Tamanho (n)	Tempo (s)
100	0.35
200	0.00
300	0.00
400	0.01
500	0.03
600	0.05
700	0.08
800	0.13
900	0.20
1000	0.26
1100	0.32
1200	0.41
1300	0.55
1400	0.75
1500	0.87
1600	1.17
1700	1.28
1800	2.02
1900	2.52
2000	3.09

