

# Relatório 1º projecto ASA 2025/2026

Grupo: AL047

Aluno(s): André Cadete (114254)

---

## Descrição do Problema e da Solução

O problema consiste em remover aminoácidos de uma dada sequência de  $N$  aminoácidos pela ordem que permita obter o máximo de energia libertada. Esta energia depende dos aminoácidos adjacentes: tanto das suas potências como das suas classes biológicas.

A solução escolhida baseia-se em dividir o problema principal em subproblemas, seleccionando qual o aminoácido que será removido em último lugar, em função da energia máxima libertada e da ordem lexicográfica das subsequências adjacentes e, por fim, do próprio aminoácido escolhido. Mais concretamente, é utilizada uma matriz de programação dinâmica  $dp$  que para cada subsequência  $[i, j]$ , guarda em  $dp[i][j-i]$  tanto a energia máxima libertada como a escolha do último elemento a remover. Esta matriz é depois usada no cálculo de subsequências maiores, dado que os valores adjacentes necessários para o cálculo dessas subsequências não se alteram.

## Análise Teórica

- Leitura dos dados de entrada:

```
// Ler n
for i = 0 to n
    // Ler número
for i = 0 to n
    // Ler caractere
```

O programa começa por ler o número  $n$  e, de seguida,  $n$  potências e  $n$  classes de aminoácidos, ambos efetuados através de ciclos simples de  $n$  iterações cada. Logo,  $O(n)$ .

- Construção da matriz:

```
for i = 0 to n-1          // O(n)
    for j = 0 to (n-1)-i  // O(n)
        for k = j to j+i  // O(n)
            // Calcular energia libertada
            // Guardar a maior energia libertada e a escolha correspondente
```

O primeiro ciclo itera sobre os tamanhos ( $i$ ) de subintervalos (de 0 até  $n-1$ ), enquanto o segundo percorre as posições iniciais válidas ( $j$ ) para cada tamanho. Depois, para cada subsequência é selecionado (para remover por último) um ( $k$ ) de  $n$  índices. Logo,  $O(n^3)$

- Obtenção do caminho encontrado (recursão):

# Relatório 1º projecto ASA 2025/2026

Grupo: AL047

Aluno(s): André Cadete (114254)

traceback(left, right):

// Obter o melhor k

traceback(left, k-1)

traceback(k+1, right)

// Adicionar k à sequência

Embora a energia total esteja presente numa única posição da matriz, para se obter a sequência de remoção dos aminoácidos é necessário seguir as escolhas feitas do fim para o início, através duma recursão que irá correr n vezes (tamanho da sequência). Logo,  $O(n)$ .

- Apresentação dos dados:

// Mostrar energia libertada máxima

for i = 0 to n

// Mostrar caractere

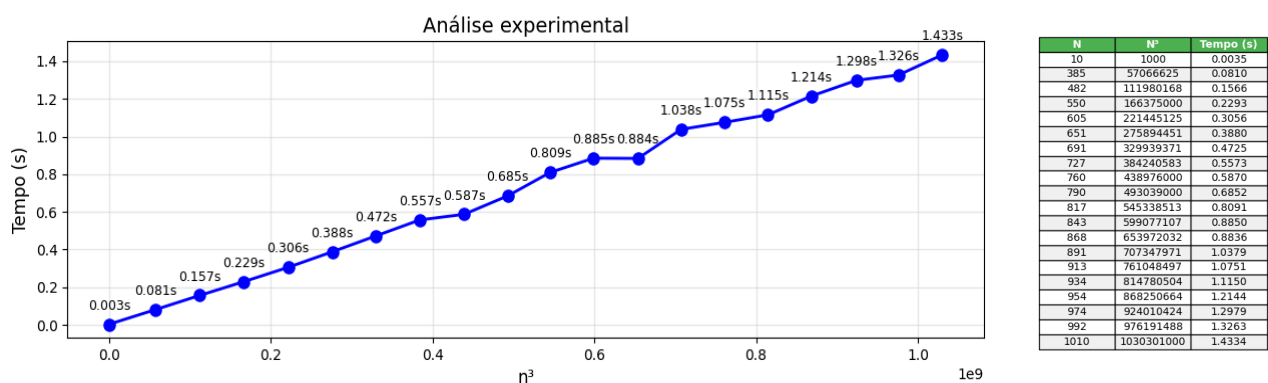
É apresentada a energia total e, posteriormente, a sequência correspondente, através dum ciclo com n iterações.

Logo  $O(n)$ .

Complexidade global da solução:  $O(n^3)$

## Avaliação Experimental dos Resultados

Para a análise experimental, foram escolhidos 20 tamanhos N e, para cada um deles, o programa foi executado 30 vezes com instâncias diferentes, de modo a mitigar erros não sistemáticos, calculando-se depois a média dos tempos obtidos. Os tamanhos de N foram selecionados de forma a que os pontos tenham o mesmo espaçamento entre si no gráfico, dado que este representa  $n^3$  no eixo horizontal. Apresentam-se de seguida o gráfico e a respetiva tabela com os valores obtidos.



Através da observação do gráfico (uma linha muito semelhante a uma função  $y = ax + b$ ), verificamos que a complexidade teórica da solução,  $O(n^3)$ , está de acordo e é ajustada à complexidade observada experimentalmente.