

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, selecionando 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

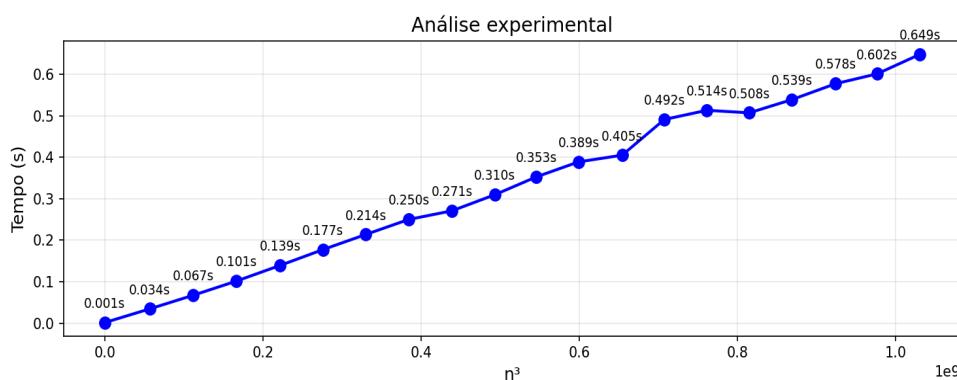
É apresentada a energia total e, posteriormente, a sequência correspondente, através dum ciclo com n iterações.

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 NN 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. Tanto o gráfico como a respetiva tabela com os valores obtidos apresentam-se de seguida.



N	N ³	Tempo (s)
9	1000	0.0013
384	57066625	0.0345
481	111980168	0.0673
549	166375000	0.1014
604	221445125	0.1391
650	275894451	0.1774
690	329939371	0.2139
726	384240583	0.2502
759	438976000	0.2711
789	493039000	0.3098
816	545338513	0.3528
842	599077107	0.3893
867	653972032	0.4053
890	707347971	0.4915
912	761048497	0.5137
933	814780504	0.5076
953	868250664	0.5393
973	924010424	0.5780
991	976191488	0.6016
1009	1030301000	0.6487

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.