

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

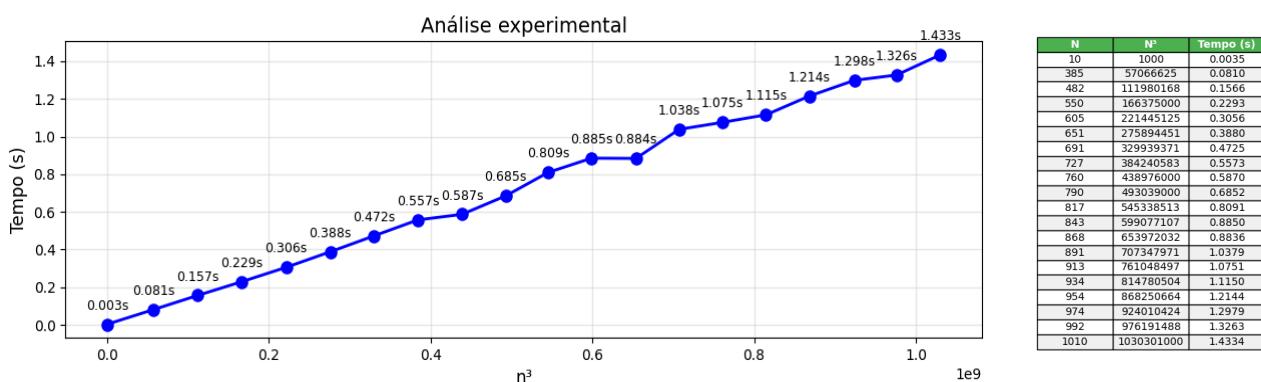
É apresentada a energia total e, posteriormente, a sequência correspondente, através dum ciclo com n iterações.

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 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.