

## Trabalho 2 (Parte 1) - Projeto e Análise de Algoritmos

Flávia Narumi Nitto

20 de novembro de 2021

**a) Explique com suas palavras o funcionamento do algoritmo.**

De início, precisamos definir dentro do código-fonte qual será o tamanho  $N$  da maior cadeia de caracteres, então inserimos as duas sequências de DNA respeitando o tamanho máximo definido. Em seguida, é realizada a verificação das duas primeiras bases nitrogenadas, se ambas são iguais contabilizamos a pontuação na variável *pontuação*. Caso não sejam, fazemos a verificação considerando a opção que terá a maior pontuação naquela iteração.

**b) Escreva um código em C do algoritmo que receba como entrada duas sequências de DNA e devolva a solução.**

Código `flavia_nitto_trab2_parte1.c` foi anexado na atividade do Classroom.

**c) Qual é sua complexidade?**

A ordem de complexidade do algoritmo implementado para o item b) tem ordem  $O(n)$ , pelo fato de percorrermos cada cadeia de caracteres apenas uma vez fazendo a checagem e contabilizando a pontuação. Além disso, pode-se observar que o laço `for` que percorre as sequências é executado apenas uma vez, sem outros laços `for` aninhados.

**c) Ele fornece uma solução ótima? Prove.**

Embora o algoritmo guloso seja mais rápido que a utilização de algoritmos de programação dinâmica, em alguns casos ele pode não fornecer a solução ótima para o problema. Isso se dá pela natureza do algoritmo guloso, sempre buscando o melhor caso local (e não global).