

Para compilar o ep2 basta dar make no terminal e `./ep2 < nomearquivo.dat >` para executá-lo usando o arquivo .dat escolhido como definido no enunciado.

Os testes foram feitos usando um i7-4500U CPU @ 1.8 GHz e 8 GB de RAM.

**Parte 1: Sistemas definidos positivos** Os resultados tiveram uma diferença significativa para problemas dados entre as implementações orientados a coluna e a linha, principalmente entre os problemas com n grande. Sendo os melhores tempo os por linha, já que, a linguagem utilizada foi C.

| Problema | cholcol  | forwcol  | backcol  | cholrow  | forwrow  | backrow  |
|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| 1        | 0.004556 | 0.000140 | 0.000137 | 0.003550 | 0.000132 | 0.000123 |
| 2        | 0.043498 | 0.000362 | 0.000301 | 0.036245 | 0.000484 | 0.000317 |
| 3        | 0.117948 | 0.001343 | 0.000932 | 0.087939 | 0.000951 | 0.000713 |
| 4        | 0.238581 | 0.002475 | 0.001717 | 0.209548 | 0.000996 | 0.000978 |
| 5        | 0.414539 | 0.002191 | 0.002124 | 0.362103 | 0.001555 | 0.001536 |
| 6        | 0.731586 | 0.003469 | 0.004372 | 0.619970 | 0.002447 | 0.003801 |
| 7        | 1.173883 | 0.004746 | 0.004662 | 1.009653 | 0.003022 | 0.003775 |

As matrizes positivo definidas de testes foram geradas pelo genmatsin.c com n igual a 100, 200, ..., 700 para os testes.

**Parte 2: sistemas gerais** Assim como previsto, para os sistemas gerais, os métodos foram executados mais rápidos orientado a linha do que a coluna pois foi feito em C, que guarda as matrizes em linhas. E em todos os testes feitos o tempo executado por linha foi mais rápido que o orientado a coluna, com exceção do teste com n = 100, onde tiveram teste que os tempos foram bem parecidos e as vezes com o tempo um pouquinho maior que o por coluna, porém julgo como errado já que outras coisas podem afetar o resultado do tempo além do algoritmo feito, ainda mais com um n tão pequeno. E como pode ser visto na tabela quanto maior o n mais eficiente é o orientado a linha em relação ao orientado a coluna:

| Problema | PA = LU  | LUx = Pb | PA = LU  | LUx = Pb |
|----------|----------|----------|----------|----------|
| 1        | 0.005329 | 0.000119 | 0.005027 | 0.000123 |
| 2        | 0.045434 | 0.000401 | 0.042997 | 0.000324 |
| 3        | 0.175075 | 0.000865 | 0.141306 | 0.000791 |
| 4        | 0.390028 | 0.001510 | 0.312168 | 0.001346 |
| 5        | 0.788581 | 0.002498 | 0.589043 | 0.002093 |
| 6        | 1.399397 | 0.003737 | 1.002722 | 0.003040 |
| 7        | 2.368173 | 0.021937 | 1.591310 | 0.013574 |

A segunda e a terceira coluna são os métodos orientados a coluna e a quarta e quinta orientadas a colunas.

As matrizes positivo definidas de testes foram geradas pelo `genmat.c` e assim como na parte 1 as matrizes tem tamanho  $n$  igual a 100, 200, ..., 700 para os testes, como definido no enunciado.