

Manual de Asignación

Pardo García, Federico

21 de noviembre de 2018

Resumen

La finalidad de este documento es ayudar al usuario en la selección de los mejores parámetros para el uso del algoritmo genético de sudokus. Toda la información aquí detallada ha sido extraída en base a experimentos y pruebas realizadas. El programa actualmente solo está disponible para Windows.

1. Manual de Asignación

1.1. Ejecución del programa

El programa carece de una interfaz gráfica, y por tanto es necesario ejecutarlo desde la línea de comandos para hacerlo funcionar. Una forma rápida de abrir la consola de Windows es por medio del menú de *Ejecutar*, que se abre mediante la combinación de teclas *Win + R*. Escribimos “powershell” en la ventana que nos aparece y ejecutamos la orden. Una vez aquí, debemos movernos hasta la carpeta que contenga el programa y archivo con el Sudoku que queremos resolver. Esto se consigue mediante el siguiente comando:

```
> cd \ruta\hasta\la\carpeta
```

Una forma más sencilla de llegar hasta la carpeta es mediante el *Explorador de Archivos*. Podemos abrir la carpeta donde se encuentre el programa y allí pulsar: *Archivo > Abrir Windows Power_Shell*.

A continuación, ya podemos ejecutar el programa mediante la siguiente sintaxis:

```
> .\sudoku.exe nombre_fichero.txt parámetro1 parámetro2 parámetro3 parámetro4
```

El archivo *nombre_fichero.txt* incluye el caso que queremos resolver. En la primera línea únicamente estará un número n con el tamaño del sudoku. A partir de ahí, se esperan n líneas de la misma longitud, separados por espacios con los valores del tablero. Las casillas vacías serán representadas por el valor 0,

1.2. Asignación de parámetros

Para dar opciones al usuario, se proponen 2 configuraciones para la resolución del sudoku. La primera más conservadora que prima encontrar una solución y la segunda más agresiva centrada en la velocidad de ejecución. Ambas descripciones son teóricas. Puede darse el caso de que la más precisa sea en algunos casos la más rápida y viceversa.

a. Configuración conservadora

- Valor recomendado para el parámetro 1 (Tamaño de población): 150
- Valor recomendado para el parámetro 2 (Operador de selección): 0
- Valor recomendado para el parámetro 3 (Probabilidad de cruce): 0.95
- Valor recomendado para el parámetro 4 (Probabilidad de mutac.): 0.125

b. Configuración agresiva

- Valor recomendado para el parámetro 1 (Tamaño de población): 100
- Valor recomendado para el parámetro 2 (Operador de selección): 0
- Valor recomendado para el parámetro 3 (Probabilidad de cruce): 0.8
- Valor recomendado para el parámetro 4 (Probabilidad de mutac.): 0.125

Una menor población iterará más rápido, producirá más mutaciones y es más variable. Por otro lado, una población mayor es más lineal y menos agresiva en las mutaciones.