

# Práctica 3: teoría de colas

Ricardo Rosas Macías

21 de mayo de 2019

## 1. Introducción

La teoría de colas o líneas de espera, es un análisis matemático que permite estudiar el comportamiento sistemático de un procedimiento que tiene la capacidad de procesar muchos datos o tareas, sin aletargamiento que arruine la obtención de los parámetros de interés.

## 2. Objetivo

En la práctica se busca examinar el arreglo de las tareas del experimento, obtener los tiempos que tardan en realizarse y su duración al ejecutarse con un número de núcleos determinado.

### 2.1. Descripción

Lo que se debe hacer es [3]:

“Examinar cómo las diferencias en los tiempos de ejecución de los diferentes ordenamientos cambian cuando se varía el número de núcleos asignados al cluster, utilizando como datos de entrada un vector que contiene primos grandes; descargados de <https://primes.utm.edu/lists/small/millions/> y no-primos con un mismo número de dígitos. Investiga también el efecto de la proporción de primos y no primos en el vector igual como la magnitud de los números incluidos en el vector con pruebas estadísticas adecuadas.”

## 3. Resultados y conclusiones

En términos generales para la lograr con el objetivo, se realizaron cambios en el código [1][2] de tal forma que proporcione el comportamiento que tiene la ejecución del experimento con la proporción de primos y no primos.

```
1 pd <- read.csv("primes1.txt", sep=" ", header = FALSE) #Primos descargados
2 pd$V1 <- NULL
3 pd$V10 <- NULL
```

```

4 pdm <- as.matrix(pd)
5 primos <- as.vector(t(pdm))
6
7 hastA<-20011
8 desde<-5381
9 hasta<-11827
10 replicas<-30
11 primo <- function(n) {
12   for (i in 2:(n-1)) {
13     if ((n > i && n %%i) == 0) { # residuo es cero
14       return(FALSE)
15     }
16   }
17   return(n)
18 }
19 primos <- numeric() # un vector vacio
20 for (n in desde:hastA) {
21   primos <- c(primos, primo(n)) # combinar vectores
22 }
23
24 noprimo <- function(n) {
25   for (i in 2:(n-1)) {
26     if ((n > i && n %%i) == 0) { # residuo es cero
27       return(n)
28     }
29   }
30   return(FALSE)
31 }
32 noprimos <- numeric() # un vector vacio
33 for (m in desde:hasta) {
34   noprimos <- c(noprimos, noprimo(m)) # combinar vectores
35 }
36
37 PC<-primos[which(primos>0)] # Primos crecientes
38 NPC<-noprimos[which(noprimos>0)] # No primos crecientes
39 PD<-sort(a,decreasing = TRUE) # Primos decrecientes
40 NPD<-sort(1,decreasing = TRUE) # No primos decrecientes
41 PA<-sample(a) # Primos aleatorios
42 NPA<-sample(d) # No primos aleatorios
43
44 e <- sample(a, size=420 ,replace = TRUE, prob = NULL)
45 f<-sample(1, size=420, replace = TRUE, prob=NULL)
46
47 primx <- function(n) {
48   if (n == 1 || n == 2) {
49     return(TRUE)
50   }
51   if (n %%2 == 0) {
52     return(FALSE)
53   }
54   for (i in seq(3, max(3, ceiling(sqrt(n))), 2)) {
55     if ((n %%i) == 0) {
56       return(FALSE)
57     }
58   }

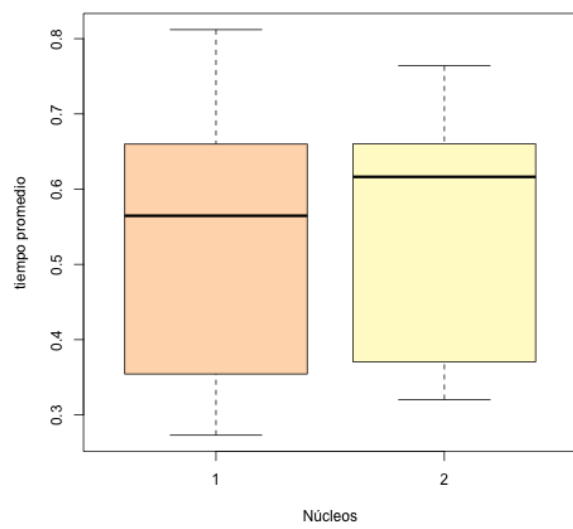
```

```

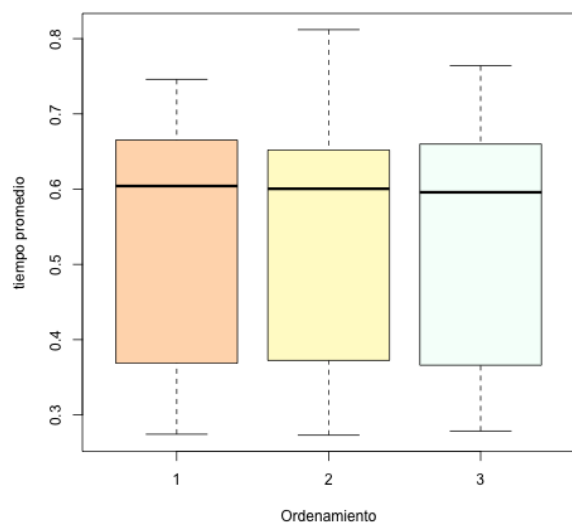
59 |   return(TRUE)
60 | }
61 |
62 | suppressMessages(library(doParallel))
63 | registerDoParallel(makeCluster(detectCores()-2))
64 | PCt <- numeric()
65 | PDt <-numeric()
66 | PAt <- numeric()
67 | NPDt <-numeric()
68 | NPCt <-numeric()
69 | NPAAt <-numeric()
70 |
71 | for (r in 1:replicas) {
72 |   PCt <- c(at, system.time(foreach(n = a, .combine=c) %dopar% primx(n))[3])
73 |   PDt <- c(bt, system.time(foreach(n = b, .combine=c) %dopar% primx(n))[3])
74 |   PAt <- c(vt, system.time(foreach(n = v, .combine=c) %dopar% primx(n))[3])
75 |   NPDt <- c(dt, system.time(foreach(n = d, .combine=c) %dopar% primx(n))[3])
76 |   NPCt <- c(lt, system.time(foreach(n = l, .combine=c) %dopar% primx(n))[3])
77 |   NPAAt <- c(wt, system.time(foreach(n = w, .combine=c) %dopar% primx(n))[3])
78 | }
79 | stopImplicitCluster()
80 |
81 | mean(PCt)
82 | mean(PDt)
83 | mean(NPDt)
84 | mean(NPCt)
85 | mean(PAt)
86 | mean(NPAAt)
87 | nucleos <- rep(1,20)
88 | nucleos<-c(nucleos,rep(2,20))
89 | digitos<-rep(5,10)
90 | digitos<-c(digitos,rep(4,10))
91 | digitos<-c(digitos,rep(3,10))
92 | digitos<-c(digitos,rep(2,10))
93 | digitos<-c(digitos,rep(1,10))
94 | proportion<- rep(1,3)
95 | proportion<-c(proportion,rep(2,3))
96 | proportion<-c(proportion,rep(3,3))
97 | p<-c(1, 2, 3)
98 | ordenamiento<-rep(p, 20)

```

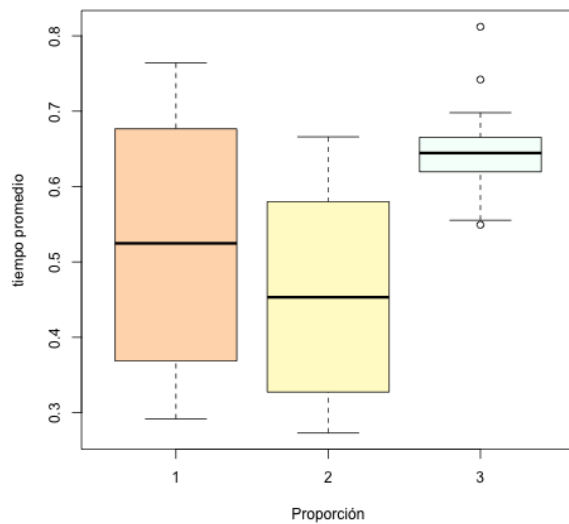
Se realizaron gráficos de la simulación como se muestra en la figura 1, en donde se puede observar en la figura 1(a) el cambio de núcleos para realizar las tareas es ligeramente significativo, la media de tiempo promedio sube un poco pero permanece debajo del segundo cuartil. En cuanto el orden, en la figura 1(b) se muestra que se tarda menos en analizar los datos de manera ascendente; como aparecen en el documento de texto que se descargo de la página web. Sin embargo, en la figura 1(c) muestra una proporción, donde hay algunos cambios en la matriz respecto al tiempo del ciclo. Finalmente podemos observar en la figura 1(d) el número de dígitos en el cual se distingue claramente que se tarda mucho más al realizar el análisis de números de 2 dígitos.



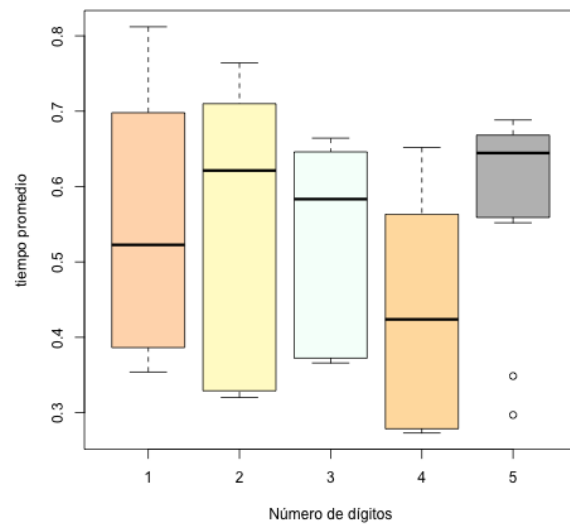
(a) Núcleos



(b) Orden



(c) Proporción



(d) Dígitos

Figura 1: Resultados de ejecución del experimento

## Referencias

- [1] Ricardo Rosas Macías. Práctica 3: teoría de colas, 2019. URL <https://github.com/RicardoRosMac/Simulation/tree/master/HWP3>.
- [2] Liliana Saus. p3 teoría de colas, 2018. URL <https://github.com/pejli/simulacion/tree/master/P3>.
- [3] Elisa Schaeffer. Práctica 3: teoría de colas, 2019. URL <https://elisa.dyndns-web.com/teaching/comp/par/p3.html>.