

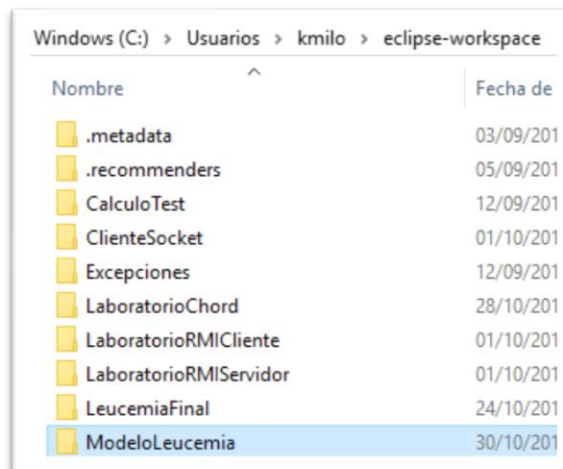
Instructivo para la ejecución del modelo computacional

Diana Angulo Tavera
Andrés Camilo Santacruz Borda
Facultad de Ingeniería de Sistemas y Computación
Universidad Antonio Nariño
Bogotá D.C.
Colombia

Para la ejecución del modelo computacional se deben realizar las configuraciones específicas, por tanto, a continuación, se listan todos los pasos necesarios:

1. Descargar e instalar JDK en la versión 8.
2. Descargar e instalar el IDE Eclipse en su versión más actual.
3. Importar el modelo computacional al IDE Eclipse:
 - a. Copiar y pegar el proyecto en el Workspace de Eclipse tal como se muestra la Figura 1.

Figura 1: Proyecto guardado en el Workspace de Eclipse



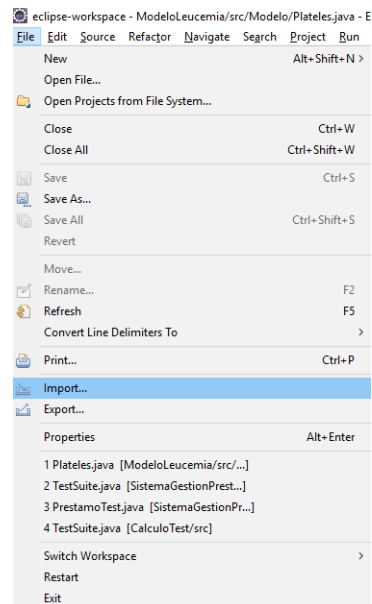
Fuente: Elaboración Propia

- b. Abrir eclipse
- c. En Eclipse, hacer clic en la opción *File* y posteriormente en la opción *Import*, tal como muestra la Figura 2.
- d. En la ventana que se despliega, hacer clic en la opción *General* y

posteriormente en la opción *Existing Projects into Workspace* tal como muestra la Figura 3.

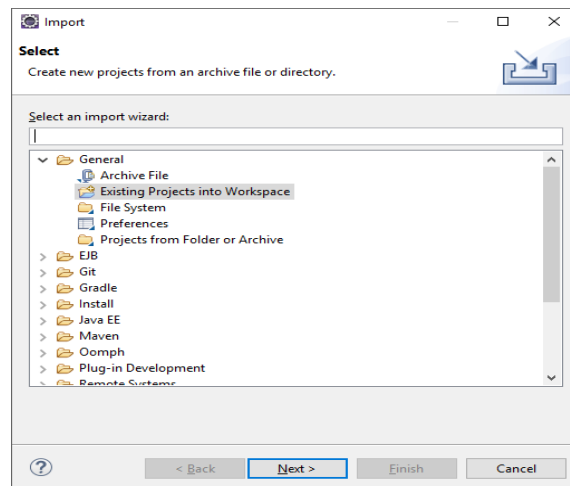
- e. Hacer clic en la opción *Next* y en la ventana que se despliega, seleccionar la opción *Select root directory* y posteriormente haga clic en el botón *Browse* como muestra la Figura 4.

Figura 2: Importar el modelo Parte I



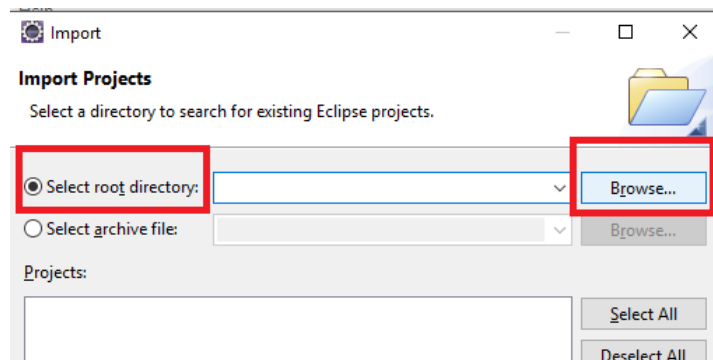
Fuente: Elaboración Propia

Figura 3: Importar el Modelo Parte II



Fuente: Elaboración Propia

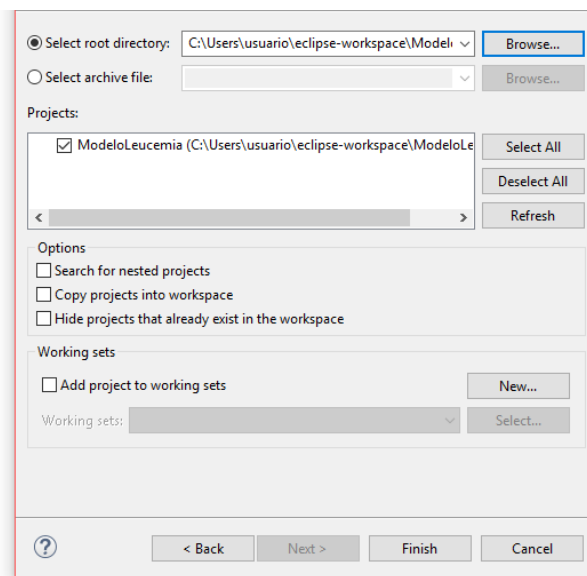
Figura 4: Importar el modelo Parte III



Fuente: Elaboración Propia

- f. En la pantalla que se despliega, se debe buscar la carpeta llamada *Workspace* y dar clic en esta y seleccionar el proyecto *ModeloLeucemia*
- g. Dar clic en *Aceptar* y se regresará a la ventana anterior, quedando como se muestra en la *Figura 5*

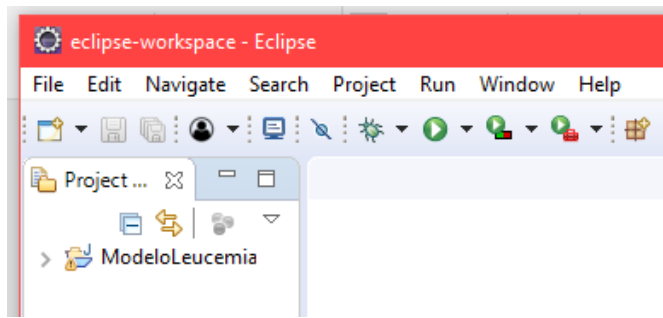
Figura 5: Importar el modelo Parte IV



Fuente: Elaboración Propia

- h. Al hacer click en *Finish* se cargará el proyecto en el IDE, como se observa en la Figura 6.

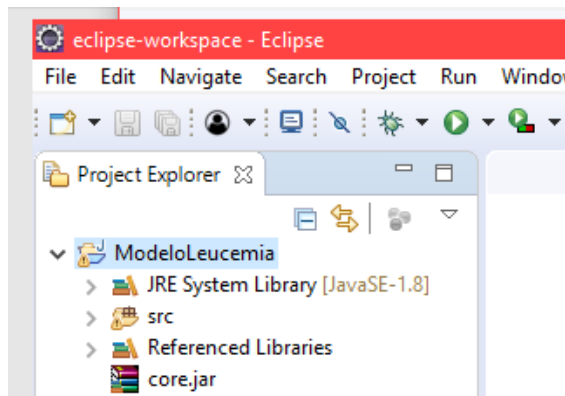
Figura 6: Carga del proyecto



Fuente: Elaboración Propia

- i. Hacer doble clic sobre la carpeta del proyecto para abrirlo, de tal manera que se desplegarán los componentes como se muestra en la *Figura 7*

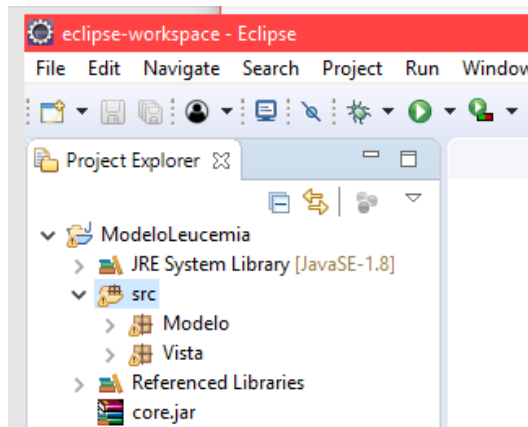
Figura 7: Abrir proyecto



Fuente: Elaboración Propia

- j. Hacer doble clic sobre la carpeta llamada *Src* para abrirlo y ver sus componentes tal como se muestra en la *Figura 8*

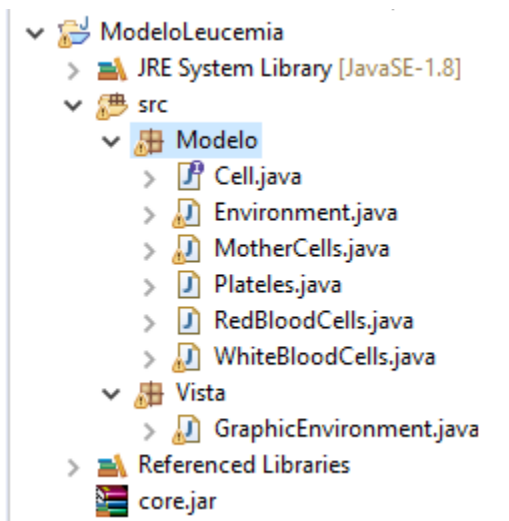
Figura 8: Abrir proyecto II



Fuente: Elaboración Propia

- k. Hacer doble clic sobre los dos paquetes llamados *Modelo* y *Vista* para abrirlos y las clases existentes tal como se muestra en la *Figura 9*

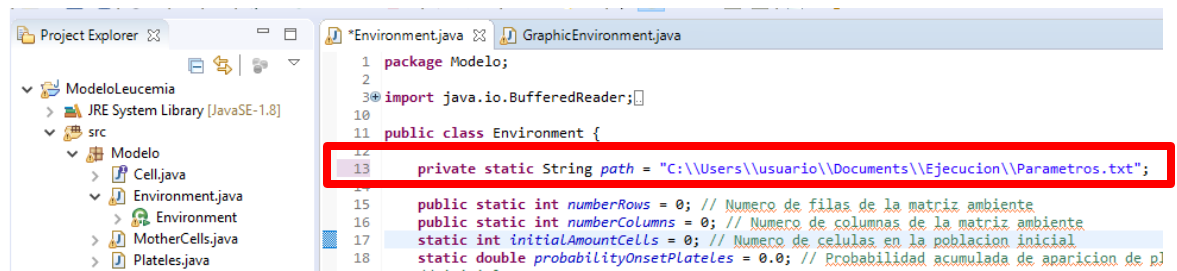
Figura 9: Abrir proyecto III



Fuente: Elaboración Propia

- l. Hacer doble clic sobre la clase llamada *Environment.java* para abrirla
- m. Editar en la clase *Environment.java* la línea de código número 13, colocando la dirección donde se tiene el *txt de los parámetros* como se muestra en la *Figura 10*.

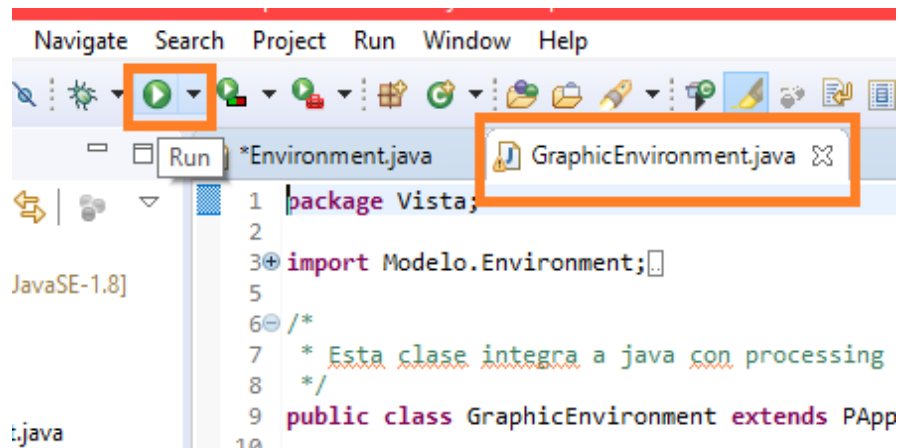
Figura 10: Cambiar dirección



Fuente: Elaboración Propia

- n. Guardar los cambios y ejecutar la clase *GraphicEnvironment.java* ubicada en el paquete *Vista* como se puede ver en la Figura 11

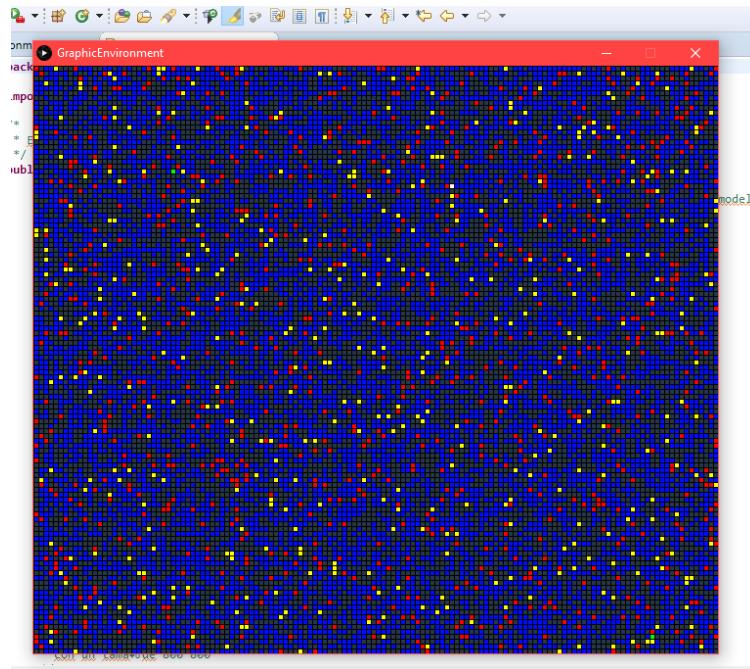
Figura 11: Ejecutar Proyecto



Fuente: Elaboración Propia

- o. Se abrirá una nueva venta mostrando la simulación del modelo como se puede ver en la Figura 12

Figura 12: Simulación del proyecto



Fuente: Elaboración Propia

4. La estructura del archivo de parámetros corresponde a la Figura 13:

Figura13: Estructura del Archivo de parámetros

```
Filas de la matriz ambiente:300
Columnas de la matriz ambiente:300
Cantidad inicial de celulas:50000
Probabilidad aparicion PL poblacion inicial:0.9987
Probabilidad aparicion GR poblacion inicial:0.9476
Prababilidad Salud Celulas:0.9
Cada cuantas iteraciones hay movimiento:1
Numero de iteraciones para Reproduccion Nomal:10
Numero de iteraciones que vive una PL:288
Numero de iteraciones que vive un GB:96
Numero de iteraciones que vive un GR:2880
Incremento de vida de Globulo Blanco Enfermo:700
Mínimo de vecinas detectadas para no percibir falta de individuos PL:2
Mínimo de vecinas detectadas para no percibir falta de individuos GR:4
Mínimo de vecinas detectadas para no percibir falta de individuos GBS:3
Mínimo de vecinas detectadas para no percibir falta de individuos GBE:8
Numero de iteraciones para evaluar falta individuos PL:3
Numero de iteraciones para evaluar falta individuos GR:30
Numero de iteraciones para evaluar falta individuos GBS:1
Numero de iteraciones para evaluar falta individuos GBE:1
Estres Replicativo Celula Madre:100
Probabilidad de sindrome mielodisplásico:0.5
Maximo Reproducciones en sindrome mielodisplásico:200
```

Para su uso, solo debe reemplazar los valores de los parámetros que desee sin borrar el nombre de los mismos ni el símbolo ":" que los separa. Tenga en cuenta que tampoco debe reemplazar los símbolos "."

5. Finalmente, podrá acceder a los datos numéricos en la misma ruta desde donde el simulador lee el archivo de parámetros. El reporte que encontrara se llama *BloodCount* y su extensión es .csv.