
SISTEMA DE SIMULACIÓN DE PROPAGACIÓN DE ORGANISMOS MARCIANOS

202112030 – Brandon Andy Jefferson Tejaxún Pichiyá

Resumen

El “Laboratorio Nacional de Guatemala” necesita realizar un estudio para visualizar el comportamiento de organismos encontrados en las muestras marcianas durante las investigaciones llevadas a cabo por la “Agencia Espacial de Guatemala” en Marte, por lo que se requiere de un sistema para poder realizar simulaciones y visualizar de forma sencilla el comportamiento de los organismos encontrados.

El programa carga la información mediante archivos de entrada, además cuenta con una funcionalidad para detectar cuando un organismo ya no puede seguir prosperando en la muestra, a su vez simula la forma en la que los organismos se propagan sobre la muestra alimentándose de otros organismos, esto permitirá conocer ampliamente el comportamiento de algunos de ellos al momento de coexistir con otros organismos.

El sistema busca facilitar el análisis que realizan los investigadores al estudiar una gran cantidad de organismos en distintas muestras.

Palabras clave

Organismos, propagación, muestra, prosperar, morir.

Abstract

The “Laboratorio Nacional de Guatemala” needs to conduct a study to visualize the behavior of organisms found in Martian samples during the investigations carried out by the “Agencia Espacial de Guatemala” on Mars. Therefore, a system is required to simulated and easily visualize the behavior of the organisms found.

The program loads information through input files and also has a functionality to detect when an organism can no longer continue to thrive in the sample. Additionally, it simulates the way in which organisms propagate on the sample by feeding on other organisms. This will allow for comprehensive understanding of the behavior of some organisms when coexisting with others.

The system aims to facilitate the analysis performed by researchers when asutdying a large number of organisms in different samples.

Keywords

Organisms, spread, sample, thrive, die.

Introducción

El sistema de simulación de organismos es una herramienta que puede resultar de gran ayuda en la industria de la medicina y la biología, ya que permite visualizar en tiempo real y de forma sencilla el comportamiento de organismos en muestras marcianas.

El software permite visualizar los organismos mediante gráficos que ayudan a los investigadores del “Laboratorio Nacional de Guatemala” a identificar los factores esenciales en los cuales los distintos organismos logran propagarse en las muestras y poder ampliar los conocimientos en cuanto al comportamiento biológico de los organismos marcianos, para poder tener referencias de los organismos marcianos con organismos terrestres como lo pueden ser las diatomeas.

Desarrollo del tema

El sistema se basa en listas enlazadas para poder generar una matriz dispersa, conteniendo nodos y objetos según sea el caso.

El concepto de lista enlazada se base en el almacenamiento de nodos cuyos atributos permiten contener información y en ciertos casos otros nodos para poder tener acceso a la información y poder manipularla a conveniencia.

Una matriz dispersa se basa en cierta manera en el concepto de lista enlazada, con la diferencia que únicamente se crean los nodos que serán utilizados en una distribución de $m \times n$.

El sistema será manejado mediante consola y la implementación de un menú, de tal modo que sea fácil de usar y sea agradable al usuario. El programa seguirá en funcionamiento de manera continua hasta que el usuario desee salir seleccionando la respectiva opción del menú.

El sistema tiene una funcionalidad para plasmar gráficamente las muestras de organismos ingresados mediante un archivo de entrada con formato XML con toda la información relevante para el caso.

a. Carga de Datos

Los datos se cargan en el sistema ingresando la ubicación del archivo XML, conteniendo la información de los organismos con sus respectivos códigos. Los datos cargados son almacenados en listas enlazadas dobles.

b. Graficación

Al momento agregar nuevos organismos a la muestra automáticamente la función para graficar genera un documento PDF de igual forma un documento HTML donde se muestra la muestra inicial, identificando cada tipo de organismo de un color diferente, previo a agregar organismos de forma manual.

c. Algoritmo para Comer Organismos

Luego de haber cargado la muestra inicial el programa solicita que el usuario ingrese un organismo de forma manual, indicando la fila y columna dentro de la matriz, así como el tipo de organismo que se desea agregar.

A partir del nodo agregado en la matriz dispersa se realiza el análisis hacia las direcciones en las que un organismo puede comer para poder prosperar. Se analiza en horizontal (derecha) enviando como parámetro a la función el nodo siguiente, para poder iterar hasta que un nodo que sea del mismo tipo al organismo agregado de forma manual y verificar que su nodo siguiente sea None, es decir que ya no haya otro organismo para poder seguir analizando.

De igual forma se valida que los nodos estén en columnas consecutivas para que se cumpla con la regla que mantienen los organismos de poder comer para prosperar en la muestra, si esto se cumple se retorna el nodo anterior al nodo del mismo tipo que el que se agregó manualmente, de lo contrario se retorna un valor None, para indicar que no se encontró un organismo hermano, por lo tanto, no puede prosperar en esa dirección.

Al momento de tener el nodo de referencia se está conociendo el rango de nodos que el organismo colocado comería, por lo que se envía como parámetro a la función para comer organismos el nodo inicial, el nodo final y el tipo de organismo agregado.

La función para comer se encarga de buscar la fila en la que se encuentra el nodo inicial (organismo agregado manualmente) y posterior la columna donde se encuentra, una vez encontrado el nodo se recorre a partir del nodo siguiente verificando si el tipo de organismo es distinto al enviado por parámetro, si se cumple la condición el tipo de organismo del nodo actual se reasigna al tipo de organismo que se recibe como parámetro, el ciclo se detiene cuando la columna del nodo actual es igual a la columna del nodo final. El algoritmo se adecuó a las demás posibilidades para analizar de forma horizontal y vertical.

Al analizar en diagonal para encontrar el último nodo que el organismo pueda comer, se envía como parámetro la fila y columna anterior al nodo agregado manualmente en diagonal (arriba a la derecha) y el tipo de organismo. Se itera hasta encontrar un nodo del mismo tipo y que su apuntador siguiente sea None, por cada iteración se resta una unidad a las filas y se suman una unidad a las columnas. Así mismo se

verifica que la fila y columna sean consecutivos, si ambas condiciones se cumplen se devuelve la posición del último nodo que se comería.

Al tener el nodo final (arriba a la derecha) siendo el más próximo al acceso, se itera partiendo del nodo de referencia hasta el nodo que fue colocado manualmente. La función para comer recibe como parámetros la fila inicial, la fila y columna del nodo final y el tipo de organismo. Se verifica que los nodos dentro del rango sean distintos al tipo de organismo colocado manualmente, si se cumple con esta condición se reasigna el valor del nodo actual al valor del organismo que se recibe como parámetro y resta una unidad a la cantidad de columnas, de tal forma que a la siguiente iteración llegue a una columna anterior, hasta llegar a la columna del nodo que fue agregado manualmente.

El algoritmo se adecuó a las demás posibilidades para analizar de forma diagonal.

d. Algoritmo para Identificar cuando un Organismo ya no Prospera

Se solicita que el usuario ingrese el código de organismo para realizar el análisis y validar si puede o no prosperar en la muestra. Se recorre la matriz hasta encontrar el primer nodo que sea igual al tipo ingresado, cuando se encuentre un nodo del mismo tipo se envía como parámetros el nodo encontrado y el código de organismo ingresado a la función para evaluar.

Al analizar (a la derecha) se verifica que haya un nodo y que sea consecutivo, si ambas condiciones se cumplen se retorna el nodo siguiente, de lo contrario se hace una llamada recursiva para seguir evaluando, enviando el

nodo siguiente y el tipo de organismo. De no cumplir con ninguna de las condiciones retorna el valor None.

Se realiza el mismo análisis para todas las direcciones adaptando el algoritmo a cada una de ellas, y se verifica que todas las funciones para analizar devuelvan al menos un nodo, si se cumple se retorna el valor True para indicar que el organismo puede seguir prosperando, de lo contrario se retorna el valor False, es decir que el organismo ya no puede prosperar en la muestra.

e. Lógica del Sistema

Toda la información obtenida del archivo de entrada es almacenada en listas enlazadas.

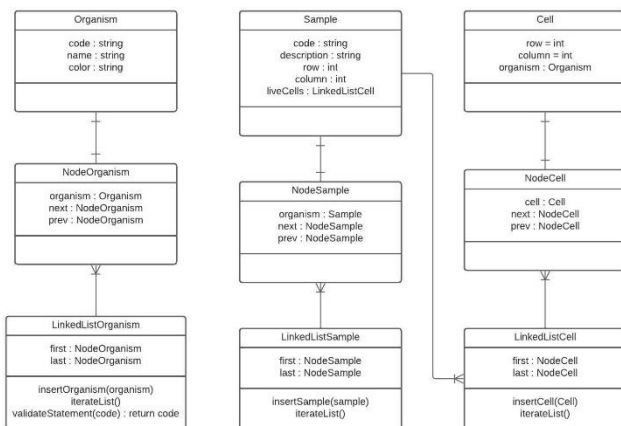


Figura 1. Diagrama de clases listas enlazadas.

Fuente: elaboración propia.

Luego de haber almacenado la información necesaria se construye la matriz dispersa usando la información de las celdas que contienen vida en la muestra.

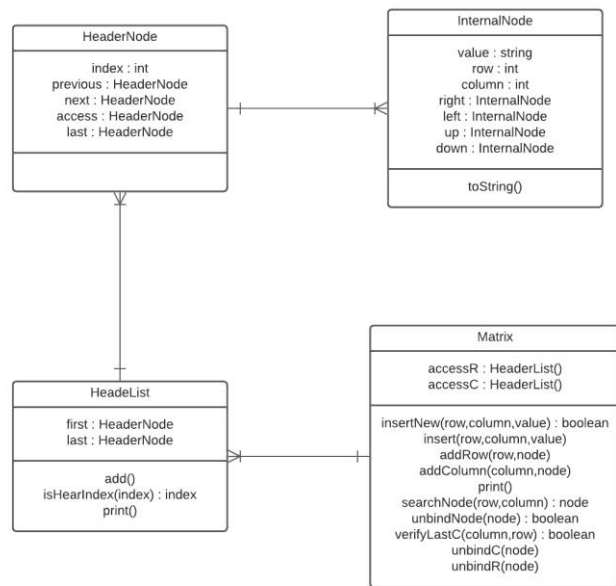


Figura 1. Diagrama de clases matriz dispersa.

Fuente: elaboración propia.

En el diagrama se puede observar la manera más completa para crear la matriz dispersa que es la parte fundamental del funcionamiento del sistema.

Algunos de los métodos mas importantes de la matriz son:

1. insertNew: hace uso de la función searchNode para verificar si el nodo ya existe en la matriz y no sobre escribir nodos. Si se encuentra un nodo se retorna un valor Falso, en caso contrario hace uso del método insert.
2. Insert: se encarga de verificar que existan los nodos de acceso, en caso que no existan se crean los nodos en las listas de cabecera y se procede a crear el nodo interno.
3. addRow y addColumn: se encarga de enlazar el nodo que se crea tanto en filas como en columnas respectivamente.
4. searchNode: se encarga de verificar que un nodo en una posición específica exista en la matriz. Si existe se devuelve el nodo, en caso contrario se devuelve el valor None.

Conclusiones

Luego de comprender las funciones del sistema y de las clases implementadas se puede afirmar que el sistema cumple con eficiencia el análisis de organismos en las muestras marcianas.

Para el manejo de listas enlazadas es posible incluir ciertos atributos a las clases y a sus nodos, de modo que el acceso a su contenido no sea muy complicado y a la vez se convierte en una estructura de almacenamiento de información bastante útil y fácil de manipular

El uso de la herramienta Graphviz permite la visualización del proceso de transformación de distintos organismos, de modo que es posible comprender fácilmente el proceso biológico correspondiente.

Referencias bibliográficas

Raj, A. (2023, 30 enero). *Matriz dispersa en Python*. Delft Stack.

<https://www.delftstack.com/es/howto/python/sparse-matrix-in-python/>

CC30A Algoritmos y Estructuras de Datos: Tipos de datos abstractos. (s. f.).

<https://users.dcc.uchile.cl/%7Ebebustos/apuntes/cc30a/TDA/>