



Universidad Andres Bello

Facultad de Ingeniería

Ingenieria en Computacion e Informatica

Estructura de Datos
Proyecto Final Laboratorio

Profesor: Pamela Landero / Tomas Lara

Alumno: Francisco Iturra

Fecha: 22-11-2017

1.- Introducción

Consideremos una población de K bacterias distribuidas en una matriz de dimensiones $M \times N$, de modo que en cada una de las celdas hay, como máximo, una bacteria. Además, consideramos que, las 8 bacterias en las celdas que rodean a una bacteria son sus vecinas (tanto las horizontales, verticales y diagonales).

Con una serie de reglas, las cuales hay que realizar en un programa en “C”, que realice las siguientes operaciones.

1. Abra un archivo que describe un estado inicial de la matriz de bacterias
2. Muestre por pantalla el estado actual de la matriz de bacterias. Usted elige el formato en el que se mostrará el estado de vida o muerte de cada bacteria, pero se debe reconocer claramente la estructura de la matriz.
3. Simule la evolución de la población durante L ciclos evolutivos.
4. Guarde en un archivo el estado actual de la matriz en el mismo formato que el archivo de entrada que se pide en el punto número 1.
5. Debe hacer uso de las estructuras de dato vistas en clase para la solución de los ejercicios, por ejemplo, utilice una Pila para almacenar los cambios de estado y después reflejarlos en la matriz original.

Estrategia

Primero realice en papel el ciclo de vida de una bacteria para interiorizarme y poder dar la solución del programa a implementar.

Considere que la vida de una bacteria sería representado por “1” (viva), y “0” (muerta).

Luego, realice la comprobación del archivo, dependiendo del formato del número mágico, con unsigned char, unsigned int, unsigned short, según correspondiera, ya que cada uno de ellos es un tipo de dato, que corresponde a la cabeza del archivo binario.

En si el proceso de asimilar el ciclo de vida de la bacteria y llevarlo al código fue bastante difícil, intente partir por el ciclo de vida mismo de la bacteria, pero en realidad fue mucho peor empezar así...al realizar el análisis de los vecinos de X posición en una matriz determinada, representado por coordenadas “x” e “y”, tal mapa cartesiano definido se tratase, pude avanzar con el proyecto, a esto me ayudo un compañero de clase que no es de mi grupo a entenderlo de mejor forma (Jorge Sepúlveda) Concluido esto, procedí a realizar el ciclo de vida de la bacteria realizando comparaciones entre los distintos vecinos de la bacteria en la matriz según las reglas definidas en el documento entregado. A lo cual se realizaron las estructuras necesarias para representarlas y analizarlas en una matriz.

En resumen:

Se abre archivo, se verifica que sirva (numero mágico), indicó que cantidad de bacterias vivas se posee , se representa gráficamente en una matriz la cantidad de bacterias (según sus reglas), indica en cada ciclo(definido como una constante llamada “Ciclosevo” a continuación de las librerías base utilizadas) cuántas bacterias quedan vivas según la operación para mantener bacterias vivas, se guarda en un archivo llamado “salida.bin” el resultado de la operación.

Las estructuras de datos utilizadas:

Ubiccartesiana: la cual entrega la posición cartesiana de X bacteria en una matriz definida. Con dos valores enteros los cuales son utilizado en una matriz.

Bacteriasinfo: la cual entrega la información para el análisis del archivo de las bacterias. Utiliza 4 valores Unsigned, 3 enteros(N,M,cant), y un char (numeromagico).

Coordenadas. Esta estructura define la coordenada de una bacteria en específico, según el análisis de bacteriasinfo.

nodo : define la estructura de cada nodo(posible bacteria), con 3 valores , un puntero al próximo nodo, un entero(estado de la vida de la bacteria), y un último de tipo ubicCartesiana.para posicionarlo en una matriz.

Pila: definición de la estructura de pila, solo 2 valores, un puntero al último nodo, y el tamaño de la pila.