

Cesar es un script que permite la ejecución de diversos algoritmos de clasificación en combinación de algoritmos bio-inspirados a partir de señales EEG ya procesadas. Para ello, el script cuenta con una línea de con diversas librerías que podrán ser instaladas mediante el comando *pip* de Python. Para ello, la versión de éste deberá de ser igual o superior a la 3.0.9.

En el momento de ejecutar el script, se le pueden pasar varias opciones en función del clasificador que se usará:

- --clasificador KNN
- --clasificador SVC
- --clasificador MLP
- --clasificador LGBM
- --clasificador XGBM

Para seleccionar el algoritmo bioinspirado con el que combinar el clasificador anterior:

- --MW GA
- --MW PSO
- --MW ES
- --MW BEE
- --MW ANT

Para seleccionar el número de features con la que entrenar el clasificador se utiliza: --features [numFeatures].

Si se ha seleccionado el clasificador KNN se puede utilizar el parámetro --vecinos [numVecinos] para establecer el número de vecinos.

Si se ha seleccionado el clasificador SVC, se puede establecer el parámetro C, mediante -C [numC].

Si se ha seleccionado el algoritmo bioinspirado GA, se pueden usar los parámetros --NGeneracion y --NGenes para establecer el número de generaciones y números de genes.

Independientemente de estos comandos, se puede cambiar algunos valores propios de los algoritmos para ajustarlo a las necesidades de los datos proporcionados.

Por otro lado, por cada ejecución se obtienen el tiempo y la energía consumida, entre otras medidas. Éstas se localizan en el fichero "emissions.csv" que crea la API de CodeCarbon.