



Proyecto Final

“El juego de la Vida de John Conway”

Nombres: Cristian Soto
Nicolás Contreras

Curso: Estructura de Datos
Profesor: Tomas Lara
Fecha de Entrega: 22/11/2017

Desarrollo

En este informe explicaremos sobre nuestro proyecto en relación a lo requerido “El juego de la Vida”. Las estrategias que utilizamos para desarrollar el código y como implementamos cada operación para lograr lo requerido.

Para iniciar explicaremos algo sobre este juego. Se trata de un juego sin jugadores lo que significa que su evolución esta determinada según los ciclos indicados y no necesita ninguna entrada de datos. El entorno del juego esta determinada por una Matriz de tamaño $M \times N$. El juego esta compuesto de bacterias que se encuentran en 2 estados: “Vivas” o “Muertas”. El estado de cada bacteria esta determinado por L ciclos que determina cada evolución de estas bacterias. En cada ciclo estas bacterias se van actualizando según las siguientes reglas:

- Una bacteria muerta renace si esta rodeada exactamente con 3 bacterias vecinas vivas por lo que si sus vecinas son menor o igual a 2, la bacteria se mantiene muerta.
- Una bacteria viva con 2 o 3 bacterias vecinas se mantiene con vida por lo que si sus vecinas son menor o igual a 1, esta se muere.
- En cualquier otro caso, la bacteria muere o se mantiene muerta.

Nuestra estrategia utilizada para este juego fue la implementar un archivo binario en la que nos indicara el tamaño de la matriz del tablero.

Dentro del código main nos encontraremos primero con una estructura de tipo “DescriptorBacterias” que nos permitirá cargar un archivo binario que se ira modificando según la evolución de las bacterias.

Luego dentro del main lo primero que encontraremos será la declaración de variables que nos permitirá abrir este archivo binario junto a una función que nos cargara el número mágico que nos traerá nuestros parámetros iniciales del tablero.

Luego encontraremos una variable de tipo bool para realizar la creación de la matriz. Se emplea un ciclo *for* para crear la matriz dentro del programa. Y luego se inicializa dentro del ejecutable junto a otro ciclo de tipo *for*. Nos encontraremos con la primera impresión en pantalla que nos indicara que se creo la matriz inicial según los parámetros del archivo binarios (*número mágico*). Para realizar la impresión de la matriz en pantalla se utilizara otro *for* que se guiara igualmente según los datos que obtendrá del archivo binario.

A continuación nos encontraremos con la impresión de las bacterias iniciales que se encontraran dentro de los puntos I y J dentro de la matriz. Estos se iniciaran en la posición indicada dentro del archivo “*bacteria.bin*” que es leído a través de la función creada para el manejo de archivos. Se determinan las posiciones iniciales de las bacterias y luego se imprimen en pantalla. A continuación se realiza la consulta dentro del

ejecutable respecto a la cantidad de ciclos que se desean obtener en pantalla (*cantidad de evoluciones esperadas*). Este dato es guardado en una variable que se ejecutara N veces dentro de una do-while que se ejecutara mientras sea menor o igual a 0. Cada ciclo se identificara con su número para ir viendo su evolución en L ciclos. En cada ciclo se realiza una comprobación al igual que cuando se imprime la matriz inicial.

Luego de esto nos encontraremos con la implementación de las reglas elementales de código que nos permitirá ir viendo la evolución de esta a través de varios if en los que implementaremos cada regla solicitada y a través de una variable de tipo vecino que nos realizara la comprobación solicitada van reviviendo las bacterias o van muriendo. Luego de esto nuevamente a través de un ciclo *for* volvemos a imprimir las bacterias pero con la nueva evolución según las reglas implementadas. Se mantienen las dimensiones de la matriz y finalmente se disminuye en uno según el numero de ciclo solicitado en un comienzo. Además se implementa una función que nos ralentizara las evoluciones para poder tener una mejor visión.

Finalmente nos encontraremos con la función de Manejo de Archivos tanto como para leer el archivo "bacteria.bin" como para generar el archivo de salida. De partida se lee desde el archivo de datos y estos son almacenados en la estructura de tipo fread para leer los datos contenidos en el archivo binario. Luego imprimos los componentes del numero mágico y se cierra el archivo. Luego de la generación de L ciclos, se abre el archivo de salida para escribir la evolucion de los ciclos de la bacteria y se

escribe el nuevo número mágico con los nuevos componentes. Y finalmente cerramos el archivo.

Visión inicial de la Matriz

