

```
1! ! standardowe otwarcie - zakończenie ewentualnej analizy, wyczyszczenie pliku bazy, otwarcie preprocesora i skierowanie wyjścia
2do pliku - każde odświeżenie ekranu spowoduje wygenerowanie zrzutu okna
3finish
4/clear
5/prep7
6/show, jpeg
7
8! ! zapisanie pustego (czystego) pliku db
9save, czysty, db
10! ! wyłączenie ostrzeżeń i komunikatów błędów - proszę włączyć dopiero na końcu mając pewność, że program działa bez żadnych
11zastrzeżeń
12/nerr, 0, , , , 0
13
14! ! generator „liczb losowych”
15*GET, DIM, ACTIVE, 0, TIME, WALL
16DIM=DIM*3600
17*DIM, LOS, ARRAY, DIM
18*VFILL, LOS(1), RAND
19*DEL, DIM
20*DEL, LOS
21
22! ! przełączenie przeliczania funkcji trygonometrycznych na stopnie
23*AFUN, DEG
24
25! ! multipro, czyli interaktywna tablica zapytania
26multipro, 'start', 6
27   *cset, 1, 3, losob, 'Liczba osobników w stadzie', 20
28   *cset, 4, 6, lpoko, 'Liczba pokoleni', 3
29   *cset, 7, 9, bok, 'Podstawowa dlugosc beleczki', 10.0
30   *cset, 10, 12, sila_x, 'Składowa x sily obciazajacej', 2
31   *cset, 13, 15, sila_y, 'Składowa x sily obciazajacej', 2
32   *cset, 16, 18, dbel, 'Przemieszczenie punktu', 0.75
33   *cset, 61, 62, 'Podaj parametry procedury', ' dopasowujacej strukture'
34   *cset, 63, 64, 'do przenoszenia okreslonego', ' obciazenia.'
35multipro, 'end'
36
37! ! model bazowy - gwiazda 120 stopni
38k, 1, 0, 0
39k, 2, 0, 1*bok
40k, 3, 0, 2*bok
41wpcsys, -1, 0
42wprota, 120, 0, 0
43csys, 4
44k, 4, 0, 1*bok
45k, 5, 0, 2*bok
46wpcsys, -1, 0
47wprota, 240, 0, 0
```

```

48csys,4
49k,6,0,1*bok
50k,7,0,2*bok
51
52! ! zapis współrzędnych punktów tworzących gwiazdę
53csys,0
54*dim,punkty,array,7,3
55*do,i,1,7,1
56 punkty(i,1)=i      !i-ty punkty
57 punkty(i,2)=kx(i)  ! ! współrzędna x i-tego punktu
58 punkty(i,3)=ky(i)  ! ! współrzędna y i-tego punktu
59*enddo
60
61! ! skasowanie wszystkich punktów modelu
62kdelete,all
63
64! ! wygenerowanie tabel na genotypy (kodowanie wyglądu) i fenotypy (wygląd - liczbowe określenie „dobrego wyglądu”)
65*dim,genotyp,array,6,losob,lpoko
66*dim,fenotyp,array,2,losob,lpoko
67*dim,proc,array,losob,1
68*dim,rodzice,array,2,losob,lpoko
69
70! ! losowe przesunięcie wszystkich punktów gwiazdy
71*do,gen,1,losob,1
72 genotyp(1,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
73 genotyp(2,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
74 genotyp(3,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
75 genotyp(4,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
76 genotyp(5,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
77 genotyp(6,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
78*enddo
79
80parsav,all,tabele,1
81! po=1
82! os=1
83*do,po,1,lpoko,1      !pętla po wszystkich pokoleniach
84
85 *do,os,1,losob,1      !pętla po wszystkich osobnikach
86
87 /prep7
88 csys,0
89 *do,mol,1,7,2      !stworzenie osobnika wedle danych z tabeli genotypu
90 k,punkty(mol,1),punkty(mol,2),punkty(mol,3),0
91 *enddo
92
93! ! zmiana położenia punktów pośrodkowych w każdym ramieniu gwiazdy

```

```

94k,punkty(2,1),punkty(2,2)+genotyp(1,os,po),punkty(2,3)+genotyp(2,os,po),0
95k,punkty(4,1),punkty(4,2)+genotyp(3,os,po),punkty(4,3)+genotyp(4,os,po),0
96k,punkty(6,1),punkty(6,2)+genotyp(5,os,po),punkty(6,3)+genotyp(6,os,po),0
97
98! ! utworzenie ramion gwiazdy
99 1,1,2
100 1,2,3
101 1,1,4
102 1,4,5
103 1,1,6
104 1,6,7
105
106! ! wybór elementu (belkowy) ze stałymi parametrycznymi, właściwościami materiałowymi, wskazanie typu, stałych i materiału
107wykorzystywanych podczas dyskretyzacji
108 et,1,beam3
109 r,1,3.14,3.14/64,2,10/9,0,0
110 mp,ex,1,210000
111 mp,nuxy,1,0.3
112 type,1
113 real,1
114 mat,1
115 lesize,all,,,1 ! ! 1 element na każdą linię
116 lmesh,all
117
118! ! WARUNKI BRZEGOWE
119! ! mocowanie
120 nsel,s,,,5
121 d,all,all,0
122
123 nsel,s,,,7
124 d,all,uy,0
125
126! ! obciążenie
127 nsel,s,,,3
128 f,all,fx,sila_x
129 f,all,fy,sila_y
130
131! ! rozwiązanie - model liniowy (materiałowo i geometrycznie), izotropowy
132 allsel
133 /solu
134 solve
135
136! ! postprocesor, włączenie wyświetlania przekroju belki (standardowo wyświetlanych jako linie)
137 /post1
138 /eshape,1
139 /title,gwiazda_os_%os%_pok_%po% ! ! tytuł analizy, dzięki czemu na każdym zrzucie w lewym dolnym rogu będzie widoczny
140kolejny numer pokolenia i osobnika

```

```

141 plnsol,u,y !! wyświetlanie przemieszczeń po osi y
142
143!! zapisuje w tabeli fenotyp przemieszczenie po osi y dla węzła numer 3 dla konkretnego osobnika
144 /prep7
145 nsel,s,,,3
146 *get,nr,node,0,num,min
147 *get, fenotyp(1,os,po) ,node,nr,u,y
148 fenotyp(2,os,po)=os
149
150!! zapisuje wszystkie zmienne wektorowe i tabelarne w pliku tabele.1
151 parsav,all,tabele,1
152
153!! sortowanie bąbelkowe wedle wartości fenotypu - im większa jego wartość (przemieszczenia y) tym wyższe miejsce (tym lepszy
154 jest) zajmuje osobnik
155 *do, kk,1,os-1,1
156 *do, lk,1,os-1,1
157 *if, fenotyp(1,lk,po) ,lt, fenotyp(1,lk+1,po) , then
158 cc=fenotyp(1,lk+1,po)
159 fenotyp(1,lk+1,po)=fenotyp(1,lk,po)
160 fenotyp(1,lk,po)=cc
161
162 dd=fenotyp(2,lk+1,po)
163 fenotyp(2,lk+1,po)=fenotyp(2,lk,po)
164 fenotyp(2,lk,po)=dd
165 *else
166 *endif
167 *enddo
168 *enddo
169
170!! wyliczana jest suma całkowitego fenotypu wszystkich osobników w ramach danego pokolenia oraz udział poszczególnych osobników w
171 tej wartości
172 suma=0
173 *do, mm,1, losob,1
174 suma=suma+fenotyp(1,mm,po)
175 *enddo
176
177 *do, nn,1, losob,1
178 proc(nn,1)=(fenotyp(1,nn,po)/suma*100)
179 *enddo
180
181 suma2=0
182 *do, o,1, losob,1
183 suma2=suma2+proc(o,1)
184 *enddo
185
186!! kasowane są wszystkie modele (linie, punkty), kompresowane są numery punktów
187 /prep7

```

```

188  lclear,all
189  ldel,all
190  kdel,all
191  numcmp,all
192
193
194  *enddo
195
196 mnoz=1  !! licznik mnoz - pomocnicza zmienna do wyliczania udziału procentowego w tworzeniu koła fortuny - obecnie nie używana,
197 dlatego równa 1
198
199 ! tworzenie wektora "fortuna"
200 ! koło ruletki
201 wek=
202 *do,su,1,losob,1
203   wek=wek+nint(proc(su)*mnoz)
204 *enddo
205
206 *dim,fortuna,array,wek
207 sumka=
208 *do,licz1,1,losob,1
209   *do,licz2,1,nint(proc(licz1)*mnoz),1
210     fortuna(sumka+licz2)=fenotyp(2,licz1,po)!proc(licz1)
211   *enddo
212   sumka=sumka+nint(proc(licz1)*mnoz)
213   licz2=
214 *enddo
215
216
217 ! ! losowanie rodziców - dwóch osobników tworzących na etapie krzyżowania osobnika potomnego
218 *do,r1,1,losob,1
219   rodz1=nint(rand(0.5,wek))
220   rodz2=nint(rand(0.5,wek))
221   rodzice(1,r1,po)=fortuna(rodz1)
222   rodzice(2,r1,po)=fortuna(rodz2)
223   *if,rodzice(2,r1,po),eq,rodzice(1,r1,po),then
224     *do,oo,1,1000,1
225       rodz2=nint(rand(0.5,wek))
226       rodzice(2,r1,po)=fortuna(rodz2)
227       *if,rodzice(2,r1,po),ne,rodzice(1,r1,po),then
228         *exit
229       ! *elseif
230     *endif
231   *enddo
232 ! *elseif
233 *endif
234 *enddo

```

```
235
236
237
238! ! krzyżowanie
239 *do,cr,1,losob,1
240   mk=nint(rand(2,5))           !mk - miejsce podziału genotypu pomiędzy 2 a5 genem
241   *do,pot1,1,mk,1
242     genotyp(pot1,cr,po+1)=genotyp(pot1,rodzice(1,cr,po),po)
243   *enddo
244
245   *do,pot2,mk+1,6,1
246     genotyp(pot2,cr,po+1)=genotyp(pot2,rodzice(1,cr,po),po)
247   *enddo
248
249 *enddo
250
251!   kasowanie tabeli fortuna
252 *del,fortuna
253
254
255
256*enddo
257
258/show,3d
259/rep
260
261
262
```