

```

1  !! standardowe otwarcie - zakończenie ewentualnej analizy, wyczyszczenie pliku bazy, otwarcie preprocesora i skierowanie
2  wyjścia do pliku - każde odświeżenie ekranu spowoduje wygenerowanie zrzutu okna
3  finish
4  /clear
5  /prep7
6  /show, jpeg
7
8  !! zapisanie pustego (czystego) pliku db - przydatne na dalszym etapie tworzenia modelu
9  save, czysty, db
10 !! wyłączenie ostrzeżeń i komunikatów błędów - proszę włączyć dopiero na końcu, mając pewność, że program działa bez żadnych
11 zastrzeżeń
12 /nerr, 0, , , , 0
13
14 !! generator „liczb losowych”
15 *GET, DIM, ACTIVE, 0, TIME, WALL
16 DIM=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 - nie każdemu będzie potrzebne, ale prawdopodobnie nie
23 zaszkodzi
24 *AFUN, DEG
25
26 !! multipro, czyli interaktywna tablica zapytania, opisuje warunki symulacji, ale nie zawiera żadnych szczegółów opisujących
27 model
28 multipro, 'start', 6
29     *cset, 1, 3, losob, 'Liczba osobników w stadzie', 20
30     *cset, 4, 6, lpoko, 'Liczba pokoleni', 3
31     *cset, 7, 9, bok, 'Podstawowa długość beleczki', 10.0
32     *cset, 10, 12, sila_x, 'Składowa x sily obciążającej', 2
33     *cset, 13, 15, sila_y, 'Składowa x sily obciążającej', 2
34     *cset, 16, 18, dbel, 'Przemieszczenie punktu', 0.75
35     *cset, 61, 62, 'Podaj parametry procedury', ' dopasowującej struktury'
36     *cset, 63, 64, 'do przenoszenia określonego', ' obciążenia.'
37 multipro, 'end'
38
39 !! OZNACZONY NA ŻÓŁTO FRAGMENT KODU NIE BĘDZIE POTRZEBNY W PAŃSTWA MODELU
40 !! model bazowy - gwiazda 120 stopni
41 !! Państwa model powstanie bazując na makrze, które już stworzyliście, ale będzie ono działało automatycznie w oparciu o losowo
42 wybrane dane, zapisane w tabeli
43 k, 1, 0, 0
44 k, 2, 0, 1*bok
45 k, 3, 0, 2*bok
46 wpcsys, -1, 0
47 wprota, 120, 0, 0

```

```

48 csys,4
49 k,4,0,1*bok
50 k,5,0,2*bok
51 wpcsys,-1,0
52 wprota,240,0,0
53 csys,4
54 k,6,0,1*bok
55 k,7,0,2*bok
56
57 !! zapis współrzędnych punktów tworzących gwiazdę
58 !! w modelu gwiazdy zapisywano pozycję generowanych losowo punktów, w Państwa modelu będzie inaczej - to model powstanie w
59 oparciu o losowo wygenerowane parametry
60 csys,0
61 *dim,punkty,array,7,3
62 *do,i,1,7,1
63   punkty(i,1)=i           !i-ty punkty
64   punkty(i,2)=kx(i)      !! współrzędna x i-tego punktu
65   punkty(i,3)=ky(i)      !! współrzędna y i-tego punktu
66 *enddo
67
68 !! skasowanie wszystkich punktów modelu
69 kdele,all
70
71 !! wygenerowanie tabel na genotypy (kodowanie wyglądu) i fenotypy (wygląd - liczbowe określenie „dobrego wyglądu”)
72 *dim,genotyp,array,6,losob,lpoko
73 *dim,fenotyp,array,2,losob,lpoko
74 *dim,proc,array,losob,1
75 *dim,rodzice,array,2,losob,lpoko
76
77 !! losowe przesunięcie wszystkich punktów gwiazdy
78 *do,gen,1,losob,1
79   genotyp(1,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
80   genotyp(2,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
81   genotyp(3,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
82   genotyp(4,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
83   genotyp(5,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
84   genotyp(6,gen,1)=rand(-dbel*bok*cos(30),dbel*bok*cos(30))
85 *enddo
86
87 parsav,all,tabele,1
88 ! po=1
89 ! os=1
90 *do,po,1,lpoko,1      !pętla po wszystkich pokoleniach
91
92   *do,os,1,losob,1    !pętla po wszystkich osobnikach
93
94     /prep7

```

```

95     csys,0
96     *do,mo1,1,7,2      !stworzenie osobnika wedle danych z tabeli genotypu
97         k,punkty(mo1,1),punkty(mo1,2),punkty(mo1,3),0
98     *enddo
99
100    ! ! zmiana położenia punktów pośrodkowych w każdym ramieniu gwiazdy
101    k,punkty(2,1),punkty(2,2)+genotyp(1,os,po),punkty(2,3)+genotyp(2,os,po),0
102    k,punkty(4,1),punkty(4,2)+genotyp(3,os,po),punkty(4,3)+genotyp(4,os,po),0
103    k,punkty(6,1),punkty(6,2)+genotyp(5,os,po),punkty(6,3)+genotyp(6,os,po),0
104
105    ! ! utworzenie ramion gwiazdy
106     l,1,2
107     l,2,3
108     l,1,4
109     l,4,5
110     l,1,6
111     l,6,7
112
113    ! ! wybór elementu (belkowy) ze stałymi parametrycznymi, właściwościami materiałowymi, wskazanie typu, stałych i materiału
114    wykorzystywanych podczas dyskretyzacji
115     et,1,beam3
116     r,1,3.14,3.14/64,2,10/9,0,0
117     mp,ex,1,210000
118     mp,nuxy,1,0.3
119     type,1
120     real,1
121     mat,1
122     lesize,all,,,1    ! ! 1 element na każdą linię
123     lmesh,all
124
125    ! ! WARUNKI BRZEGOWE
126    ! ! mocowanie
127     nsel,s,,,5
128     d,all,all,0
129
130     nsel,s,,,7
131     d,all,uy,0
132
133    ! ! obciążenie
134     nsel,s,,,3
135     f,all,fx,sila_x
136     f,all,fy,sila_y
137
138    ! ! rozwiązanie - model liniowy (materiałowo i geometrycznie), izotropowy
139     allsel
140     /solu
141     solve

```

```

142
143 !! postprocesor, włączenie wyświetlania przekroju belki (standardowo wyświetlanych jako linie)
144 /post1
145 /eshape,1
146 /title,gwiazda_os_%os%_pok_%po% !! tytuł analizy, dzięki czemu na każdym zrzucie w lewym dolnym rogu będzie widoczny
147 kolejny numer pokolenia i osobnika
148 plnsol,u,y !! wyświetlanie przemieszczeń po osi y
149
150 !! zapisuje w tabeli fenotyp przemieszczenie po osi y dla węzła numer 3 dla konkretnego osobnika
151 /prep7
152 nsel,s,,,3
153 *get,nr,node,0,num,min
154 *get, fenotyp(1,os,po),node,nr,u,y
155 fenotyp(2,os,po)=os
156
157 !! zapisuje wszystkie zmienne wektorowe i tabelarne w pliku tabele.1
158 parsav,all,tabele,1
159
160 !! sortowanie bąbelkowe wedle wartości fenotypu - im większa jego wartość (przemieszczenia y) tym wyższe miejsce (tym lepszy
161 jest) zajmuje osobnik - u Państwa będzie to wartość funkcji celu/oceny
162 *do,kk,1,os-1,1
163     *do,lk,1,os-1,1
164         *if, fenotyp(1,lk,po),lt, fenotyp(1,lk+1,po), then
165             cc=fenotyp(1,lk+1,po)
166             fenotyp(1,lk+1,po)=fenotyp(1,lk,po)
167             fenotyp(1,lk,po)=cc
168
169             dd=fenotyp(2,lk+1,po)
170             fenotyp(2,lk+1,po)=fenotyp(2,lk,po)
171             fenotyp(2,lk,po)=dd
172         *else
173         *endif
174     *enddo
175 *enddo
176
177 !! wyliczana jest suma całkowitego fenotypu wszystkich osobników w ramach danego pokolenia oraz udział poszczególnych osobników
178 w tej wartości
179 suma=0
180 *do,mm,1,losob,1
181     suma=suma+fenotyp(1,mm,po)
182 *enddo
183
184 *do,nn,1,losob,1
185     proc(nn,1)=(fenotyp(1,nn,po)/suma*100)
186 *enddo
187
188 suma2=0

```

```

189     *do, o, 1, losob, 1
190         suma2=suma2+proc(o, 1)
191     *enddo
192
193     ! ! kasowane są wszystkie modele (linie, punkty), kompresowane są numery punktów
194     /prep7
195     lclear, all
196     ldel, all
197     kdel, all
198     numcmp, all
199
200
201     *enddo
202
203     mnoz=1      ! ! licznik mnoz - pomocnicza zmienna do wyliczania udziału procentowego w tworzeniu koła fortuny - obecnie nie
204     używana, dlatego równa 1
205
206     ! tworzenie wektora "fortuna"
207     ! koło ruletki
208     wek=
209     *do, su, 1, losob, 1
210         wek=wek+nint(proc(su)*mnoz)
211     *enddo
212
213     *dim, fortuna, array, wek
214     sumka=
215     *do, licz1, 1, losob, 1
216         *do, licz2, 1, nint(proc(licz1)*mnoz), 1
217             fortuna(sumka+licz2)=fenotyp(2, licz1, po)!proc(licz1)
218         *enddo
219         sumka=sumka+nint(proc(licz1)*mnoz)
220         licz2=
221     *enddo
222
223
224     ! ! losowanie rodziców - dwóch osobników tworzących na etapie krzyżowania osobnika potomnego
225     *do, r1, 1, losob, 1
226         rodz1=nint(rand(0.5, wek))
227         rodz2=nint(rand(0.5, wek))
228         rodzice(1, r1, po)=fortuna(rodz1)
229         rodzice(2, r1, po)=fortuna(rodz2)
230         *if, rodzice(2, r1, po), eq, rodzice(1, r1, po), then
231             *do, oo, 1, 1000, 1
232                 rodz2=nint(rand(0.5, wek))
233                 rodzice(2, r1, po)=fortuna(rodz2)
234                 *if, rodzice(2, r1, po), ne, rodzice(1, r1, po), then
235                     *exit

```

```
236 !         *elseif
237         *endif
238         *enddo
239 !         *elseif
240         *endif
241 *enddo
242
243
244
245 ! ! krzyżowanie
246 *do, cr, 1, losob, 1
247     mk=rint(rand(2,5))           !mk - miejsce podziału genotypu pomiędzy 2 a5 genem
248     *do, pot1, 1, mk, 1
249         genotyp(pot1, cr, po+1)=genotyp(pot1, rodzice(1, cr, po), po)
250     *enddo
251
252     *do, pot2, mk+1, 6, 1
253         genotyp(pot2, cr, po+1)=genotyp(pot2, rodzice(1, cr, po), po)
254     *enddo
255
256 *enddo
257
258 !   kasowanie tabeli fortuna
259 *del, fortuna
260
261
262
263 *enddo
264
265 /show, 3d
266 /rep
267
268
269
```