

Implementați un algoritm genetic pentru determinarea maximului unei funcții pozitive pe un domeniu dat (funcția se va fixa în cod)

**Date de intrare:**

- dimensiunea populației
- domeniul de definiție al funcției
- parametri pentru funcția de maximizat (coeficienții polinomului de grad 2)
- precizia cu care se lucrează (cu care se discretizează intervalul)
- probabilitatea de recombinare (crossover, încrucișare)
- probabilitatea de mutație
- numărul de etape ale algoritmului

**Ieșire:**

- Un fișier text sugestiv care evidențiază operațiile **din prima etapă** a algoritmului, (de exemplu fișierului [Evolutie.txt](#) (obținut pentru funcția  $-x^2+x+2$ , domeniul  $[-1, 2]$ , dimensiunea populației 20, precizia 6, probabilitatea de recombinare 0.25, probabilitatea de mutație 0.01 și 50 de etape))
- Bonus: Interfață grafică sugestivă, care evidențiază evoluția algoritmului

În fișier sunt scrise

- populația inițială sub forma  
i: reprezentare cromozom  $x$  = valoarea corespunzătoare cromozomului în domeniul de definiție al funcției  $f$  = valoarea corespunzătoare cromozomului ( $f(X_i)$ )

- probabilitățile de selecție pentru fiecare cromozom

$$p_i = \frac{f(X_i)}{\sum_j f(X_j)}$$

- probabilitățile cumulate care dau intervalele pentru selecție  $q_i = p_1 + \dots + p_i$
- evidențierea procesului de selecție, care constă în generarea unui număr aleator  $u$  uniform pe  $[0,1)$  și determinarea intervalului  $[q_i, q_{i+1})$  căruia aparține acest număr; corespunzător acestui interval se va selecta cromozomul  $i+1$ . Procesul se repetă până se selectează numărul dorit de cromozomi. **Cerință:** căutarea intervalului corespunzător lui  $u$  se va face folosind căutarea binară.
- evidențierea cromozomilor care participă la recombinare
- pentru recombinările care au loc se evidențiază perechile care participă la recombinare, punctul de rupere generat aleator precum și cromozomii rezultați în urma recombinării (sau, după caz, se evidențiază tipul de încrucișare ales)
- populația rezultată după recombinare
- populația rezultată după mutații
- pentru restul generațiilor (populațiilor din etapele următoare) se vor afișa doar valoarea

maximă  $\max_i f(X_i)$  și valoarea medie a performanței  $\frac{\sum_i f(X_i)}{n}$ .

Se vor folosi metoda de codificare discutată la curs și încrucișarea cu un punct de tăietură (rupere). Se va ține cont și de selecția de tip elitist (individul cu indicele de fitness cel mai mare va trece automat în generația următoare).