**Інструкція щодо розсташування файлів**

**Task1** – оцінювання здоров’я хромосом за шаблоном.

***Selection=rws,CoefIncrease=2,IterIncrese=10,N=10;l=100* – приклад папки, де знаходяться графіки та ексел файл з даними побудови для популяції з початковою довжиною 10, початковою популяцією 1, що зростає вдвічі на перших 10 ітераціях, з методом селекції RWS та усіма можливими значеннями pm (розділяються далі на підпапки).**

**Task2** – оцінювання накопичення мутацій.

***l=10\_N=1\_pm=1\_growthCoef=2\_growthIter=10\_selection=rws health l\_P=1* – приклад папки, де знаходяться графіки та ексел файл з даними побудови для популяції з початковою довжиною 10, початковою популяцією 1, що зростає вдвічі на перших 10 ітераціях, з методом селекції RWS та pm=1.**

**Нумерація pm:**

1. *pm*= *PX*;
2. *pm*= *PX+*0.2\**PX*;
3. *pm*= *PX*–0.2\**PX*;
4. *pm*= *PX*/2;
5. *pm*= *PX*/10;
6. *pm*= *PX*/100;

**Графіки:**

* *Type=hamming* – відстані до ідеальної хромосоми (всі 0)
* *Type=pair* – попарні відстані
* *Type=wild* – відстані до дикого типу