# Aiheen kuvaus ja rakenne:

#### Aiheen kuvaus:

Sain inspiraation harjoitustyön aiheeksi lukemastani evoluutiobiologiaa käsittelevästä kirjasta, jossa kuvattiin mielenkiintoinen evoluutio-ohjelma. Olisin mielelläni kokeillut ohjelmaa, mutta vastaavaa ei tuntunut löytyvän mistään. Päätin siis tehdä sen itse.

#### Viikolla 1 kirjoitin seuraavasti:

#### Evoluutio-ohjelma

- Tarkoitus on luoda Richard Dawkinsin "The Blind Watchmaker"-kirjassa kuvaama ohjelma.
- Ohjelma luo otuksia, joilla on genomi, joka määrittää sen piirtämistä näytölle.
- Ohjelma printtaa yhden otuksen keskelle näyttöä ja sen "jälkeläisiä" sen ympärille.
- Jälkeläisiä klikatessa ohjelma piirtää uuden näkymän, jossa valittu otus on keskellä, ja sille luodaan jälkeläisiä ympärille, jonka jälkeen prosessia voi jatkaa samalla tavalla loputtomiin.
- Yksittäisen jälkeläisen genomi eroaa yhden geenin osalta plus tai miinus yhdellä.
- Kaikki jälkeläiset ovat erilaisia keskenään.
- Geenien arvot ovat välillä [-9,9]

Tämä on edelleen erinomainen kuvaus siitä mitä ohjelman oli tarkoitus tehdä ja kuten se nyt täsmälleen tekeekin (ja vähän enemmän).

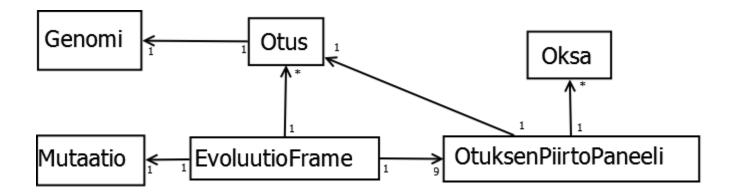
Tarkempi kuvaus löytyy Richard Dawkinsin "Blind Watchmaker"-kirjasta, luvusta 3 "Accumulating small change", ohjelman kuvailu alkaa sivulta 51 (vuoden 2006 painoksessa). Pääosin ohjelma kuvataan kirjassa aivan kuin yllä kirjoittamassani lyhyessä kiteytyksessä, mutta Dawkinsin kirjoituksesta ja kuvista pystyy päättelemään muutaman yhdeksästä geenistä:

"For instance, one gene might influence the angle of branching, another might influence the length of some particular branch. Another obvious thing for a gene to do is to influence the depth of the recursion of successive branchings."

Tätä tarkemmin yhtäkään geeniä ei kuvata, ja näiden ja kuvista päätellyn x:n ja y:n kasvuun vaikuttavien geenien jälkeen loppujen geenien vaikutukset ovat täysin itse kehittelemiäni. Dawkins ei myöskään ota mitään kantaa mihinkään ohjelman sisältämiin numeerisiin arvoihin eli nekin olen joutunut säätämään itse kuntoon. Tämä selittää miksi lopputuloksena saadut Otukset eivät ole aivan samannäköisiä kun Dawkinsin saamat, vaikkakin tietyt hyönteismäiset Otukset tuntuvat olevan samasta "perheestä" kotoisin.

# Rakenne:

Luokkakaavio:



## Luokkien lyhyet kuvaukset:

#### Logiikka:

Genomi: Yhdeksän geenin säilytyspaikka

Otus: Pääosin Genomin kääreenä toimiva ohjelman keskeinen olio

Mutaatio: Genomin arvoja muokkaava luokka

#### **Grafiikka:**

**EvoluutioFrame:** MouseListenerin toteuttava JFrame, joka hallinnoi ohjelman toimintaa.

**OtuksenPiirtoPaneeli:** Otuksen Genomin perusteella kuvia piirustava JPanel **Oksa:** Koordinaatistopiste, joka tietää haarasukupolvensa ja tulokulmansa.

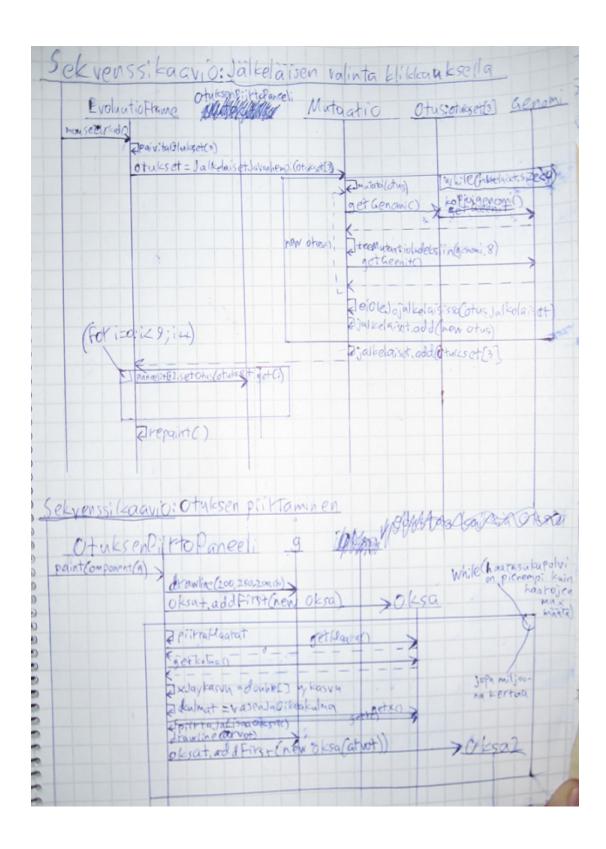
### Ohjelman suorituspolun kuvailu luokkakaavion tueksi:

Ohjelman käynnistyessä pääohjelma antaa EvoluutioFramelle yhdeksän Otusta sisältävän ArrayListin, joka puretaan yksittäisiksi Otuksiksi, joita käytetään yhdeksän OtuksenPiirtoPaneelin konstruktoreissa. Paneelit hakevat Otuksen Genomin getterien kautta ja määrittävät ensimmäisen Oksan koordinaatit Genomin arvon perusteella.

Tämän jälkeen aloitetaan Oksa-olioita sisältävän listan läpikäynti jokaiselle Otukselle (katso Sekvenssikaavio 2). Genomin arvojen perusteella piirretään edellisen Oksan koordinaateista viiva seuraavaan haarautumiskohtaan ja lisätään tämä kohta Oliona oksat-listaan, kunnes Genomin määrittämä haarautumisten maksimimäärä saavutetaan ja piirtäminen loppuu. Tämä toistetaan jokaiselle yhdeksästä Paneelista.

Kun kaikki Otukset on piirretty, käyttäjä voi valita yhden Otuksista klikkaamalla. EvoluutioFrame toteuttaa MouseListenerin, ja klikkauksen seurauksena se kutsuu Mutaation jälkeläisetmetodia luodakseen uusia Otuksia (katso Sekvenssikaavio 1). Valitusta otuksesta saadaan uusi yhdeksänpaikkainen Otuksia sisältävä lista, joka päivitetään jo olemassaoleviin yhdeksään OtuksenPiirtoPaneeliin. Piirto toistuu ja käyttäjä voi valita jälleen uuden Otuksen.

# Sekvenssikaaviot 1 ja 2:



# Kommentteja sekvenssikaavioista:

Ohjelman vahvasti rekursiivisen luonteen takia sekvenssikaavioiden selkeästi piirtäminen

osoittautui hyvin haastavaksi. Molemmat keskeiset tapahtuvat sisältävät suurehkoja toistuvia osuuksia. Kaaviossa 2 toistojen määrä lähenee suurilla haarautumismäärillä jopa miljoonaa.

### Loppukommentteja rakenteesta:

Lopullinen luokkakaavio ei aivan vastannut alkuperäistä suunnitelmaa, sillä Grafiikan ja Logiikan välille tuli hieman enemmän yhteyksiä kuin oli tarkoitus. Kuitenkin tämänhetkinen toteutus tuntuu selkeältä, toimivalta ja kompaktilta.

### Jatkokehitysideoita:

Kun toteutin kaikkia ominaisuuksia jotka sain Dawkinsin kuvauksesta irroitettua, mieleeni tuli jatkokehitysideoita, jotka olivat ristiriidassa alkuperäisen kuvauksen kanssa, mutta ovat tutkimisen arvoisia myöhemmin:

- Mutaatio-luokka osaa tehdä 18 permutaatioon asti jälkeläisiä, ja vaikka keskimmäistä otusta klikkaamalla saakin ne nykyisessä versiossa lopulta kaikki nähtyä, versio jossa printataan kerralla otus ja kaikki sen mahdolliset jälkeläiset olisi mielenkiintoinen.
- Lisäämällä geenejä voisi vaikuttaa Otusten väreihin ja saada ne jopa muuttumaan gradienttina haarasukupolvien mukaisesti.
- Hienoimmat otukset olisi mahtavaa saada exportattua suoraan png-tiedostoina määritettävään kansioon.