

Implementacje dwóch algorytmów optymalizacyjnych

- algorytm genetyczny,
- algorytm symulowanego wyżarzania

Program składa się z 10 klas.

**Klasa Main** -> Uruchamia wątek klient oraz oczekuje na połączenie przy pomocy ServerSocket na porcie 1996.

**Klasa Client** -> reprezentuje stronę klienta który przy pomocy protokołu wysyła prośbę do serwera.

**init()** -> inicjuje połączenie z ograniczeniem max. 2 sek. na poprawne połączenie z serwerem.

**sendPopulation()** -> tworzy tablice chromosomów oraz wysyła do serwera chromosomy przy pomocy klasy pomocniczej odpowiedzialnej za tworzenie łańcucha.

**offClient()** -> zamyka połączenia/strumienie.

**Klasa RequestBuilder** -> klasa tworzy string odpowiedni do komunikacji z serwerem.

**LENGTH:** -> długość tablicy

**CHROMOSOME:** -> wartość chromosomów

**Klasa ServerThread** -> obsługuje klienta

**init()** -> pobranie strumieni z gniazda.

**checkClientRequest()** -> pobiera String od klienta przy użyciu klasy pomocniczej odczytuje informacje zawarte w protokole i zwraca tablice chromosomów. Przekazuje tablice do klas reprezentujących algorytmy. Wynik algorytmu wyświetla pomocniczo na ekranie.

**offThread()** -> zamyka połączenia/strumienie.

**Klasa ParseRequest** -> klasa pomocnicza do odczytu informacji z protokołu.

**RequestNumber** -> typ wyliczeniowy do określenia kolejność przestanych informacji

**getInfo()** -> przy pomocy wyrażenia regularnego dzieli napisy

**Klasa Chromosome** -> model chromosomu

**toString()** -> pomocniczo do debugowania

**Klasa ChartServerThread** -> wyświetla wykres przestany z klas reprezentujących algorytmy.

## Klasa GeneticAlgorithm

`openConetionWithChart()` -> nawiązuje połączenie z serwerem wykresów .

`sort()` -> sortujemy chromosomy względem wartości funkcji rosenbrocka.

`printChromosomes()` - > wysyła chromosomy do serwera wykresów.

`calculateTotalInverse()` -> odwracamy liczbę zwróconą przez funkcję celu i sumujemy całość dla wszystkich chromosomów oraz sprawdzamy czy wartość wyjścia jest osiągnięta tj. funkcja celu chromosomu = 0.

```
{  
    calculateProbability() -> prawdopodobieństwo wylosowania  
    obliczymy odwracając liczbę z funkcji celu, teraz liczba o  
    najmniejszej wartości jest największa = ma największą szansę na  
    wylosowanie.  
    chooseChromosome() -> wybieramy chromosom z wcześniej  
    zadany prawdopodobieństwem.  
    swapChromosomes() -> w tablicy wcześniej wybranych  
    chromosomów następuje mieszanie ich parami.  
    mutation() -> umożliwia mutowanie chromosomom z zadany  
    prawdopodobieństwem.  
}
```

`offConetionWithChart()` -> kończy połączenie z czatem.

## Klasa SimulatedAnnealing

`openConetionWithChart()` -> jw.

```
{  
    printChromosomes() -> jw.  
    calculatePurpose() -> wyświetla obecne chromosomy na  
    konsoli.
```

`changeChromosomeValue()` -> chromosomy są edytowane o losową wartość oraz sprawdza się czy nowy chromosom jest lepszy przy pomocy funkcji celu, jeżeli jest to zamieniany z starym chromosomem. Nowy chromosom ma jeszcze szansę na zmianę mimo bycia gorszym, szansa tym większa im wyższa temperatura.

`cooledDown()` -> zmniejszamy temperaturę o zadana ilość, szansa na zmianę na gorsze chromosomy maleje.

}

`offConetionWithChart()` -> jw.