

Modelowanie ewolucji populacji z genotypem

Jakub Giezgała i Piotr Kupidura

01.04.2025



Rysunek 1: Przykładowy osobnik

1 Wprowadzenie

Celem naszego projektu było stworzenie modelu ewolucji populacji w oparciu o Geometryczny Model Fishera (*GMF*) uwzględniającego istnienie genotypu determinującego fenotyp, który pomógłby w zrozumieniu dynamiki procesów ewolocyjno-adaptacyjnych towarzyszących zmianom środowiska.

1.1 Założenia

Stworzony przez nas model umożliwia przeprowadzenie symulacji ewolucji przez wiele pokoleń (*generations*). Podczas pojedynczego pokolenia zachodzą następujące etapy: mutacja, ruch osobników, selekcja, reprodukcja wraz z sprawdzeniem warunku na pojemność środowiska oraz zmiana genotypu optymalnego fenotypu w środowisku. Każdy z tych etapów może odbywać się na przeróżny sposób.

Na początku każdego pokolenia dochodzi do **mutacji** poszczególnych genotypów w populacji. Z prawdopodobieństwem *prob_organism_mutation* dla pojedynczego osobnika zachodzi mutacja każdego allelu z prawdopodobieństwem *prob_allel_mutation*. Wartość zmiany ekspresji dla każdego allelu jest losowana z rozkładu normalnego o odchyleniu standardowym *mutation_variance*.

Następnie każdy osobnik **porusza się** w losowym kierunku zgodnie ze swoją szybkością (pierwszą cechą fenotypową). Każdy gen składa się z dwóch alleli, których wartości początkowe są losowane z rozkładu $\mathcal{U}(0, 1)$. Średnia wartość tych dwóch alleli stanowi wartość danego genu. Geny z kolei, z różnymi wagami, wpływają na dwie cechy fenotypowe: *szybkość* oraz *zasięg rozmnażania*.

Selekcja może odbywać się na dwa różne sposoby. Albo całkowicie losowo (jednakowe prawdopodobieństwo przeżycia dla wszystkich), albo każdy osobnik polega na obliczaniu wartości fitness, ϕ_α , za pomocą miary odwrotnie proporcjonalnej do odległości od optymalnego fenotypu:

$$\phi_\alpha = \exp\left(-\frac{\|p - \alpha\|^2}{2\sigma^2}\right),$$

gdzie:

- p – fenotyp danego osobnika,
- α – optymalny fenotyp,
- σ – odchylenie standardowe dostosowania względem optymalnego fenotypu.

Następnie z populacji usuwane są nadmiarowe osobniki, aby nie przekroczyć N_{max} . Analogicznie odbywa się to na drodze losowania, bądź na drodze największej wartości fitness, tym samym odrzucając osobniki niewystarczająco dostosowane.

Reprodukcja odbywa się drogą płciową, poprzez mechanizm crossing-over organizmów rodzicielskich. Domyslnie, każdy osobnik rozmnaża się z każdym innym przeciwnej płci zgodnie z drugą cechą fenotypu, czyli zasięgiem rozmnażania. Oprócz tego na ten proces zawsze wpływa przynajmniej jeden z trzech warunków:

- *fitness* – Prawdopodobieństwo przystąpienia do rozrodu danego osobnika jest równe jego odległości od optymalnego fenotypu.
- *fitness_threshold* – Tylko osobniki powyżej wybranego poziomu dostosowania mogą przystąpić do rozmnażania.
- *capacity* – Na prawdopodobieństwo rozrodu wpływa liczba już obecnych osobników, ze względu na ograniczona pojemność środowiska. Prawdopodobieństwo rozrodu jest przemnożone przez czynnik $(1 - \frac{\text{rozmiar populacji}}{\text{max.populacja}})$.

Zakończenie pokolenia następuje w wyniku **zmiany optymalnego genotypu**, która powoduje zmianę optimum fenotypowego. W środowisku zakładamy istnienie idealnego zestawu genów, jednak możliwe jest uzyskanie tego samego fenotypu, innym zestawem alleli (każdy z nich zawiera liczbę z przedziału [0; 1]). Na każdy alel optymalnego genotypu wpływa inna liczba c_i , która określa kierunkową zmianę. Jeśli wartość wynosi 0, aleł podlega jedynie losowym zmianom, bez określonego trendu.

1.2 Parametry opisujące populacje

- $N \Rightarrow$ początkowa liczelnosc populacji.
- $N_{max} \Rightarrow$ maksymalna liczelnosc populacji.
- $prob_organism_mutation \Rightarrow$ prawdopodobieństwo zajścia mutacji w organizmie.
- $prob_allel_mutation \Rightarrow$ prawdopodobieństwo zajścia mutacji w każdym z alleli, w przypadku mutacji osobnika.
- $mutation_variance \Rightarrow \xi^2$ określa wariancje mutacji.
- $viewing_radius_multiplier \Rightarrow$ skalar przez który wymnażamy zasięg rozrodu każdego osobnika.
- $num_genes \Rightarrow$ liczba genów posiadana przez każdego osobnika. Każdy gen oprócz ostatniego składa się z dwóch alleli o wartości $\in [0; 1]$. Ostatni gen reprezentuje płeć przechowywaną w postaci binarnej (0 reprezentuje kobietę, a 1 mężczyznę). Gen odpowiadający za płeć jest niezbywalny przez cały czas istnienia osobnika i nie ulega żadnym zmianom.

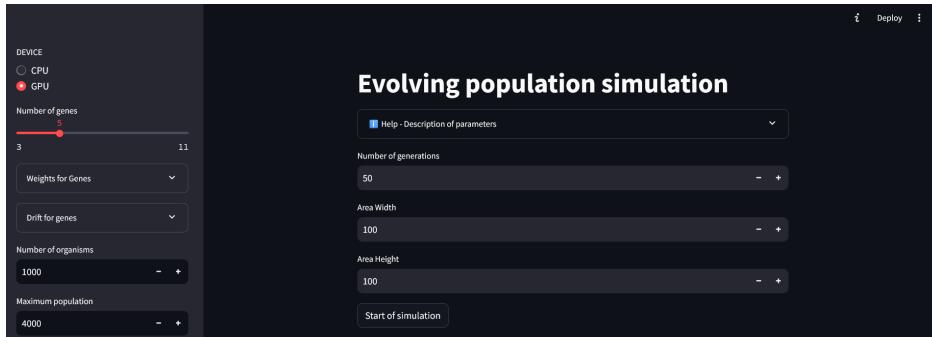
1.3 Parametry opisujące środowisko

- $W \Rightarrow$ Macierz $2 \times num_genes$ zawierająca wagę, w jaki sposób gen wpływa na oby dwie cechy fenotypu.
- $C \Rightarrow$ Macierz $2 \times num_genes$ zawierająca kierunkową zmianę odpowiedniego alelu optymalnego genotypu
- $control_strength \Rightarrow$ Współczynnik σ kontrolujący siłę presji selekcyjnej względem optimum w środowisku. Im większy tym siła nacisku mniejsza.
- $optimum_noise \Rightarrow$ Współczynnik δ opowiadający za fluktuacje losowe podczas zmiany optymalnego genotypu.
- $width \Rightarrow$ szerokość przestrzeni reprodukcyjnej, po której poruszają się osobniki.
- $height \Rightarrow$ wysokość przestrzeni reprodukcyjnej, po której poruszają się osobniki (traktowana jako torus).

1.4 Implementacja

W napisanym przez nas programie skorzystaliśmy z biblioteki `torch` w celu zrównoleglenia obliczeń, a tym samym optymalizacji wykonania symulacji. Zapewniliśmy wsparcie zarówno dla obliczeń wykonywanych na CPU oraz GPU. Każdy osobnik reprezentowany przez macierz ($n_genes \times 2$) przechowywany jest w klasie `Population` w trzywymiarowym tensorze. Na wykresach każdy osobnik jest reprezentowany przez dwie liczby (fenotyp), co ułatwia wizualizację bez potrzeby redukcji wymiaru. Wszystkie dane dotyczące środowiska w którym przebywa populacja przechowywane są w dedykowanej klasie `FisherEnvironment`. Przybliżmy teraz kroki symulacji, które powtarzają się w każdej generacji wykonywanej symulacji:

1. **Mutacja** – każdemu osobnikowi z prawdopodobieństwem $prob_organism_mutation$, każdy alel wpływający na fenotyp zmienia się o wartość losowaną z rozkładu normalnego $N(0, mutation_variance)$, z szansą wynoszącą $prob_allel_mutation$.
2. **Ruch** - każdy osobnik porusza się w wybranym losowo kierunku o wartość swojej szybkości, traktując środowisko jako torus o wymiarach $width \times height$. Szybkość jest reprezentowana przez pierwszą wartość fenotypu uzyskaną w wyniesieniu macierzy genotypu danego osobnika z W .
3. **Selekcja** – w zależności od warunków panujących w środowisku, dla każdego osobnika obliczana jest wartość funkcji przeżycia. Osobniki poniżej niej są usuwane, razem z ich pozycjami o odpowiednim indeksie z macierzy pozycji, gdzie przechowywane jest ich położenie (x, y).
4. **Reprodukcja** – rozmnażanie zawsze jest płciowe, aby zamodelować zjawisko crossing-over, gdzie nowo narodzone osobniki mają po jednym allele danego genu od każdego z rodziców. Nowe osobniki pojawiają się między rodzicami z wylosowaną płcią i dalej przez całą symulację funkcjonują niezależnie. Prawdopodobieństwo reprodukcji zależne jest od warunków panujących w środowisku, ale niezbędnym czynnikiem jest maksymalny dystans między dwoma osobnikami, za który odpowiada druga cecha fenotypowa - $zasięg_rozmnożenia$.
5. **Zmiana środowiska** – każdy alel optymalnego genotypu zmienia się o wartość wylosowaną z rozkładu normalnego $N(C_i, optimum_noise)$.



Rysunek 2: Widok aplikacji streamlit

Całość kodu została obudowana aplikacją wykonaną przy użyciu biblioteki **streamlit**, gdzie użytkownik może dowolnie wybrać swoje parametry, aby sprawdzić działanie symulacji w praktyce.

Dostępne są dwa tryby:

- *Heat Map Analysis* – pozwala wybrać dwa parametry, a następnie wykonać analizę ilościową przy pomocy mapy ciepła. Mapa przedstawia średnią liczbę osobników, które przeżyły do końca symulacji (czyli każda generacja została wykonana bez wcześniejszego zatrzymania). W przypadku, gdy populacja wymrze przed założonym czasem, wartość z danego uruchomienia wynosi 0. Dzięki temu użytkownik może efektywnie badać zależność środowiska od wybranych par parametrów.
- *Single Run Simulation* – pozwala na przeprowadzenie pojedynczej symulacji z wybranymi parametrami na dostępnym urządzeniu. W trakcie trwania symulacji użytkownik może na bieżąco śledzić zmiany populacji w przestrzeni fenotypowej oraz położenie osobników w dwuwymiarowej przestrzeni o wybranej szerokości i długości.

Po zakończeniu symulacji pojawiają się interaktywne wykresy wykonane przy użyciu biblioteki **plotly**, która umożliwia dokładną analizę zarówno zmian średnich wartości poszczególnych genów, jak i liczebności populacji.

Dodatkowo użytkownik ma możliwość ponownego przeanalizowania wyników symulacji, ponieważ generowane są animacje w formacie GIF, przedstawiające przestrzeń reprodukcyjną oraz fenotypową. Użytkownik sam określa, co ile generacji mają być generowane wykresy, wykorzystując w tym celu parametr *Time_interval_for_plotting*.

2 Analiza

Aby przeanalizować naszą symulację, rozważmy przykładowe środowisko, w którym organizmy (ich podobieństwo do kotów jest całkowicie niezamierzane oraz przypadkowe) muszą dostosować się do nieprzewidywalnych warunków miasta Ulthar. Na jedyny dostępny pokarm można zapolować \Leftrightarrow gdy dostosowanie jak najbardziej zbliżone jest do ławicy latających ryb, czyli organizmów o optymalnym genotypie i jeszcze bardziej optymalnym fenotypie.



Rysunek 3: Przykładowe Środowisko - Ulthar

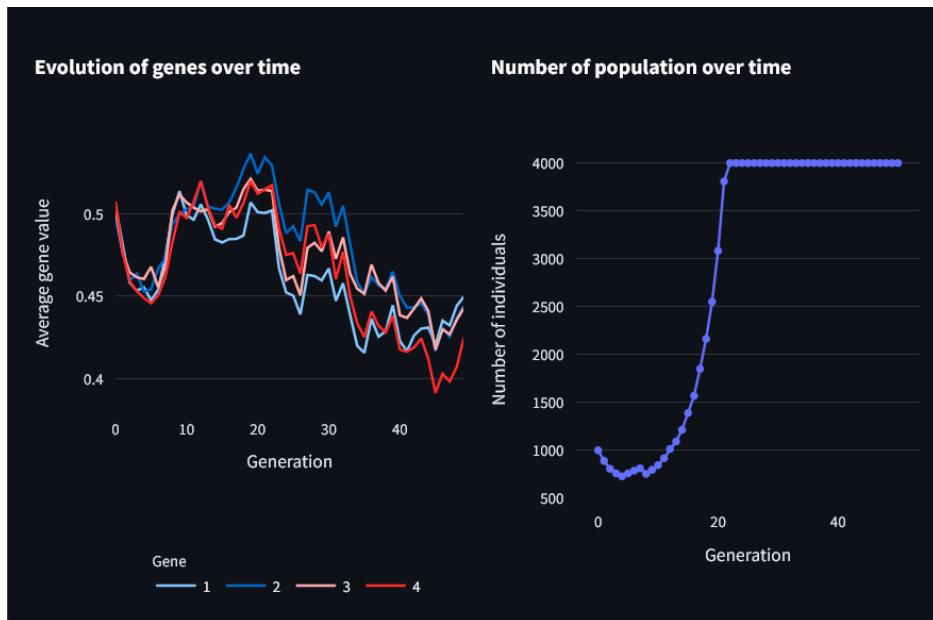
2.1 Uwagi ogólne

Każda z analiz została wykonana wielokrotnie, aby potwierdzić nasze obserwacje. Punktem wyjściowym naszych rozważań było kwadratowe miasto Ulthar o następujących parametrach (jeśli dla danej analizy nie napisano inaczej w sekcji **4 Parametry symulacji**, to przyjmujemy zgodność parametrów).

- $control_strength = 1.00$
- $optimum_noise = 0.10$
- $width = 100$
- $height = 100$
- $N = 1000$ początkowa liczебность populacji.
- $N_{max} = 4000$
- $prob_organism_mutation = 0.50$
- $prob_allel_mutation = 0.50$
- $mutation_variance = 0.25$
- $viewing_radius_multiplier = 1.00$ - nie wpływamy domyślnie w żaden sposób na fenotyp.

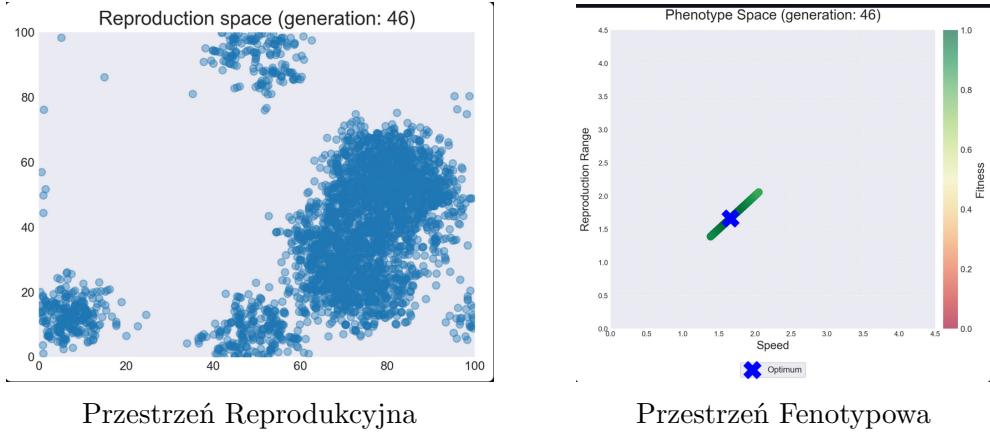
Gen	Waga 1	Waga 2	Dryf 1	Dryf 2
1	1.00	1.00	0.00	0.00
2	1.00	1.00	0.00	0.00
3	1.00	1.00	0.00	0.00
4	1.00	1.00	0.00	0.00
5	-	-	-	-

Tabela 1: Geny z wagami oraz dryfem (5 gen odpowiada za płeć)



Część wykresu po lewej stronie przedstawia zmianę średniej wartości alleli poszczególnych genów, w zależności od czasu. Każdy gen wpływa identycznie na każdą cechę fenotypową w jednakowy sposób. Tym samym zmiana wartości genów jest ze sobą ściśle skorelowana. Wynika to z faktu, że domyślnym ustawniem środowiska jest rozmnażanie z prawdopodobieństwem równym dostosowaniu osobników, zatem genotyp zmienia się maksymalizując fitness. Widzimy zatem oczywisty przykład ewolucji genotypów osobników w celu dopasowania się do ciągle zmennego środowiska. Kiedy optymalny fenotyp (w wyniku błądzenia losowego) zmienił znacząco, któ-

Rysunek 4: rząd wartości fenotypu, fenotypu osobników również zaczęły się zmieniać. Po prawej stronie natomiast widzimy, jak populacja po kilku pierwszych generacjach, osiąga wzrost wykładniczy (zgodnie z modelem Malthusa). Początkowy spadek (zdarza się także zastój) wynika z losowych wartości alleli i rozstawnienia osobników w przestrzeni reprodukcyjnej. Niektóre z nich mogą mieć zbyt małą wartość dostosowania, aby móc się rozmnażać, a jeszcze inne mogą po prostu być w zbyt dużej odległości od siebie. Natomiast, kiedy populacja zgromadzi się w bliskiej odległości od siebie i zacznie się rozmnażać, to przy tych warunkach środowiska jej rozmnażanie będzie wybuchać do $+\infty$.



Rysunek 5: Po lewej widzimy charakterystyczne zjawisko dla naszej symulacji, czyli łączenie się osobników w klastry, a po prawej osobniki na przestrzeni fenotypowej. Widać wyraźnie, że starają się minimalizować odległość względem optymalnego fenotypu, tym samym zwiększaając swoje dostosowanie. Ze względu na to, że każdy gen wpływa w identyczny sposób na obie cechy, to przestrzeń fenotypowa ogranicza się do prostej, *prędkość = zasięg rozrodu*.

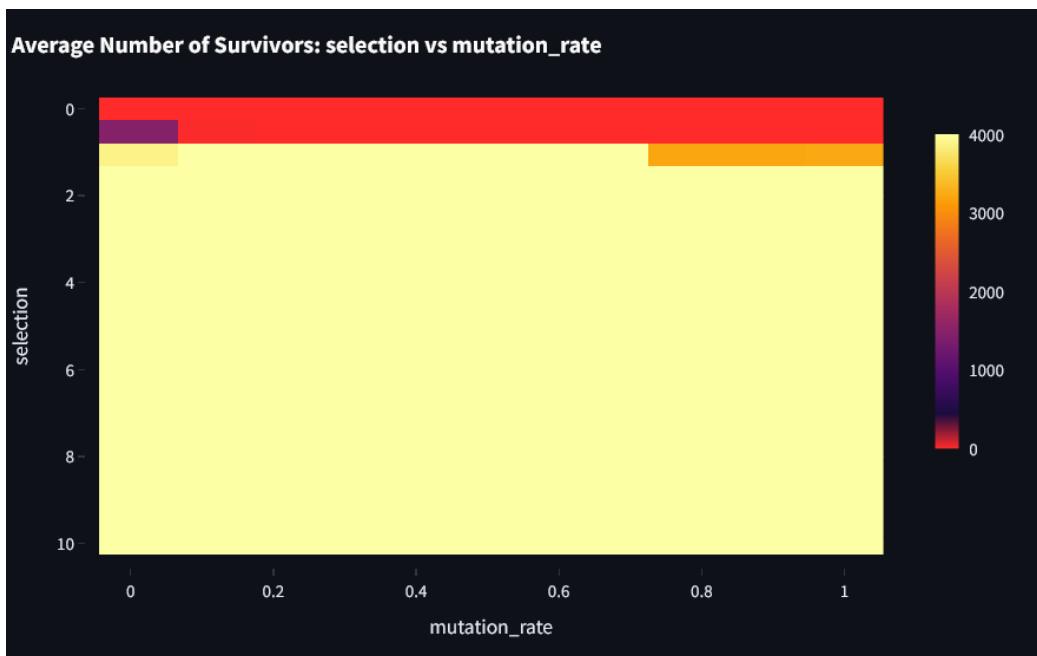
2.2 Wpływ parametrów mutacji i selekcji

Dokonaliśmy szeregu analiz ilościowych w celu sprawdzenia, jak na przebieg symulacji wpływa zmiana kluczowych parametrów dla symulacji. Porównywaliśmy je z parametrem odpowiadającym za miarę dostosowania: *control_strength*. Jednoznacznie z niej wynika, jak ważnym parametrem jest dla przetrwania populacji.

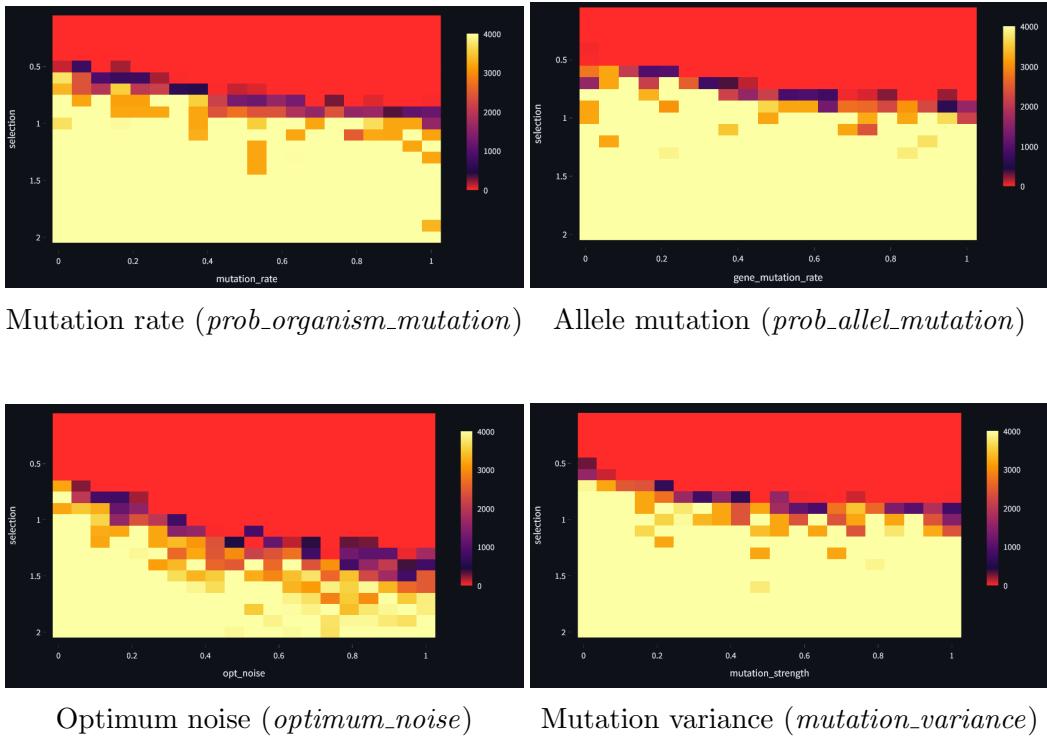
W przypadku, kiedy $\sigma \rightarrow 0$ presja selekcyjna jest tak duża, że cała populacja wymiera, już nawet w trzecim kroku trwania symulacji. Natomiast kiedy $\sigma \rightarrow +\infty$, to populacja w kilka generacji osiągnie rozmiar N_{max} . Natomiast dzięki zastosowaniu mechanizmu, po przekroczeniu limitu populacji, zostają osobniki o największym dostosowaniu, dalej możemy obserwować ewolucję genotypów.

Podczas pierwszej próby ilościowej zauważono, że dla rozpatrywanego środowiska dla wartości $control_strength \in (0; 0.5)$ populacja prawie zawsze wymiera, natomiast dla > 1.5 populacja prawie zawsze osiąga rozmiar N_{max} . W dalszych analizach ograniczyliśmy się zatem do $control_strength \in (0; 2.0)$, aby dokładniej zbadać wpływ niewielkich zmian. Można zaobserwować, że dla analizowanych parametrów punktem granicznym, od którego zależy przetrwanie osobników, jest, gdy $control_strength \approx 0.65$.

Z przeprowadzanych doświadczeń wynika, że drugim najważniejszym parametrem jest *optimum_noise*, które w przypadku dużych wartości nie pozwala na efektywne dostosowanie się populacji. Natomiast parametry takie jak *prob_organism_mutation*, *prob_allel_mutation*, czy *mutation_variance* mają mniejszy wpływ na przebieg całej symulacji. Ważną obserwacją jest natomiast, że nawet, jeśli mutacje praktycznie nie zachodzą, rozmiar populacji dalej rośnie, co podkreśla udział procesu **crossing-over** w ewolucji. Dodatkowo niewielkie, ale utrzymujące trend zmiany wskazują na to, że im większe prawdopodobieństwo zaistnienia mutacji, tym większe ryzyko wymarcia całej populacji.



Rysunek 6: Selekcja vs Tempo Mutacji Osobnika

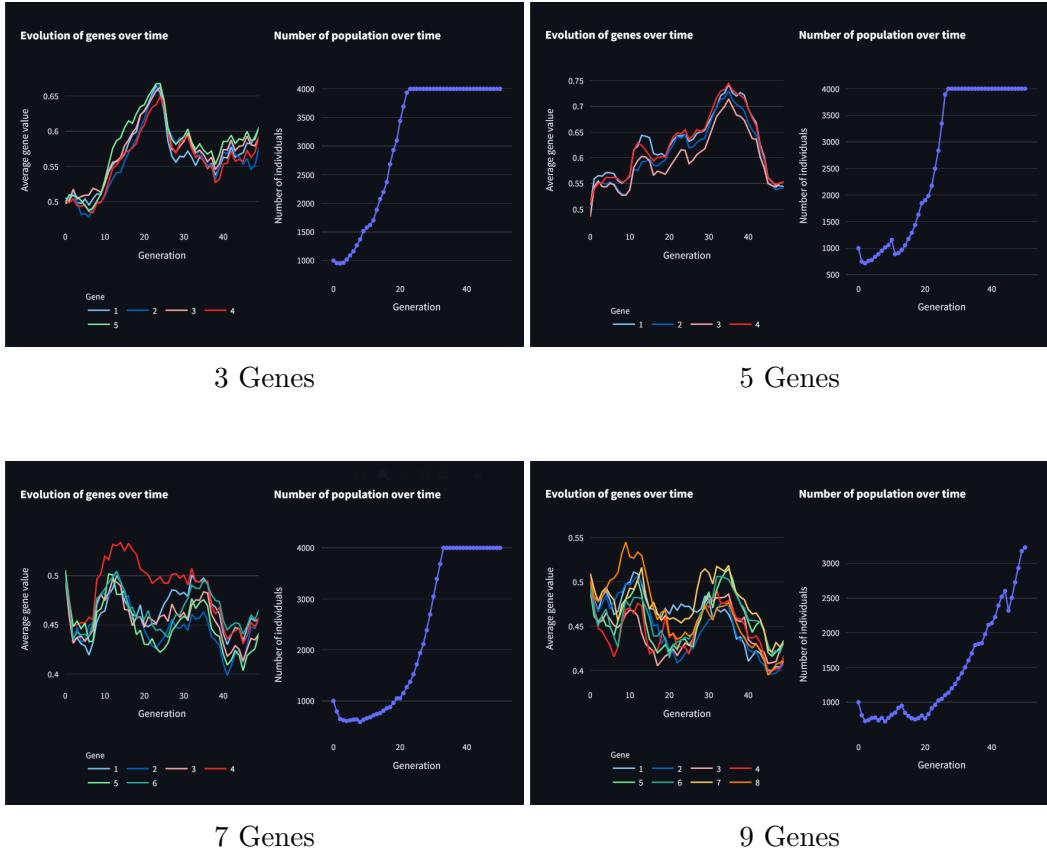


Rysunek 7: Każda analiza była wykonywana dla pary parametrów, które należały do zaznaczonego przedziału, podzielenego na 20 jednakowych odcinków. Dodatkowo dla każdej pary parametrów, symulacja była przeprowadzana 20 razy, aby wyciągnąć średnią liczbę osobników, które przetrwały (każda heatmapa to 8000 symulacji).

2.3 Wpływ parametrów mutacji i zmian środowiska

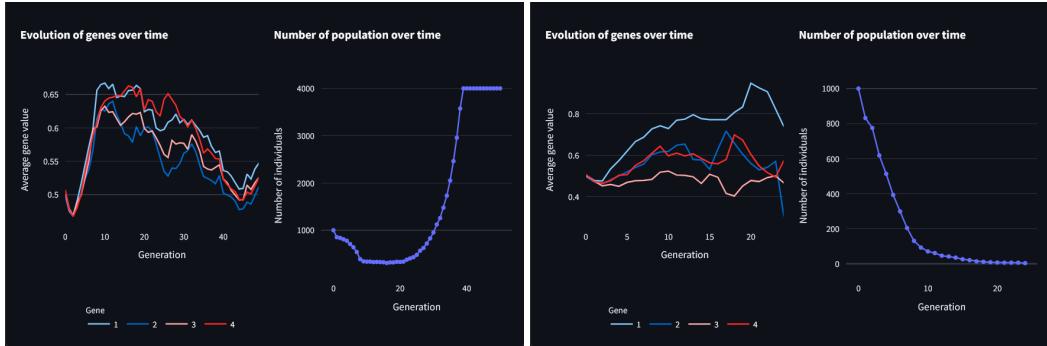
Z powyższych symulacji otrzymaliśmy średnią liczbę osobników, które przetrwały wszystkie generacje. Sprawdzimy zatem, czy każda symulacja odbywająca się na terenie miasta Ulthar kończy się wyłącznie na dwa sposoby: śmiercią, albo osiągnięciem N_{max} , czy może jednak liczебność populacji stabilizuje się na pewnym, przez ograniczenia związane z mutacjami i rozmnażaniem. Poddamy także analizie, jak geny bezpośrednio oddziałujące na fenotyp wpływają na przetrwanie symulacji.

Wykonując ręcznie metodę bisekcji uzyskaliśmy, że aby populacja nie wymarła, parametr $control_strength \geq 0.90$. Teraz sprawdzimy, jak liczba genów wpływa na przeżywalność populacji.



Rysunek 8: Każda analiza różniła się tylko liczbą genów w populacji, jednakowo ulegającemu dryfowi oraz identycznym wpływom na fenotyp. Dla dużej liczby genów, charakterystyczny staje się dobór stabilizujący (mniejsza wariancja zmian wartości w allelach), tym samym populacja o złożonym genotypie nie potrafi tak szybko dopasować się do zmieniającego się optymalnego fenotypu, przez co potrzebuje więcej generacji, aby osiągnąć N_{max} .

Następnie sprawdzimy, jak zmiana wag w genotypie osobników wpływa na przeżywalność populacji. W tym celu pierwszemu genowi, zwiększamy dryf obu alleli do 0.25, a następnie ustawiamy wagi pierwszego genu, jednej z cech na 2.00, zmniejszając wagi dla drugiej do 0.50. Tym samym patrzymy jak niewielka zmiana wartości cech wpływa na przeżycie całej populacji. Dodatkowo w mieście Ulthar ograniczmy rozmnażanie pojemnością środowiska. Zaprojektowaliśmy także co się stanie, jeśli wagi genów nie będą o takiej samej wartości.



Zwiększo wagę dla zasięgu rozrodu

Zwiększo wagę dla prędkości



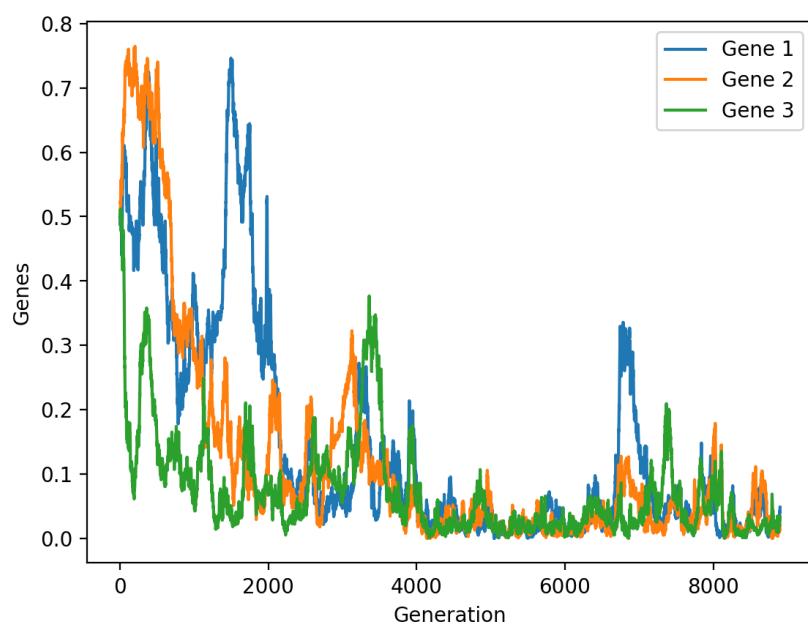
Dodano ograniczenia na środowisko

Większa zmiana w wagach genów

Rysunek 9: Powyższe analizy pokazały, że dla przetrwania symulacji ważniejszą cechą fenotypową jest *zasięg_rozrodu*, która duża wartość pomaga efektywnie zwiększyć potomstwo (co może być przykładem specjacji). Natomiast stosunkowa duża prędkość osobników, prowadzi do braku skupisk osobników, a tym samym do ich zagłady. Kiedy dodajemy ograniczenia do naszego środowiska (*fitness_threshold* i *capacity*, to doprowadzamy do modelu Verhulsta (liczebność populacji, przypomina krzywą logistyczną)). Natomiast nierównomierne wagi genów, powodują, że przy tak dużej presji selekcyjnej osobniki są w stanie przetrwać, ale ich liczebność oscyluje (możliwe powstanie punktu równowagi w sensie Lapunova).

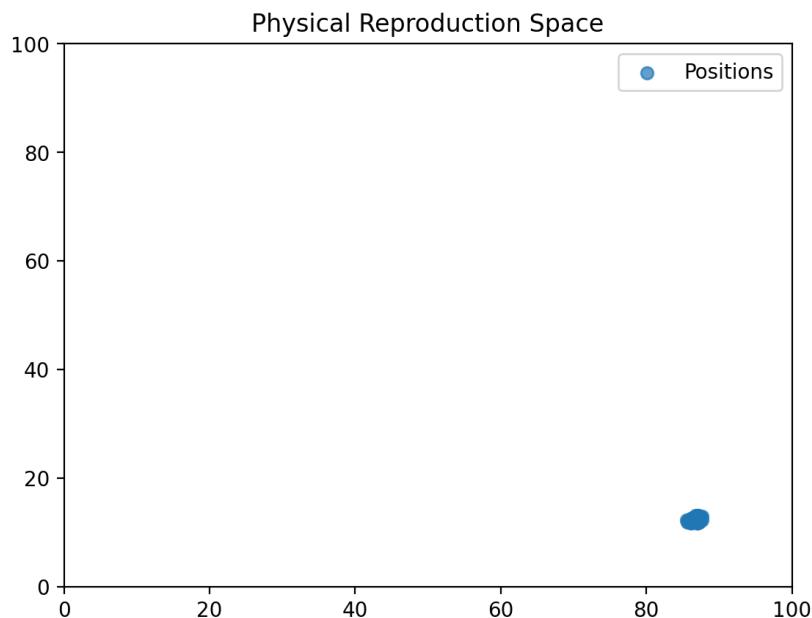
2.4 Promień rozrodu jako drugie źródło dostosowania

W przedstawionym modelu promień rozrodu danego osobnika powiązany jest z drugą cechą fenotypową, która z kolei zależy od genotypu. W teorii może to doprowadzić do powstania alternatywnego optimum genotypowego - osobniki o wyższych wartościach alleli odpowiadających za drugą cechę będą się częściej rozmnażały, co stanowi presję selekcyjną w kierunku wyższych ich wartości. W celu zaobserwowania tego zjawiska przeprowadzono symulację, w której wagi wpływu trzech genów na drugą cechę fenotypową ustawiono na kolejno 2, 1 i 0. Oznacza to, że tylko geny 1 i 2 mają wpływ na promień rozrodu.



Rysunek 10: Częstość genów wpływających na promień rozrodu

Na wykresie widać, że gen 3, który nie ma wpływu na promień rozrodu, ma co do zasady niższe wartości od pozostałych. Na początku symulacji geny 1 i 2 mają zdecydowanie wyższe wartości od 3, natomiast ta przewaga maleje wraz z czasem ze względu na gromadzenie się osobników w skupiska (niska odległość daje szansę na rozród także osobnikom o niskim promieniu), co widać na rysunku przedstawiającym rozmieszczenie osobników w kroku 8000.



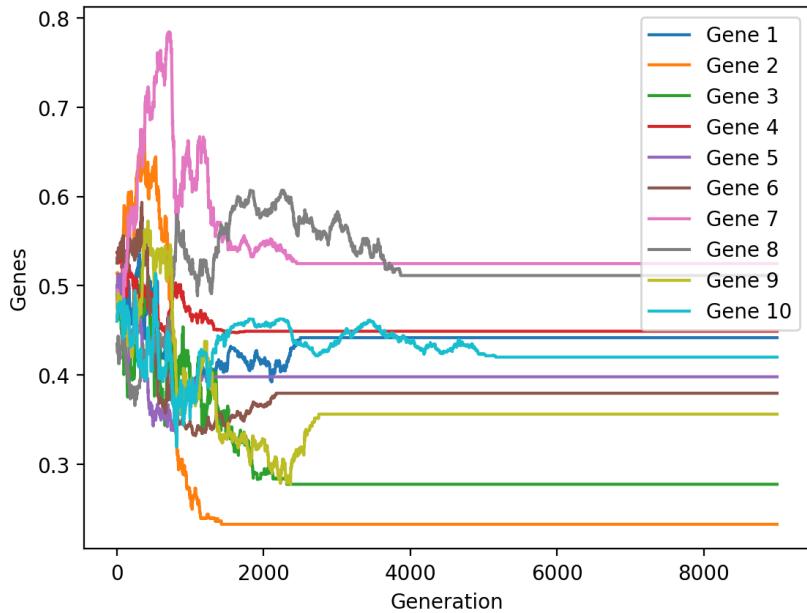
Rysunek 11: Rozmieszczenie osobników na koniec symulacji

2.5 Dryf genetyczny

Wprowadzenie do modelu oddzielnego genotypu umożliwia badanie zjawisk znanych z genetyki populacyjnej. Przykładem takiego zjawiska jest dryf genetyczny - zmiana częstości alleli wynikająca z przyczyn losowych. Należy mieć na uwadze, że istnieje istotna różnica między dryfem genetycznym w ujęciu naszego modelu a tym rzeczywistym - w rzeczywistości allele miałyby wartości binarne, natomiast w naszym modelu przyjmują one wartości z przedziału $[0, 1]$. Z tego powodu, zamiast mierzyć częstość allelu, mierzmy jego średnią wartość w populacji. W celu uwydatnienia efektów dryfu symulację przeprowadzono dla niewielkiej liczebności populacji oraz braku mutacji i optimum fenotypowego (selekcja losowa).

Na wykresie wartości alleli widać 2 zjawiska:

- Wysoką zmienność wartości w początkowej fazie symulacji, co potwierdzałoby istnienie dryfu
- Ustalenie wartości alleli pod koniec symulacji. Jest to efekt analogiczny do utrwalenia się/zaniknięcia alleli w klasycznym ujęciu dryfu (każdy osobnik ma tę samą wartość allelu co wymusza jego utrwalenie, natomiast w przeciwnieństwie do częstości allelu w ujęciu rzeczywistym wartość ta nie musi być równa 0 lub 1)



Rysunek 12: Dryf genetyczny

3 Podsumowanie

Punktem wyjścia naszych rozważań z perspektywy równań różniczkowych było proste równanie replikatorowe (miasto Ulthar). Natomiast dodatkowe ograniczenia oraz zmiany wag genów, mogą spowodować istnienie punktów oscylacyjnych, wokół których będzie utrzymywała się liczebność populacji.

Najważniejszym parametrem całej symulacji okazało *control_strength*, który decydował a priori, tak naprawdę, czy dana populacja wymrze, czy przetrwa. Natomiast inne parametry (i ich złożone relacje) determinują dynamikę rozmnażania oraz tempo zmian alleli.

Analizowane przez nas cechy fenotypowe, są ściśle skorelowane z wielkością przestrzeni reprodukcyjnej. Wykazaliśmy, że populacja preferuje zwiększenie *zasięgu_rozrodu*, co zwiększa jej szansę na przetrwanie. Kluczowym momentem w czasie symulacji, są pierwsze generacje, w których ważne jest wytworzenie skupisk osobników, w celu skutecznej reprodukcji. Jest to ważniejsze niż bezwzględne dostosowanie się do optymalnego fenotypu, co jednocześnie prowadzi do ograniczenia liczebności populacji.

Najciekawszym wnioskiem pozostaje jednak zmniejszenie wartości adaptacji osobników w przypadku większego genomu. W jednoznaczny sposób udowadnia, że redukcja genomu służy lepszej możliwości przystosowania do ciągle zmieniającego się środowiska (przykładem tego zjawiska jest ewolucja bakterii). Oczywiście w przypadku złożonych cech fenotypowych kluczowych dla funkcjonowania danego organizmu potrzebujemy alternatywnych genów, ponieważ inaczej każda mutacja takiego genu mogłaby być letalna. Dlatego dla złożonych organizmów (mnp. kotów) charakterystyczne jest zjawisko plejotropii i epistazy.

4 Wybrane parametry symulacji

4.1 Promień rozrodu

Parametr	Wartość
Liczba osobników	1000
Maksymalna liczba osobników	1000
Rodzaj selekcji	losowa
Prawdopodobieństwo przeżycia	0.7
Liczba pokoleń	10000
Prawdopodobieństwo mutacji (oba)	0.1
Siła mutacji	0.2
Mnożnik promienia	3

Tabela 2: Promień rozrodu - parametry

Gen	Waga 1	Waga 2
1	1	2
2	1	1
3	1	0

Tabela 3: Promień rozrodu - wagi genów

4.2 Dryf genetyczny

Parametr	Wartość
Liczba osobników	30
Maksymalna liczba osobników	30
Rodzaj selekcji	losowa
Prawdopodobieństwo przeżycia	0.99
Liczba pokoleń	10000
Prawdopodobieństwo mutacji (oba)	0
Mnożnik promienia	10

Tabela 4: Dryf genetyczny - parametry

Gen	Waga 1	Waga 2
1	1	0
2	1	0
3	1	0
4	1	0
5	1	0
6	1	0
7	1	0
8	1	0
9	1	0
10	1	0

Tabela 5: Dryf genetyczny - wagi genów