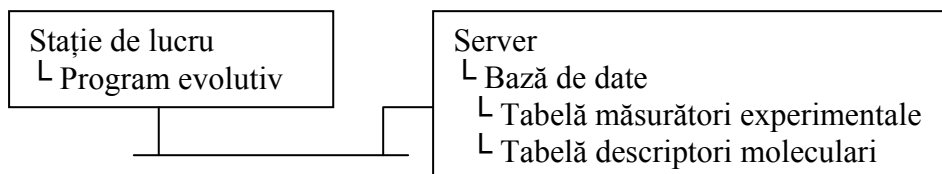


Anexa 5. Programul evolutiv implementat

Programul evolutiv folosește un fișier de configurare pentru conexiunea la baza de date ce stochează familia de descriptori moleculari, conform schemei de mai jos:



Conexiunea la serverul ce stochează baza de date a familiei de descriptori moleculari

O conexiune la un server de baze de date impune protocoale de securitate. De asemenea execuția efectivă a programului impune cunoașterea numelui bazei de date și a tabelelor, în ipoteza asumată că structura tabelelor este aceeași și independentă de familia de descriptori moleculari și setul de molecule considerat.

Astfel, fișierul de configurare denumit `c_galg.cfg` conține conținutul redat în Tabelul 1 exemplificând pentru familia MDF, setul PCB.

Programul implementat folosește o librărie dinamică (`mysql4.dll`) ce implementează protocoalele de securitate necesare (SHA256) pentru a se conecta la serverul ce conține baza de date de interes folosind valorile date în fișierul de configurare pentru apărării `Host=`, `User=` și `Pass=` astfel: se citește conținutul fișierului de configurare cu procedura `g_mydb` (Algoritmul 1) și se realizează conexiunea cu procedura `c_to` (Algoritmul 2).

Tabelul 1. Structura fișierului de configurare `c_galg.cfg`

Parametru	Valoare	Comentarii
Host=	172.27.211.5	Adresa IP a serverului
User=	****	Numele și parola utilizatorului cu drept de citire pe baza de date ce conține valorile descriptorilor moleculari pentru setul de molecule supus investigației
Pass=	*****	
Mydb=	MDFSARs	Numele bazei de date
TabE=	PCB_lkow_data	Numele tabelii conținând datele experimentale
TabM=	PCB_lkow_tmpx	Numele tabelii conținând familia de descriptori moleculari

Algoritmul 1. Citirea fișierului de configurare `c_galg.cfg`

Antet	<code>procedure g_mydb(var d:SOT);</code>
Procedură	<pre> var f:text;i:IOT; begin SetLength(d,6); assign(f,mfi[0]); {\$I-}reset(f);{\$I+} if(ioresult<>0)then m_exit('Err cfg File '+mfi[0]+' N/A!'); for i:=0 to 5 do g_finf(f,myc[i],d[i]); close(f); end; </pre>
Date de intrare	<p>Variabilele globale</p> <p>÷ mfi[0]=`c_galg.cfg`</p> <p>÷ myc[0..5]=(`Host`, `User`, `Pass`, `Mydb`, `TabE`, `TabM`)</p>

Date de ieşire	d:array[0..5]of string;
Algoritm	<div style="display: flex; flex-direction: column; gap: 5px;"> <div>÷ Se alocă memorie pentru valorile ce urmează a fi citite din fişierul de configurare</div> <div>÷ Se verifică accesibilitatea fişierului de configurare; în caz afirmativ se deschide, in caz contrar se produce ieşirea din program prin afişarea unui mesaj</div> <div>÷ Se citeşte fiecare valoare a parametrilor din fişier</div> </div>

Algoritmul 2. Conexiunea la o bază de date MySQL

Antet	function c_to(var q:TMYSQL;var s:PMYSQL;var m:SOT):B_T;
Procedură	<pre>begin mysql_init(PMySQL(@q)); s:=mysql_real_connect(PMySQL(@q),pch(m[0]),pch(m[1]),pch(m[2]),nil,0,nil,0); if(s=nil)then begin Writeln(stderr,'NR MySQLd:',mysql_errno(@q),' ',mysql_error(@q)); c_to:=FALSE;exit; end; if(mysql_select_db(s,pch(m[3]))<0)then begin Writeln(stderr,'NO MySQL dB: '+m[3]+' ',mysql_errno(s),':',mysql_error(s)); c_to:=FALSE;exit;end;c_to:=TRUE; end;</pre>
Date de intrare	m[0..5]= valorile pentru Host, User, Pass, Mydb, TabE, TabM
Date de ieşire	q,s = variabile interne modulului mysql4.dll pentru manipularea conexiunii cu serverul de baze de date mysql
Algoritm	<div style="display: flex; flex-direction: column; gap: 5px;"> <div>÷ Se încearcă realizarea unei conexiuni persistente folosind valorile pentru Host, User, Pass; dacă e un eșec atunci ieşire cu FALSE din funcție;</div> <div>÷ Se încearcă accesarea bazei de date Mydb; dacă e un eșec atunci ieşire cu FALSE din funcție;</div> </div>

Secvența următoare a implementării algoritmului genetic impune citirea topologiei familiei de descriptori, pentru a se putea alocă spațiu de memorie pentru stocarea acestora în memoria internă. Topologia familiei de descriptori (ce codifică codul genetic al familiei) specifică genele și valorile acestora precum și succesiunea de adresare din tabela stocată pe server și este redată în Tabelul 2 exemplificând pentru familia MDF.

Tabelul 2. Structura fişierului de configurare `c_galg.cgt`

Parametru	Valoare	Comentarii
Genes=	mp/fc/oi/id/ap/dm	Cromozomul familiei MDF
Addre=	fc/ap/id/oi/dm/mp	Sucesiunea de adresare a genotipurilor
mp=	mMnNSPsAaBbGgFfHhIi	Valorile genei `mp`
fc=	mMDP	Valorile genei `fc`
oi=	RrMmDd	Valorile genei `oi`
id=	DdOoPpQqJjKkLIVEWwFfSsTt	Valorile genei `id`
ap=	CHMEGQ	Valorile genei `ap`
dm=	gt	Valorile genei `dm`

Manipularea codului genetic al familiei de descriptori moleculari impune crearea unui tip abstract de date care să conțină atât datele cât și operațiile care se efectuează pe aceste date, o primă operație fiind citirea valorilor din fişierul de configurare. Pentru simplificarea implementării, s-a impus definirea unei serii de tipuri de date, redate în Tabelul 3.

Tabelul 3. Tipuri de date definite în programul evolutiv `ga_v2_0p.exe`

Tip	Expresie de definire	Comentarii
B_T	Boolean	Redefiniri ale tipurilor de date de bază accesibile în mediul de programare FreePascal
B0T	Byte	
I0T	Integer	
L0T	LongInt	
R0T	Extended	
S3	String[13]	Șir de maxim 13 caractere
S5	String[255]	Șir de maxim 255 caractere
S9	String[99]	Șir de maxim 99 caractere
C8	array[0..12]of S3	Șir de 13 șiruri de 13 caractere
S0T	Array of S9	Șir (de număr variabil) de șiruri de maxim 9 caractere
B1T	Array of B0T	Șir de numere întregi (max. 255)
I1T	Array of I0T	Șir de numere întregi (max. 32767)
L1T	Array of L0T	Șir de numere întregi (max. 2147483647)
B2T	Array of B1T	Șir de șiruri de numere întregi (max. 255)
R1T	Array of R0T	Șir de valori reale (Descriptor)
R2T	Array of R1T	Șir de șiruri de valori reale (Familie)
R3T	Array of R2T	Șir de șiruri de șiruri de valori reale (Clică)
BAT	Array of Array[0..6]of B_T	Șir de (maxim) 7 șiruri de valori de adevăr

Programul folosește o serie de constante globale (accesibile din orice secvență de program), care sunt redată în Tabelul 4.

Tabelul 4. Constante definite în programul evolutiv `ga_v2_0p.exe`

Constantă	Expresie de definire	Comentarii
mfi	array[0..3]of S3=('c_galg.cfg', 'c_galg.cgt', 'c_galg.cga', 'c_galg.txt')	Denumiri fișiere de configurare
mfo	array[0..6]of S3=({0}'cfg.txt', {1}'reg.txt', {2}'phe.txt', {3}'sam.txt', {4}'gen.txt', {5}'fit.txt', {6}'evo.txt')	Denumiri fișiere de rezultate
myc	array[0..5]of S3=('Host', 'User', 'Pass', 'Mydb', 'TabE', 'TabM')	Denumiri parametrii de configurare pentru baza de date
gda	array[0..1]of S3=('Genes', 'Addre')	Denumiri parametrii de configurare ai codului genetic
nys	array[0..1]of S3=('No', 'Yes')	Denumiri valori de adevăr
sps	C8=('r2', 'se', 'Mt', 'Hr', 'dr', 'me', 'dt', "", "", "", "", "")	Denumiri funcții obiectiv
sos	C8=('min', 'max', 'avg', "", "", "", "", "", "", "")	Denumiri obiective
sss	C8=('proportional', 'deterministic', 'tournament', "", "", "", "", "", "", "")	Denumiri metode de selecție și supraviețuire
ses	C8=('nalive', 'r2_min', 'se_min', 'Mt_min', 'Hr_min', 'r2_max', 'se_max', 'Mt_max', 'Hr_max', 'r2_avg', 'se_avg', 'Mt_avg', 'Hr_avg')	Denumiri funcții de selecție
sds	C8=('m0', 'm1', 'm2', 'm3', 'm4', 'mx', 'my', 'v0', 'g1', 'g2', 'jb', 'r1', 'r2')	Denumiri parametrii statistici descriptivi
col	array[0..5]of Char=('T'{x}, 'A'{ x }, 'I'{ln(x)}, 'L'{ln(abs(x))}, 'i'{1/x}, 'a'{1/ x })	Denumiri operatori de linearizare
max_real	1e90	Valoare reală maximă
min_real	1e-90	Valoare nenulă minimă

Programul evolutiv implementat (aflat în forma actuală - Martie 2009 - la a 3-a versiune a sa, stabilă) folosește o singură clasă (sau obiect) pentru toate datele și operațiile necesare algoritmului genetic. O serie de proceduri se află însă în exteriorul acestei clase (cum este cazul celor expuse în Algoritm 1 și Algoritm 2), fiind prealabile procesului evolutiv și având ca scop doar inițializarea variabilelor necesare. Algoritmii exteriori clasei alții decât cei de mai sus sunt redați împreună în Algoritmi 3. Secvența de program principal este redată în Algoritm 4.

Algoritmi 3. Alte operații cu baza de date și fișiere de configurare

Antet și procedură g_finf	<pre>procedure g_finf(var f:Text;s:S9;var o:S9);var i:I0T; begin readln(f,o);i:=pos('=',o);if(i=0)then m_exit('Err cfg VAR=VAL found:'+o); if(copy(o,1,i-1)<>s)then m_exit('Err cfg Exp '+s+=VAL found:'+o); delete(o,1,i);if(length(o)<1)then m_exit('Err cfg Mis Var='+s+='); end;</pre>
Algoritm g_finf	Verifică existența și în caz de succes citește o linie din fișierul de configurare transmis ca parametru
Antet și procedură q_exe	<pre>procedure q_exe(var s:PMYSQL;Q:S5); begin if(mysql_query(s,pch(Q))<0)then m_exit(Q+' Failed: '+mysql_error(s)); end;</pre>
Algoritm q_exe	Transmite o interogare (`Q`) serverului de baze de date și tratează eșecul sau transmite succesul
Antet și procedură q_ret	<pre>procedure q_ret(var s:PMYSQL;var r:PMYSQL_RES;var nr:qword;var nc:dword); begin r:=mysql_store_result(s);if(r=Nil)then m_exit('NIL Query. '); nr:=mysql_num_rows(r);nc:=mysql_num_fields(r); end;</pre>
Algoritm q_ret	Preia rezultatul unei interogări a bazei de date și numără liniile și coloanele rezultatului obținut
Antet și procedură my_re	<pre>function my_re(var b:TMYSQL_ROW;i:I0T):Extended;var j:I0T;s:S9;r:Extended; begin j:=0;while(ord(b[i][j])>0)do begin if(j>99)then m_exit('MydB err-1'); s[j+1]:=b[i][j];j:=j+1;end;if(j=0)then s:='' else s[0]:=chr(j); val(s,r,j);if(j<>0)then m_exit('MydB err-2');my_re:=r; end;</pre>
Algoritm my_re	Preia caracter cu caracter o valoare reală din baza de date și o convertește la număr real în precizie extinsă
Antet și procedură p_y0	<pre>procedure p_y0(var r:PMYSQL_RES;var d:R1T;nm:L0T);var i:L0T;b:TMYSQL_ROW; begin for i:=0 to nm do begin b:=mysql_fetch_row(r);d[i]:=my_re(b,0);end; mysql_free_result(r); end;</pre>
Algoritm p_y0	Preia din baza de date șirul de valori experimentale pentru setul de molecule
Antet și procedură p_xx	<pre>procedure p_xx(var r:PMYSQL_RES;var d:R2T;nm,ni:L0T);var j,i:L0T;b:TMYSQL_ROW; begin for j:=0 to ni do begin b:=mysql_fetch_row(r); for i:=0 to nm do d[j][i]:=my_re(b,i); if(j mod 10000=0)then write(j div 1000,'K '); end; mysql_free_result(r);write(ni+1,' '); end;</pre>
Algoritm p_xx	Preia din baza de date matricea conținând valorile descriptorilor moleculari pentru setul de molecule
Antet și procedură pch	<pre>function pch(var s:S9):PChar; begin if(s[length(s)]<>chr(0))then s:=s+chr(0);pch:=@s[1]; end;</pre>
Algoritm pch	Convertește un tip String (șir de caractere cu lungime fixă) la tip PChar (șir de caractere cu lungime variabilă)
Antet și procedură sch	<pre>procedure sch(var s:S9); begin if(s[length(s)]=chr(0))then delete(s,length(s),1); end;</pre>

Algoritm sch	Convertește un tip PChar (șir de caractere cu lungime variabilă) la tip String (șir de caractere cu lungime fixă)
Antet și procedură m_exit	procedure m_exit(s:string[255]); begin writeln(s);readln;halt; end;
Algoritm m_exit	Produce ieșirea din program prin afișarea unui mesaj de eroare

Algoritm 4. Programul principal al aplicației `ga_v2_Op.exe`

Variabile	qmysql:TMYSQL;sock:PMYSQL;recbuf:PMYSQL_RES; t:B T;qr:QWord;qc:DWord;My_Data:S0T;MDF:SAR_Fam;
Procedură	begin g_mydb(My_Data);MDF.CF_Ge; repeat t:=c_to(qmysql,sock,My_Data);sleep(1500);until(t); q_exe(sock,'SELECT * FROM ``'+My_Data[4]+'`');q_ret(sock,recbuf,qr,qc); with(MDF)do begin m0n:=qr;mln:=m0n-1;SetLength(y_v,m0n);SetLength(x_v,i0n); for qc:=i1n downto 0 do SetLength(x_v[qc],m0n);p_y0(recbuf,y_v,mln); end; write('n_pop=',MDF.i0n,' m0n=',MDF.m0n);write(' SELECT Y Ok. '); q_exe(sock,'SELECT * FROM ``'+My_Data[5]+'`'); q_ret(sock,recbuf,qr,qc);p_xx(recbuf,MDF.x_v,MDF.mln,MDF.i1n); writeln('SELECT X's Ok. ');mysql_close(sock); with(MDF)do begin CF_Cu(My_Data);if(d_c>0)then DC0(My_Data);if(d_r+d_p+d_s+d_g+d_t+d_e>0)then D0; end; with(MDF)do repeat CF_Rs;SA_Frst; repeat FT_PH;FT_SA;SL_Fit;SL_Mak;SV_Fit;SV_Mak; if(d_t>0)then DF1;SA_Next;if(d_t>0)then DF2; until(e1i>e1n); if(d_c>0)then DC2; until(e0i>e0n); write('Done. ');readln; end. end.
Algoritm	÷ Citește fișierul de configurare al conexiunii la baza de date ÷ Citește codul genetic al familiei de descriptori moleculari ÷ Alocă spațiu de memorie pentru codul genetic ÷ Construiește tablouri de conversie adresă <-> cod genetic ÷ Conectează la baza de date și selectează informația din tabela cu valori experimentale (ce dă și numărul de molecule din set) ÷ Alocă spațiu de memorie pentru valorile experimentale și valorile descriptorilor familiei; citește valorile experimentale din baza de date ÷ Afișează volumul populației de descriptori (pe baza calcului din codul genetic) și numărul de molecule din set ÷ Selectează și citește valorile descriptorilor pentru moleculele din set ÷ Citește fișierul de configurare al cultivarului (`c_galg.cga`) ÷ Creează fișierele de ieșire necesare (definite mai sus) ÷ Repetă ○ Inițializează valorile de minim și maxim global ○ Creează prima generație a evoluției ○ Repetă ▪ Construiește fenotipurile; calculează parametrii de statistică descriptivă; face toate ecuațiile de regresie multiplă posibile cu fenotipuri din cultivar și păstrează parametrii de regresie; cumulează scorurile de selecție ale fenotipurilor; inițializează scorurile de selecție ale genotipurilor ▪ Calculează scorurile de selecție ale genotipurilor pe baza scorurilor obținute de la fenotipuri în pasul anterior ▪ Extrage scorul de selecție (cel definit în

	<p>fișierul de configurare) din lista scorurilor de selecție calculate pentru genotipuri; normalizează scorurile (dacă normalizarea este activată în fișierul de configurare); convertește scorurile la ranguri de scoruri (dacă opțiunea ranguri este activată în fișierul de configurare)</p> <ul style="list-style-type: none"> ▪ Face selecția unui număr definit de genotipuri (număr par) folosind metoda specificată în fișierul de configurare ▪ Calculează scorul de supraviețuire al genotipurilor ▪ Construiește noua generație astfel: <ul style="list-style-type: none"> • mută părinți cu probabilitatea definită în fișierul de configurare • încrucișează perechi de părinți în număr definit în fișierul de configurare • mută fii cu probabilitatea definită în fișierul de configurare • numără descendenții adaptați • înlocuiește părinți cu descendenți folosind metoda de supraviețuire definită în fișierul de configurare <p>○ Până când numărul de generații impus în fișierul de configurare este atins</p> <p>÷ Până când numărul de repetiții ale execuției algoritmului genetic specificat în fișierul de configurare este atins</p>
--	---

Fișierul `c_galg.cga` conține configurația de execuție a programului (Tabelul 5).

Tabelul 5. Configurația de execuție a programului evolutiv `ga_v2_0p.exe`

Parametru	Valoare	Comentarii
a_v_ADAPT_Variance=	$0 \leq a_v$ (real)	Valoarea minimă impusă unui fenotip (X_i) pentru a fi considerat adaptat la cultivar; calculată cu expresia: $AD(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^m \left(X_{i,j} - \frac{\sum_{k=1}^m X_{i,k}}{m} \right)^2}{\left(\sum_{j=1}^m X_{i,j} \right)^2}$
ajb_ADAPT_JarqueBera=	$0 \leq ajb$ (real)	Valoarea maximă a abaterii relative de la normalitate impusă unui fenotip; calculată cu expresia: $rJB(X_i) = \frac{JB(X_i)}{JB(Y)} = \frac{4g_1^2(X_i) + g_2^2(X_i)}{4g_1^2(Y) + g_2^2(Y)}$
a_c_ADAPT_Correlation=	$0 \leq a_c \leq 1$	Valoarea minimă a determinării impusă unui fenotip; calculată cu expresia: $r^2(X_i, Y)$ - ecuația (5)
sn0_SAMPLE_Size=	$rn0 \leq sn0$	Volumul eșantionului de material genetic supus înmulțirii în cultivar
rn0_REGRESSION_Multiple=	$1 \leq rn0$	Ordinul de multiplicitate al regresiei
e1n_GENERATIONS_max=	$1 \leq e1n$	Numărul de generații în care materialul genetic evoluează în cultivar (întreg; zeci, sute de mii)
g_r_GENERATIONS_first_rich=	Yes/No	Dacă procesului de selecție aleatorie

		a materialului genetic inițial i se impune să colecteze doar genotipuri viabile
cn0_CROSSOVER_Pairs=	$1 \leq cn0$	Numărul de perechi (de părinți) care se încrucișează într-o generație
m_m_MUTATION_Genes=	$1 \leq m_m$	Numărul de gene care se mută atunci când mutația apare
mpp_MUTATION_Parent_probability=	$0 \leq mpp < 1$	Probabilitatea de apariție a mutației înainte de încrucișare
mcp_MUTATION_Child_probability=	$0 \leq mcp < 1$	Probabilitatea de apariție a mutației după încrucișare
b_p_SELECTION_parameter=	r2/se/Mt/Hr	Funcția obiectiv $\div r2=r^2(Y, \hat{Y})$: coeficientul de determinare dat de ecuația (5) $\div se=\sum_{j=1}^m (Y_i - \hat{Y}_i)^2$ $\div Mt=\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n t^p(X_i)\right)^{1/p}$; $p=fMt$ $\div Hr=\frac{\log_2(r^{2p} + (1-r^2)^p)}{1-p}$; $p=fHr$
b_o_SELECTION_objective=	max/min	Obiectivul funcției obiectiv
sfs_FITNESS_strategy=	proportional/ deterministic/ tournament	Metoda (strategia) de selecție a genotipurilor candidate la încrucișare și mutație
sfn_FITNESS_normalized=	Yes/No	Dacă scorurile de selecție sunt normalizate între generații
sfr_FITNESS_ranks=	Yes/No	Dacă se folosesc rangurile scorurilor de selecție în locul scorurilor de selecție
sfa_FITNESS_accuracy=	$1000 \leq sfa$	Dă numărul de cifre semnificative la care se rotunșesc scorurile de selecție
sff_FITTEST_function=	nalive/ r2_min/ se_min/ Mt_min/ Hr_min/ r2_max/ se_max/ Mt_max/ Hr_max/ r2_avg/ se_avg/ Mt_avg/ Hr_avg	Valoarea scorului de selecție; \div nalive - numărul de ecuații de regresie ce conțin fenotipuri ale genotipului; \div XX_min - cea mai mică valoare a lui XX care apare într-o ecuație de regresie validă ce conține un fenotip al genotipului; \div XX_max - cea mai mare valoare a lui XX care apare într-o ecuație de regresie validă ce conține un fenotip al genotipului; \div XX_avg - valoarea medie a lui XX obținută din toate ecuațiile de regresie valide ce conțin un fenotip al genotipului; Ecuație de regresie validă - ecuație care: \div este unic determinată;

		<p>÷ are estimator viabil (\hat{Y} verifică de asemenea condițiile impuse fenotipurilor ce compun ecuația)</p> <p>÷ toți coeficienții ecuației sunt semnificativi statistic ($\neq 0$) la nivel de semnificație de 95% (Student t)</p> <p>$r^2 = r^{2p}(Y, \hat{Y})$; $p=p(fr2)$</p> <p>$se = \sum_{j=1}^m Y_i - \hat{Y}_i ^p$; $p=p(fse)$</p> <p>Mt și Hr au aceeași semnificație ca în formula de definiție a lui b_p</p>
sfo_FITTEST_objective=	min/max	Obiectivul scorului de selecție
fr2_FITTEST_r2_p=	real (1.0)	puterea la care se ridică coeficientul de determinare ca scor de selecție
fse_FITTEST_se_p=	real (1.0)	puterea sumelor modulelor diferențelor între măsurat și estimat ca scor de selecție
fMt_FITTEST_Mt_p=	real (1.0)	puterea din formula mediei Minkowski a valorilor Student t ai coeficienților ecuației de regresie ca scor de selecție
fHr_FITTEST_Hr_p=	real (1.0)	puterea din formula entropiei Renyi a clasificării cantitate explicată (r^2) vs. cantitate ne-explicată ($1-r^2$) de ecuația de regresie ca scor de selecție
v_p_SURVIVAL_phenotyping_p=	real (1.0)	p din $SVP(X_i, X_j) = \text{Fit}(X_i) - \text{Fit}(X_j) ^p$, unde $\text{Fit}(Phe)$ este valoare scorului de selecție al fenotipului Phe
v_g_SURVIVAL__genotyping_p=	real (1.0)	p în $SVG(X_i, X_j) = \left(\frac{NCD(X_i, X_j)}{NC} \right)^p$, unde NC numărul de gene din cromozom iar $NCD(X_i, X_j)$ numărul de valori diferite ale genelor lui X_i față de X_j
vfs_SURVIVAL_strategy=	proportional/ deterministic/ tournament	Metoda (strategia) de supraviețuire a genotipurilor candidate la înlocuire de către descendenți aplicată pe expresia: $\frac{2}{SVP(X_i, X_j) + SVG(X_i, X_j)}$
vfr_SURVIVAL_ranks=	Yes/No	Dacă se folosesc rangurile scorurilor de supraviețuire în locul scorurilor de supraviețuire
d_d_SHOW_descriptive_m0=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv m_0 (media modulelor) $m_0(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^m X_{i,j} }{m}$

d_d_SHOW_descriptive_m1=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv m1 (media aritmetică) $m1(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^m X_{i,j}}{m}$
d_d_SHOW_descriptive_m2=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv m2 (momentul central de ordin 2) $m2(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^m (X_{i,j} - m1(X_i))^2}{m}$
d_d_SHOW_descriptive_m3=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv m3 (momentul central de ordin 3) $m3(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^m (X_{i,j} - m1(X_i))^3}{m}$
d_d_SHOW_descriptive_m4=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv m4 (momentul central de ordin 4) $m4(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^m (X_{i,j} - m1(X_i))^4}{m}$
d_d_SHOW_descriptive_mx=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv mx (media pătratelor valorilor) $mx(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^m X_{i,j}^2}{m}$
d_d_SHOW_descriptive_my=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv my (media produselor cu valorile măsurate) $my(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^m X_{i,j} Y_j}{m}$
d_d_SHOW_descriptive_v0=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv v0 (varianța relativă la valorile absolute) $v0(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^m (X_{i,j} - m1(X_i))^2}{m0^2(X_i)}$
d_d_SHOW_descriptive_g1=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv g1 (asimetria observabilei)

		$g1(X_i) = \frac{m3(X_i)}{m2^{3/2}(X_i)}$
d_d_SHOW_descriptive_g2=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv g1 (excesul de boltire al observabilei) $g2(X_i) = \frac{m4(X_i)}{m2^2(X_i)}$
d_d_SHOW_descriptive_jb=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv jb (valoarea X^2 a testului Jarque-Bera) $jb(X_i) = \frac{g1^2(X_i) + g2^2(X_i)}{6}$
d_d_SHOW_descriptive_r1=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv r1 (coeficientul de corelație cu valorile măsurate) $r1(X_i) = r(X_i, Y)$ - ecuația (5)
d_d_SHOW_descriptive_r2=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire parametrul statistic descriptiv r1 (coeficientul de determinare cu valorile măsurate) $r2(X_i) = r^2(X_i, Y)$
d_f_SHOW_fitness_nalive=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție nalive
d_f_SHOW_fitness_r2_min=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție r2_min
d_f_SHOW_fitness_se_min=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție se_min
d_f_SHOW_fitness_Mt_min=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție Mt_min
d_f_SHOW_fitness_Hr_min=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție Hr_min
d_f_SHOW_fitness_r2_max=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție r2_max
d_f_SHOW_fitness_se_max=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție se_max
d_f_SHOW_fitness_Mt_max=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție Mt_max
d_f_SHOW_fitness_Hr_max=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție Hr_max
d_f_SHOW_fitness_r2_avg=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție r2_avg
d_f_SHOW_fitness_se_avg=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție se_avg
d_f_SHOW_fitness_Mt_avg=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție Mt_avg
d_f_SHOW_fitness_Hr_avg=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valoarea scorului de selecție Hr_avg
d_c_SHOW_configuration=	Yes/No	Dacă se generează fișier de ieșire conținând valorile parametrilor de

		configurație
d_m_SHOW_mols=	Yes/No	Dacă se scrie în fișierele de ieșire valorile descriptorilor pentru fiecare moleculă a setului de date
d_r_SHOW_regressions=	Yes/No	Dacă se generează fișier de ieșire conținând toate ecuațiile de regresie valide pentru fiecare generație
d_p_SHOW_phenotypes=	Yes/No	Dacă se scriu în fișierele de ieșire valorile corespunzătoare pentru fiecare fenotip/genotip din generație
d_s_SHOW_genotypes=	Yes/No	
d_t_SHOW_fittests=	Yes/No	Dacă se scriu în fișierele de ieșire valorile scorurilor de selecție
d_g_SHOW_generations=	Yes/No	Dacă se generează fișier de ieșire conținând generațiile unei evoluții
d_e_SHOW_evolution=	Yes/No	Dacă se generează fișier de ieșire conținând evoluțiile unei execuții
e0n_RUNS_number=	2	Numărul de execuții independente
b_k_RUNS_kepp_best_in_sample=	Yes/No	Dacă păstrează genotipurile fenotipurilor din cea mai bună regresie în eșantion
b_f_RUNS_get_best_from_file=	Yes/No	Dacă se preiau (parțial sau total) genotipurile primei generații din fișier de intrare ('c_galg.txt')

Tipul abstract de date `SAR_Fam` conține toate datele, procedurile și funcțiile necesare algoritmului genetic pentru evoluție și sunt redată în Algoritm 5.

Algoritm 5. Tipul abstract de date SAR_Fam: date și operații pentru regresii multiple pe familii de descriptori moleculari folosind algoritm genetic

Variabile	Semnificații
f :Text;	Pointer către fișier de intrare sau ieșire
d_n :S9;	Variabilă folosită la denumirea unui fișier de ieșire a unui număr aleatoriu pentru a face distincție între 2 execuții consecutive pe același set de molecule
g0s, g1s :S9;	Conțin valorile configurate în fișierul de configurare `c_galg.cgt` prin parametrii `Genes=` și `Addr=`
g2a :S0T;	Genele cromozomului sub formă de șir de șiruri de caractere
g3a :S0T;	Adresele materialului genetic sub formă de șir de șiruri de caractere
g4a :S0T;	Codul genetic sub formă de șir de șiruri de caractere
b_n :B_T;	Variabilă conținând o valoare de adevăr (nu are semnificație asociată)
d_m, d_r, d_p, d_s, d_g, d_e, d_c, d_t, g_r, b_p, b_o, sfr, sfr, sfr, vfr, vfr, vfr, sfo, sfo, sfo, b_k, b_f :B0T;	Valori de adevăr conținând opțiunile sub formă de valori numerice întregi între 0 și 255 citite din fișierul de configurare `c_galg.cga` - vezi Tabelul 45
x_b :BAT;	Șir de șiruri de valori de adevăr referind viabilitatea genotipurilor [0] și fenotipurilor asociate [1..6]
s0c :B2T;	Șir de șiruri de întregi reprezentând șirul codurilor genetice în eșantion
c0c :B2T;	Șir de șiruri de întregi reprezentând șirul codurilor genetice

	descendenți
$e_{0i}, e_{0n}: I_{0T};$	Numărul execuției independente și numărul total de execuții planificate
$e_{2i}: I_{0T};$	Ultima generație în care s-a produs evoluție
$gn_0, gn_1: I_{0T};$	Numărul de gene în cromozom (și numărul de gene minus 1)
$cn_0, cn_1, cn_2: I_{0T};$	Numărul de încrucișări într-o generație; $cn_1=cn_0-1$; $cn_2=2 \cdot cn_0-1$
$m_m: I_{0T};$	Numărul de gene supuse mutației într-o mutație
$sn_0, sn_1: I_{0T};$	Volumul eșantionului (numărul de genotipuri)
$sn_2, sn_3: I_{0T};$	Numărul de genotipuri viabile (într-un moment dat al execuției)
$pn_0, pn_1: I_{0T};$	Numărul de fenotipuri (de șase ori numărul de genotipuri); $pn_1=pn_0-1$
$pn_2, pn_3: I_{0T};$	Numărul de fenotipuri viabile (într-un moment dat al execuției)
$rn_0, rn_1, rnp: I_{0T};$	Ordinul de multiplicitate al regresiei; $rn_1=rn_0-1$; $rnp=rn_0+1$
$sdn: I_{0T};$	Numărul de scoruri de selecție distincte
$v_n: I_{0T};$	Număr de genotipuri viabile în supraviețuire
$vdn: I_{0T};$	Numărul de scoruri de supraviețuire distincte
$e_{1i}, e_{1n}: L_{0T};$	Numărul generației și numărul total de generații într-o execuție
$m_{0n}, m_{1n}: L_{0T};$	Numărul de molecule în setul investigat; $m_{1n}=m_{0n}-1$
$i_{0n}, i_{1n}: L_{0T};$	Numărul de descriptori în familie (volumul populației de descriptori)
$sfa: L_{0T};$	Număr folosit la rotunjirea scorurilor de selecție (cifre semnificative)
$t_{_0}, t_{_1}: R_{0T};$	Valorile Student t ale pragurilor la semnificație de 95% probabilitate de succes pentru regresia liniară multiplă după modelul ecuației (1) - $t_{_0}$ și ecuației (2) - $t_{_1}$; approximate cu funcția $ST_{t025}(df: I_{0T})$
$m_{2n}: R_{0T};$	Numărul de molecule în setul investigat (ca valoare reală); $n_{2n}=m_{0n}$
$a_v, a_{jb}, a_c: R_{0T};$	Valorile pentru adaptare preluate din fișierul `c_galg.cga`
$fr_2, fse: R_{0T};$	Valorile parametrului p din formula de scor de selecție pentru r_2 și se
$fMt, fHr: R_{0T};$	Valorile parametrului p din formula de scor de selecție pentru Mt și Hr
$mpp, mcp: R_{0T};$	Probabilitățile de mutație înainte (mpp) și după (mcp) încrucișare
$v_p, v_g: R_{0T};$	Valorile p din expresiile scorurilor de supraviețuire (fenotip, genotip)
$e_{0v}, e_{1v}: R_{0T};$	Valori din expresia de normalizare a scorului de selecție (min, max)
$g_{5a}, g_{6a}, g_{7a}: B_{1T};$	Șiruri pentru conversia genotip ↔ adresă
$d_f, d_d: B_{1T};$	Șiruri de valori de adevăr definind afișarea statisticilor descriptive și scorurilor de selecție
$r_{0o}, b_{0o}: B_{1T};$	Operatorii fenotipurilor implicate în regresia: curentă și cea mai bună
$p_{0o}: B_{1T};$	Adresele fenotipurilor din cultivar (legături către genotipuri)
$r_{0i}: I_{1T};$	Indicii fenotipurilor regresiei curente: $(0,1,2,...) \rightarrow (... , m-2, m-1, m)$
$r_{0p}, b_{0s}: I_{1T};$	Adresele fenotipurilor implicate în regresia: curentă și cea mai bună
$r_{0p}: I_{1T};$	Operatorii fenotipurilor din cultivar (legături către genotipuri)
$p_{0i}, s_{0i}: I_{1T};$	Scoruri de selecție pentru fenotipuri și genotipuri
$v_{1i}: I_{1T};$	Scoruri de supraviețuire pentru genotipuri
$g_{8a}: L_{1T};$	Șir auxiliar în conversia genotip ↔ adresă
$s_{0a}, c_{0a}: L_{1T};$	Adrese (absolute) ale genotipurilor din eșantion și ale descendenților
$f_{1f}, f_{1d}, f_{1c}: L_{1T};$ $v_{1f}, v_{1d}, v_{1c}: L_{1T};$	Scoruri de selecție și supraviețuire rotunjite; șirul valorilor lor distincte; numărul de valori identice pentru fiecare valoare distinctă
$f_{1r}: L_{1T};$	Șir suplimentar necesar în înlocuirea valorilor cu rangurile acestora
$f_{1s}, v_{2s}: L_{1T};$	Șirurile părinților din eșantion în procesul de selecție și supraviețuire
$y_v, y_d: R_{1T};$	Valori experimentale și statistica descriptivă a acestora
$r_b, r_t: R_{1T};$	Coeficienții din ecuația de regresie, valorile Student t asociate acestora
$r_{0r}: R_{1T};$	$(r_2, se, tr, Hr, df_r, me, df_t)$ pentru regresia curentă
$y_e, r_d: R_{1T};$	Valori experimentale și statistica descriptivă a acestora

<code>f0r, f0f, f0g:R1T;</code>	Scorurile de selecție pentru regresia, fenotipul și genotipul curente
<code>v0p, v0g:R1T;</code>	Scorurile de supraviețuire din similaritatea fenotipică și genotipică
<code>v0s, v1s:R1T;</code>	Scorurile de supraviețuire cumulate și valori distincte ale acestora
<code>x_v:R2T;</code>	Familia de descriptori moleculari
<code>r0a, r0c:R2T;</code>	Matricea sistemului de ecuații în regresia multiplă și inversa sa
<code>rmx:R2T;</code>	Valorile mediilor $M(X_i, X_j)$ între valorile fenotipice
<code>b_r:R2T;</code>	Memorează parametrii celei mai bune regresii (obiectivul algoritmului)
<code>f0s:R2T;</code>	Scorurile de selecție pentru fiecare genotip al eșantionului
<code>p0v, p0d, f0p:R3T;</code>	Valorile, statistica descriptivă, scoruri de selecție pentru fiecare fenotip
Operații	Descriere
<code>function ST_Out0 (z:R0T):B_T;</code>	Testează dacă un număr real se află sub limita inferioară (min_real) în vecinătatea lui 0
<code>function ST_Out1 (z:R0T):B_T;</code>	Testează dacă un număr real se află peste limita superioară (max_real)
<code>procedure ST0Aliv ;</code>	Obține valorile de adevăr ale viabilității fenotipurilor și genotipurilor familiei de descriptori moleculari
<code>function ST_XX (var x, y:R1T):R0T;</code>	Calculează media $M(X_i, X_j)$ a două fenotipuri
<code>function ST_t025 (df:I0T):R0T;</code>	Aproximează cu o formulă dublu exponențială Student t din numărul de grade de libertate
<code>procedure ST0Desc (var y, s:R1T);</code>	Calculează simultan 13 parametri de statistică descriptivă: m0, m1, m2, m3, m4, mx, my, v0, g1, g2, jb, r1, r2
<code>function ST_Desc (var y, s:R1T):B_T;</code>	Calculează cei 13 parametri de statistică descriptivă și obține răspuns cu privire la viabilitatea fenotipului
<code>procedure CF_Ge ;</code>	Citește codul genetic al familiei de descriptori moleculari din fișierul 'c_galg.cgt'
<code>procedure CF_Cu (var d:S0T);</code>	Citește configurația de execuție a programului evolutiv din fișierul 'c_galg.cga'
<code>procedure CF_Cd (s:S9; var x:S0T);</code>	Verifică consistența și prelucrează o linie de definiție ('Genes=' sau 'Addre=') din fișierul de definire a codului genetic
<code>procedure CF_Rs;</code>	Inițializează valorile de minim și maxim pentru funcția obiectiv asigurând astfel independența între execuțiile succesive ale algoritmului genetic
<code>function CF_St (s:S9):S3;</code>	Citește secvența de definire a unei gene din fișierul de definire a codului genetic
<code>function CF_Ar (s:S9; var l:C8):B0T;</code>	Citește o opțiune de tip șir de opțiuni (definite în Tabelul 42 și exemplificate în Tabelul 45) din fișierul de configurare a execuției programului evolutiv
<code>function CF_NY (s:S9):B0T;</code>	Citește o opțiune de tip Yes/No (menționate în Tabelul 45) din fișierul de configurare a execuției programului evolutiv
<code>function CF_In (s:S9):I0T;</code>	Citește o valoare întreagă din fișierul de configurare a execuției programului evolutiv
<code>function CF_Lo (s:S9):L0T;</code>	
<code>function CF_RT (s:S9):R0T;</code>	Citește o valoare reală din fișierul de configurare a execuției programului evolutiv
<code>procedure GC_GS (var g:B1T; var s:S3);</code>	Convertește cod genetic (secvență de numere) în șir de caractere
<code>procedure GC_SG (var s:S3; var g:B1T);</code>	Convertește șir de caractere în cod genetic (secvență de numere)

<code>procedure GC_PG (i:I0T);</code>	Convertește o adresă de genotip în cod genetic corespunzător
<code>procedure GC_GP (i:I0T);</code>	Convertește un cod genetic în adresa genotipului corespunzător
<code>procedure GC_Cr (l:I0T);</code>	Încrucișează al `l`-lea cu al `l+1`-lea genotip
<code>procedure GC_Mu (j:I0T);</code>	Mută al `j`-le genotip
<code>procedure GC_GG (var s,d:B1T);</code>	Copiază codul genetic al genotipului `s` în genotipul `d`
<code>procedure GC_CA;</code>	Calculează adresa unui genotip
<code>procedure RG_PH;</code>	Obține adresele și operatorii fenotipurilor selectate pentru regresia curentă
<code>function RG_do:B_T;</code>	Pentru toate combinațiile unice posibile de n (numărul de fenotipuri viabile în cultivar) câte p (ordinul de multiplicitate al regresiei multiple) încearcă obținerea unei regresii multiple cu coeficienți semnificativi statistic de tipul (eq.1); dacă rezultatul încercării eșuează datorită obținerii unui coeficient liber nesemnificativ statistic atunci încearcă obținerea unei regresii multiple cu coeficienți semnificativi statistic de tipul (eq.2)
<code>procedure RG_M0;</code>	<p>Construiește matricea sistemului ([a]), matricea coeficienților ([b]) și matricea unitate ([c]) în vederea obținerii soluției (în [b]) și matricei inverse (în [c]) pentru calculul semnificațiilor coeficienților (în [t]) pentru ecuația de regresie definită de (eq.1):</p> $b = \begin{pmatrix} M(Y) \\ M(X_1 Y) \\ \dots \\ M(X_n Y) \end{pmatrix} \quad a = \begin{pmatrix} 1 & M(X_1) & \dots & M(X_n) \\ M(X_1) & M(X_1 X_1) & \dots & M(X_1 X_n) \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ M(X_n) & M(X_n X_1) & \dots & M(X_n X_n) \end{pmatrix}$ $c = \begin{pmatrix} 1/m & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 1/m & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ 0 & 0 & \dots & 1/m \end{pmatrix}$
<code>procedure RG_M1;</code>	<p>Construiește matricea sistemului ([a]), matricea coeficienților ([b]) și matricea unitate ([c]) în vederea obținerii soluției (în [b]) și matricei inverse (în [c]) pentru calculul semnificațiilor coeficienților (în [t]) pentru ecuația de regresie definită de (eq.2):</p> $b = \begin{pmatrix} M(X_1 Y) \\ \dots \\ M(X_n Y) \end{pmatrix} \quad a = \begin{pmatrix} M(X_1 X_1) & \dots & M(X_1 X_n) \\ \dots & \dots & \dots \\ M(X_n X_1) & \dots & M(X_n X_n) \end{pmatrix}$ $c = \begin{pmatrix} 1/m & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots \\ 0 & \dots & 1/m \end{pmatrix}$
<code>function RG_G0:B_T;</code>	Aplică algoritmul de rezolvare Gauss pentru sistemul de (p+1) ecuații calculat de funcția RG_M0: [b][a][c] → [coef][I][c ⁻¹]
<code>function RG_G1:B_T;</code>	Aplică algoritmul de rezolvare Gauss pentru sistemul de (p) ecuații calculat de funcția RG_M1: [b][a][c] → [coef][I][c ⁻¹]

function RG_Es:B_T;	Calculează \hat{Y} după eq. (1) sau eq. (2) Calculează valorile Student t utilizând ecuațiile (20) și (21) Calculează r^2 , se, Mt și Hr																		
function RG_Ov:B_T;	Construiește combinațiile posibile a n elemente luate câte p (toate regresiiile posibile luate o singură dată cu fenotipuri din cultivar) după schema din exemplu: Fie următoarele fenotipuri viabile în cultivar: $\div X_8; X_{23}; X_{47}; X_{112}; X_{145}$ Acestea au indicii: $\div 8; 23; 47; 112; 145$ Iar indici de indici sunt în total de 5 (n=5 în ecuațiile de mai sus): $\div 1(8); 2(23); 3(47); 4(112); 5(145)$ Presupunând că se caută regresii multiple de ordin de multiplicitate 3 (p=3), combinațiile posibile de indici de indici sunt: <table border="1" data-bbox="794 674 1187 797"> <tr> <td>$\div 1; 2; 3$</td> <td>$\div 1; 3; 4$</td> <td>$\div 2; 3; 4$</td> </tr> <tr> <td>$\div 1; 2; 4$</td> <td>$\div 1; 3; 5$</td> <td>$\div 2; 3; 5$</td> </tr> <tr> <td>$\div 1; 2; 5$</td> <td>$\div 1; 4; 5$</td> <td>$\div 3; 4; 5$</td> </tr> </table> Indicii descriptorilor fiind: <table border="1" data-bbox="695 835 1283 958"> <tr> <td>$\div 8; 23; 47$</td> <td>$\div 8; 47; 112$</td> <td>$\div 23; 47; 112$</td> </tr> <tr> <td>$\div 8; 23; 112$</td> <td>$\div 8; 47; 145$</td> <td>$\div 23; 47; 145$</td> </tr> <tr> <td>$\div 8; 23; 145$</td> <td>$\div 8; 112; 145$</td> <td>$\div 47; 112; 145$</td> </tr> </table> Iar ecuațiile de regresie de căutat fiind: $\hat{Y}=a_0+a_1X_8+a_2X_{23}+a_3X_{47}; \hat{Y}=a_0X_8+a_1X_{23}+a_2X_{47};$ $\hat{Y}=a_0+a_1X_8+a_2X_{23}+a_3X_{112}; \hat{Y}=a_0X_8+a_1X_{23}+a_2X_{112};$ $\hat{Y}=a_0+a_1X_8+a_2X_{23}+a_3X_{145}; \hat{Y}=a_0X_8+a_1X_{23}+a_2X_{145};$ $\hat{Y}=a_0+a_1X_8+a_2X_{47}+a_3X_{112}; \hat{Y}=a_0X_8+a_1X_{47}+a_2X_{112};$ $\hat{Y}=a_0+a_1X_8+a_2X_{47}+a_3X_{145}; \hat{Y}=a_0X_8+a_1X_{47}+a_2X_{145};$ $\hat{Y}=a_0+a_1X_8+a_2X_{112}+a_3X_{145}; \hat{Y}=a_0X_8+a_1X_{112}+a_2X_{145};$ $\hat{Y}=a_0+a_1X_{23}+a_2X_{47}+a_3X_{112}; \hat{Y}=a_0X_{23}+a_1X_{47}+a_2X_{112};$ $\hat{Y}=a_0+a_1X_{23}+a_2X_{47}+a_3X_{145}; \hat{Y}=a_0X_{23}+a_1X_{47}+a_2X_{145};$ $\hat{Y}=a_0+a_1X_{47}+a_2X_{112}+a_3X_{145}; \hat{Y}=a_0X_{47}+a_1X_{112}+a_2X_{145};$	$\div 1; 2; 3$	$\div 1; 3; 4$	$\div 2; 3; 4$	$\div 1; 2; 4$	$\div 1; 3; 5$	$\div 2; 3; 5$	$\div 1; 2; 5$	$\div 1; 4; 5$	$\div 3; 4; 5$	$\div 8; 23; 47$	$\div 8; 47; 112$	$\div 23; 47; 112$	$\div 8; 23; 112$	$\div 8; 47; 145$	$\div 23; 47; 145$	$\div 8; 23; 145$	$\div 8; 112; 145$	$\div 47; 112; 145$
$\div 1; 2; 3$	$\div 1; 3; 4$	$\div 2; 3; 4$																	
$\div 1; 2; 4$	$\div 1; 3; 5$	$\div 2; 3; 5$																	
$\div 1; 2; 5$	$\div 1; 4; 5$	$\div 3; 4; 5$																	
$\div 8; 23; 47$	$\div 8; 47; 112$	$\div 23; 47; 112$																	
$\div 8; 23; 112$	$\div 8; 47; 145$	$\div 23; 47; 145$																	
$\div 8; 23; 145$	$\div 8; 112; 145$	$\div 47; 112; 145$																	
procedure SA_PIni (i:IOT);	Transformă genotipurile la fenotipuri în cultivar folosind operatorii de linearizare definiți (Tabelul 42 constanta 'col')																		
procedure SA_PAli ;	Numără fenotipurile viabile din cultivar																		
procedure SA_SAli ;	Numără genotipurile distincte asociate fenotipurilor viabile din cultivar																		
procedure SA_Frst ;	Construiește prima generație de genotipuri (primul eșantion al populației de descriptori moleculari) folosind selecția întâmplătoare eventual (dacă este impus în fișierul de configurare) impunând viabilitatea genotipurilor și eventual (dacă este impus în fișierul de configurare) impunând un set de genotipuri (preluate din fișier)																		
procedure SA_Next ;	Construiește noua generație astfel: \div mută părinți cu probabilitatea definită în fișierul de configurare \div încrucișează perechi de părinți în număr definit în fișierul de configurare \div mută fii cu probabilitatea definită în fișierul de configurare \div numără descendenții adaptați \div înlocuiește părinți cu descendenți folosind metoda de supraviețuire definită în fișierul de configurare																		
procedure SL_SV (l:BOT;var i:BOT);	Înlocuiește părinți selectați de metoda de supraviețuire cu descendenți																		

	viabili rezultați în urma procesului de selecție, încrucișare și mutație
<code>procedure SL_Fit</code> ;	<ul style="list-style-type: none"> ÷ Calculează scorul de selecție al genotipurilor ÷ Normalizează scorurile (dacă e activată normalizarea în fișierul de configurare) ÷ Rotunjește valorile la numărul definit (în fișierul de configurare) de cifre semnificative ÷ Construiește rangurile și înlocuiește valorile cu ranguri (dacă sunt activate rangurile în fișierul de configurare) ÷ Sortează valorile
<code>procedure SL_Pro</code> ; <code>procedure SL_Det</code> ; (partea comună)	<p>Date de intrare:</p> <ul style="list-style-type: none"> ÷ <i>FS_Array</i> - Șirul scorurilor de selecție; ÷ <i>N_Sel</i> - Număr de selecții (dublul numărului de perechi de încrucișat); <p>Algoritm (Construcția claselor de frecvențe):</p> <ul style="list-style-type: none"> ÷ Pune valorile distincte din <i>FS_Array</i> în <i>FSD_Array</i>; ÷ Pune numărul de apariții ale valorilor din <i>FS_Array</i> în <i>FSC_Array</i>; ÷ Sortează ascendent după <i>FSD_Array</i> ambele <i>FSD_Array</i> și <i>FSC_Array</i>; ÷ Partea distinctă (vezi mai jos) <p>Date de ieșire:</p> <ul style="list-style-type: none"> ÷ Genotipurile selectate în variabila <i>Selected Genotypes Array</i>
<code>procedure SL_Pro</code> ;	<p>Face selecția proporțională după scorurile de selecție astfel:</p> <ul style="list-style-type: none"> ÷ Atribuie <i>Empty</i> la <i>Selected_Genotypes_Array</i> (→) ÷ Pentru fiecare selecție de la 1 la <i>N_Sel</i>: <ul style="list-style-type: none"> ○ Calculează suma scorurilor de selecție pentru genotipurile care nu au fost selectate încă → <i>FS_Sum</i> ○ Generează întâmplător (distribuție uniformă) un număr între 0 și <i>FS_Sum</i> (inclusiv) și → <i>FS_Freq</i> ○ Găsește primul indice <i>Group</i> din <i>FSD_Array</i> pentru care $FS_Freq \leq \sum_{i \leq Group} FSD_Array[i] * FSC_Array[i]$ ○ Generează un număr întâmplător (distribuție uniformă) între 1 și <i>FSC_Array[i]</i> și → <i>FSD_Next</i> ○ Pune valoarea <i>FSD_Array[Group]</i> situată pe poziția <i>FSD_Next</i> în <i>FS_Array</i> dintre cele care nu au fost selectate încă → <i>Selected_Genotypes_Array</i> ○ Scade o unitate din <i>FSC_Array[Group]</i> corespunzătoare valorii selectate
<code>procedure SL_Det</code> ;	<p>Face selecția deterministă după scorurile de selecție astfel:</p> <ul style="list-style-type: none"> ÷ Atribuie <i>Empty</i> la <i>Selected_Genotypes_Array</i> (→) ÷ Zero → <i>Already_Selected</i> ÷ Volumul eșantionului → <i>Group</i> (are cea mai mare valoare de selecție în <i>FSD_Array</i>) ÷ Cât timp $Already_Selected + FSC_Array[Group] \leq N_Sel$ <ul style="list-style-type: none"> ○ Pune indicii valorilor din <i>FS_Array</i> egale cu <i>FSD_Array[Group]</i> în <i>Selected_Genotypes_Array</i> ○ Scade o unitate din <i>Group</i> ÷ Cât timp $Already_Selected \leq N_Sel$ (nu mai mult de <i>FSC[Group]</i> selecții sunt făcute aici; toate genotipurile au același scor de selecție) <ul style="list-style-type: none"> ○ Generează un număr întâmplător (distribuție uniformă) între 1 și <i>FSC_Array[i]</i> și → <i>FSD_Next</i> ○ Pune valoarea <i>FSD_Array[Group]</i> situată pe poziția <i>FSD_Next</i>

	<p>în FS_Array dintre cele care nu au fost selectate încă \rightarrow $Selected_Genotypes_Array$</p> <ul style="list-style-type: none"> o Scade o unitate din $FSC_Array[Group]$ corespunzătoare valorii selectate 																																																																								
<p>procedure SL_Tur ;</p>	<p>Face selecția turnir după scorurile de selecție astfel (unde N_Gen numărul de genotipuri viabile în eșantion):</p> <ul style="list-style-type: none"> ÷ Generează o permutare întâmplătoare (distribuție uniformă) a mulțimii $\{1..N_Gen\}$ în $Selected_Genotypes_Array$ ÷ Pentru fiecare selecție i_Sel de la 2 la N_Sel (concorează în turnir primele N_Sel elemente ale permutării) <ul style="list-style-type: none"> o Dacă $FS_Array[i_Sel] \leq FS_Array[i_Sel-1]$ atunci <ul style="list-style-type: none"> ▪ Dacă $FS_Array[i_Sel] = FS_Array[i_Sel-1]$ atunci dacă generarea unui număr întâmplător (distribuție uniformă) între 0 și 1 duce la 0 atunci continuă secvența Pentru; ▪ Schimbă între ele valorile de pe pozițiile i_Sel și i_Sel-1 ÷ Dacă $N_Sel < N_Gen$ atunci (ultimul element al selecției nu a participat la nici un turnir și mai sunt elemente cu care să concureze) <ul style="list-style-type: none"> o Generează un număr întreg întâmplător (distribuție uniformă) i_Sel între N_Sel+1 și N_Gen; o Dacă $FS_Array[N_Sel] \leq FS_Array[i_Sel]$ atunci <ul style="list-style-type: none"> ▪ Dacă $FS_Array[N_Sel] = FS_Array[i_Sel]$ atunci dacă generarea unui număr întâmplător (distribuție uniformă) între 0 și 1 duce la 0 atunci abandonează; ▪ Schimbă între ele valorile de pe pozițiile i_Sel și N_Sel 																																																																								
<p>procedure SL_Rnk ;</p>	<p>Înlocuiește valorile scorurilor de selecție cu rangurile acestora exprimate ca dublu al valorii rangurilor în expresia definită la coeficientul de corelație Spearman minus primul rang plus unu ca în următoarele exemple:</p> <table border="1" style="margin-left: 40px;"> <thead> <tr> <th colspan="6">Exemplul 1</th> </tr> <tr> <th>Fenotipuri</th> <th>X₁</th> <th>X₂</th> <th>X₃</th> <th>X₄</th> <th>X₅</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Scoruri</td> <td>22.3</td> <td>11.6</td> <td>11.6</td> <td>22.3</td> <td>9.8</td> </tr> <tr> <td>Spearman</td> <td>4.5</td> <td>2.5</td> <td>2.5</td> <td>4.5</td> <td>1</td> </tr> <tr> <td>2*Spearman</td> <td>9</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>9</td> <td>2</td> </tr> <tr> <td>Ranguri</td> <td>8</td> <td>4</td> <td>4</td> <td>8</td> <td>1</td> </tr> </tbody> </table> <table border="1" style="margin-left: 40px;"> <thead> <tr> <th colspan="6">Exemplul 2</th> </tr> <tr> <th>Fenotipuri</th> <th>X₁</th> <th>X₂</th> <th>X₃</th> <th>X₄</th> <th>X₅</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Scoruri</td> <td>22.3</td> <td>11.6</td> <td>11.6</td> <td>9.8</td> <td>9.8</td> </tr> <tr> <td>Spearman</td> <td>5</td> <td>3.5</td> <td>3.5</td> <td>1.5</td> <td>1.5</td> </tr> <tr> <td>2*Spearman</td> <td>10</td> <td>7</td> <td>7</td> <td>3</td> <td>3</td> </tr> <tr> <td>Ranguri</td> <td>8</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>1</td> <td>1</td> </tr> </tbody> </table>	Exemplul 1						Fenotipuri	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅	Scoruri	22.3	11.6	11.6	22.3	9.8	Spearman	4.5	2.5	2.5	4.5	1	2*Spearman	9	5	5	9	2	Ranguri	8	4	4	8	1	Exemplul 2						Fenotipuri	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅	Scoruri	22.3	11.6	11.6	9.8	9.8	Spearman	5	3.5	3.5	1.5	1.5	2*Spearman	10	7	7	3	3	Ranguri	8	5	5	1	1
Exemplul 1																																																																									
Fenotipuri	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅																																																																				
Scoruri	22.3	11.6	11.6	22.3	9.8																																																																				
Spearman	4.5	2.5	2.5	4.5	1																																																																				
2*Spearman	9	5	5	9	2																																																																				
Ranguri	8	4	4	8	1																																																																				
Exemplul 2																																																																									
Fenotipuri	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅																																																																				
Scoruri	22.3	11.6	11.6	9.8	9.8																																																																				
Spearman	5	3.5	3.5	1.5	1.5																																																																				
2*Spearman	10	7	7	3	3																																																																				
Ranguri	8	5	5	1	1																																																																				
<p>procedure SL_Mak ;</p>	<p>În funcție de opțiunea definită în fișierul de configurare <code>c_galg.cga`</code> pentru metoda de selecție aplică una dintre selecția proporțională, selecția deterministă și selecția turnir</p>																																																																								

<pre> procedure SL_QSr (i, j: IOT); procedure SL_SrQ (l, r: IOT); și respectiv procedure SV_QSr (i, j: IOT); procedure SV_SrQ (l, r: IOT); </pre>	<p>Sortează folosind algoritmul QuickSort [1,2] un șir de numere (necesitând $2 \cdot \lceil \log_2(n) \rceil$ încrucișări) ca în următorul exemplu:</p> <table border="1" style="margin-left: auto; margin-right: auto;"> <thead> <tr> <th>Poziții</th> <th>0</th> <th>1</th> <th>2</th> <th>3</th> <th>4</th> <th>5</th> <th>6</th> <th>7</th> <th>8</th> <th>9</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Șir inițial</td> <td>3</td> <td>1</td> <td>4</td> <td>1</td> <td>5</td> <td>9</td> <td>2</td> <td>6</td> <td>5</td> <td>5</td> </tr> <tr> <td>Încrucișare</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>Pasul 1</td> <td>3</td> <td>1</td> <td>4</td> <td>1</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>2</td> <td>6</td> <td>9</td> <td>5</td> </tr> <tr> <td>Încrucișare</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>Pasul 2</td> <td>1</td> <td>1</td> <td>4</td> <td>3</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>2</td> <td>6</td> <td>9</td> <td>5</td> </tr> <tr> <td>Încrucișare</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>Pasul 3</td> <td>1</td> <td>1</td> <td>4</td> <td>3</td> <td>2</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>6</td> <td>9</td> <td>5</td> </tr> <tr> <td>Încrucișare</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>Pasul 4</td> <td>1</td> <td>1</td> <td>2</td> <td>3</td> <td>4</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>6</td> <td>9</td> <td>5</td> </tr> <tr> <td>Încrucișare</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>Pasul 5</td> <td>1</td> <td>1</td> <td>2</td> <td>3</td> <td>4</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>6</td> <td>5</td> <td>9</td> </tr> <tr> <td>Încrucișare</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>Pasul 6</td> <td>1</td> <td>1</td> <td>2</td> <td>3</td> <td>4</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>6</td> <td>9</td> </tr> <tr> <td>Șir ordonat</td> <td>1</td> <td>1</td> <td>2</td> <td>3</td> <td>4</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>6</td> <td>9</td> </tr> </tbody> </table>	Poziții	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	Șir inițial	3	1	4	1	5	9	2	6	5	5	Încrucișare											Pasul 1	3	1	4	1	5	5	2	6	9	5	Încrucișare											Pasul 2	1	1	4	3	5	5	2	6	9	5	Încrucișare											Pasul 3	1	1	4	3	2	5	5	6	9	5	Încrucișare											Pasul 4	1	1	2	3	4	5	5	6	9	5	Încrucișare											Pasul 5	1	1	2	3	4	5	5	6	5	9	Încrucișare											Pasul 6	1	1	2	3	4	5	5	5	6	9	Șir ordonat	1	1	2	3	4	5	5	5	6	9
Poziții	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9																																																																																																																																																												
Șir inițial	3	1	4	1	5	9	2	6	5	5																																																																																																																																																												
Încrucișare																																																																																																																																																																						
Pasul 1	3	1	4	1	5	5	2	6	9	5																																																																																																																																																												
Încrucișare																																																																																																																																																																						
Pasul 2	1	1	4	3	5	5	2	6	9	5																																																																																																																																																												
Încrucișare																																																																																																																																																																						
Pasul 3	1	1	4	3	2	5	5	6	9	5																																																																																																																																																												
Încrucișare																																																																																																																																																																						
Pasul 4	1	1	2	3	4	5	5	6	9	5																																																																																																																																																												
Încrucișare																																																																																																																																																																						
Pasul 5	1	1	2	3	4	5	5	6	5	9																																																																																																																																																												
Încrucișare																																																																																																																																																																						
Pasul 6	1	1	2	3	4	5	5	5	6	9																																																																																																																																																												
Șir ordonat	1	1	2	3	4	5	5	5	6	9																																																																																																																																																												
<pre> function SV_MGe (i, j: IOT): ROT; </pre>	<p>Calculează similaritatea genotipică (a două genotipuri) cu formula $SG(X_i, X_j) = (g_dif(X_i, X_j) / g_tot)^p$ unde $g_dif(X_i, X_j)$ = numărul de gene care au valori diferite în X_i vs. X_j, g_tot = numărul total de gene din cromozom, p = parametrul similarității genotipice definit în fișierul de configurare `c_galg.cga`</p>																																																																																																																																																																					
<pre> function SV_MPh (i, j: IOT): ROT; </pre>	<p>Calculează similaritatea fenotipică (a două fenotipuri) cu formula $SP(X_i, X_j) = (fit(X_1) - fit(X_2))^p$ unde $fit(X_1)$ = scorul relativ (subunitar) de selecție al primului fenotip, $fit(X_2)$ = scorul relativ (subunitar) de selecție al celui de-al doilea fenotip, p = parametrul similarității fenotipice definit în fișierul de configurare `c_galg.cga`</p>																																																																																																																																																																					
<pre> procedure SV_Fit ; </pre>	<ul style="list-style-type: none"> ÷ Calculează scorul de similaritate genotipică (SSG) și scorul de similaritate fenotipică (SSP) folosind formulele: $SSG(X_i) = \min_{j \neq i} (SG(X_i, X_j)); \quad SSP(X_i) = \min_{j \neq i} (SP(X_i, X_j))$ ÷ Calculează scorul de supraviețuire (diversitate) cu formula: $SS(X_i) = \frac{2}{SSG(X_i) + SSP(X_i)}$ ÷ Normalizează valorile (relativ la minimul și maximul obținut în generațiile anterioare) dacă opțiunea de normalizare a fost activată în fișierul de configurare ÷ Rotunjește valorile la precizia definită în fișierul de configurare ÷ Înlocuiește valorile cu ranguri dacă opțiunea ranguri a fost activată în fișierul de configurare ÷ Sortează valorile 																																																																																																																																																																					
<pre> procedure SV_Pro ; procedure SV_Det ; </pre>	<p>Date de intrare:</p> <ul style="list-style-type: none"> ÷ <i>FV_Array</i> - Șirul scorurilor de supraviețuire; ÷ <i>N_Srv</i> - Număr de selecții (numărul de descendenți viabili); 																																																																																																																																																																					

[1] (Sir) Charles A. R. HOARE. 1962. Quicksort. Computer Journal 5(1):10-15.

[2] http://en.wikipedia.org/wiki/File:Sorting_quicksort_anim.gif

(partea comună)	<p>Algoritm (Construcția claselor de frecvențe):</p> <ul style="list-style-type: none"> ÷ Pune valorile distincte din <i>FV_Array</i> în <i>FVD_Array</i>; ÷ Pune numărul de apariții ale valorilor din <i>FV_Array</i> în <i>FVC_Array</i>; ÷ Sortează ascendent după <i>FVD_Array</i> ambele <i>FVD_Array</i> și <i>FVC_Array</i>; ÷ Partea distinctă (vezi mai jos) <p>Date de ieșire:</p> <ul style="list-style-type: none"> ÷ Genotipurile selectate în variabila <i>Ceased Genotypes Array</i>
procedure SV_Pro ;	<i>SV_Pro</i> idem cu <i>SL_Pro</i> pentru <i>FV_Array</i> , <i>N_Srv</i> , <i>FVD_Array</i> , <i>FVC_Array</i> și <i>Ceased_Genotypes_Array</i> în loc de <i>FS_Array</i> , <i>N_Sel</i> , <i>FSD_Array</i> , <i>FSC_Array</i> și <i>Selected_Genotypes_Array</i>
procedure SV_Det ;	<i>SV_Det</i> idem cu <i>SL_Det</i> pentru <i>FV_Array</i> , <i>N_Srv</i> , <i>FVD_Array</i> , <i>FVC_Array</i> și <i>Ceased_Genotypes_Array</i> în loc de <i>FS_Array</i> , <i>N_Sel</i> , <i>FSD_Array</i> , <i>FSC_Array</i> și <i>Selected_Genotypes_Array</i>
procedure SV_Tur ;	<i>SV_Tur</i> idem cu <i>SL_Tur</i> pentru <i>FV_Array</i> , <i>N_Srv</i> și <i>Ceased_Genotypes_Array</i> în loc de <i>FS_Array</i> , <i>N_Sel</i> și <i>Selected_Genotypes_Array</i>
procedure SV_Rnk ;	Înlocuiește valorile scorurilor de selecție cu rangurile acestora; <i>SV_Rnk</i> idem cu <i>SL_Rnk</i> pentru <i>FV_Array</i> și <i>N_Srv</i> în loc de <i>FS_Array</i> , <i>N_Sel</i>
procedure SV_Mak ;	În funcție de opțiunea definită în fișierul de configurare `c_galg.cga` pentru metoda de supraviețuire aplică una dintre supraviețuirea proporțională, supraviețuirea deterministă și supraviețuirea în turnir
procedure FT_Ini (var x:R1T);	Inițializează scorurile de selecție ale unui individ (din șirul de evoluții, din șirul de generații, din șirul de genotipuri, din șirul de fenotipuri, din șirul de fenotipuri în regresie) cu valori limită (<i>XX_min</i> - unde <i>XX</i> una dintre <i>r2</i> , <i>se</i> , <i>Mt</i> sau <i>Hr</i> - cu <i>max_real</i> ; <i>XX_max</i> cu <i>min_real</i> și respectiv <i>XX_avg</i> cu 0)
procedure FT_Set (var s,d:R1T);	Aplică operatorii minim (pentru <i>XX_min</i>), maxim (pentru <i>XX_max</i>) și sumă (pentru <i>XX_avg</i>) pentru doi indivizi cumulând numărul de indivizi
procedure FT_Avg (var x:R1T);	Împarte suma (pentru <i>XX_avg</i>) la numărul de indivizi
procedure FT_Sav;	Salvează în variabilele <i>b_r</i> , <i>b0o</i> și <i>b0s</i> parametrii celei mai bune regresii (celui mai bun obiectiv) adică: <ul style="list-style-type: none"> ÷ <i>b_r[0]</i>=(<i>r2</i>, <i>se</i>, <i>Mt</i>, <i>Hr</i>, <i>df_r</i>, <i>me</i>, <i>df_t</i>) <ul style="list-style-type: none"> ○ <i>r2</i> - coeficientul de determinare $r^2(Y, \hat{Y})$ ○ <i>se</i> - suma pătratelor erorilor de explicare $\Sigma(Y - \hat{Y})^2$ ○ <i>Mt</i> - media Minkowski a semnificațiilor date de parametrii Student t ai regresiei ○ <i>df_r</i> - numărul de grade de libertate ai modelului (regresiei) - `p+1` pentru ecuația (1) și `p` pentru ecuația (2) ○ <i>me</i> - eroarea medie de explicare (<i>se/df_t</i>) ○ <i>df_t</i> - gradele de libertate ale observabilei (<i>m-df_r</i>) ÷ <i>b_r[1]</i>=(<i>m0</i>, <i>m1</i>, <i>m2</i>, <i>m3</i>, <i>m4</i>, <i>mx</i>, <i>my</i>, <i>v0</i>, <i>g1</i>, <i>g2</i>, <i>jb</i>, <i>ox</i>, <i>r2</i>) <ul style="list-style-type: none"> ○ <i>m0</i>, <i>m1</i>, <i>m2</i>, <i>m3</i>, <i>m4</i>, <i>mx</i>, <i>my</i>, <i>v0</i>, <i>g1</i>, <i>g2</i>, <i>jb</i>, și <i>r2</i> cu semnificațiile definite în Tabelul 45; <i>ox</i> = 1 (<i>ox</i> = 0 semnifică că regresia nu are toți parametrii semnificativi statistic sau sistemul de ecuații asociat nu admite soluție unică; <i>ox</i> = 0 nu poate fi salvată drept soluție care satisface obiectivul evoluției) ÷ <i>b_r[2]</i>=(<i>n_aliv</i>, <i>r2_min</i>, <i>se_min</i>, <i>Mt_min</i>, <i>Hr_min</i>, <i>r2_max</i>, <i>se_max</i>, <i>Mt_max</i>, <i>Hr_max</i>, <i>r2_avg</i>, <i>se_avg</i>, <i>Mt_avg</i>, <i>Hr_avg</i>)

	<p>o valorile referă regresia și sunt degenerate astfel:</p> <ul style="list-style-type: none"> ▪ $n_{aliv} = 1$ ▪ $XX_{min} = XX_{max} = XX_{avg} = XX$ ($XX = r^2, se, Mt, Hr$) <p>÷ $b_r[3] = (\text{coef}(0), \text{coef}(X_1), \dots, \text{coef}(X_p))$ - ecuația (1) sau (2)</p> <p>o $\text{coef}(0) = 0.000$ pentru ecuația (2)</p> <p>÷ $b_r[4] = (t(0), t(X_1), \dots, t(X_p))$ - ecuația (20) și (21)</p> <p>o $t(0) = 0.000$ pentru ecuația (2)</p> <p>÷ b_0o = Șirul operatorilor de linearizare care au condus la transformarea genotipurilor în fenotipurile X_1, \dots, X_p</p> <p>÷ b_0p = Șirul adreselor genotipurilor transformate în fenotipurile X_1, \dots, X_p</p>
function FT_r2 :ROT;	Calculează scorul de selecție după formula ($p = fr2$ Tabelul 45): $FT_r2(Y, \hat{Y}) = (r^2(Y, \hat{Y}))^p$
function FT_se :ROT;	Calculează scorul de selecție după formula ($p = fse$ Tabelul 45): $FT_se(Y, \hat{Y}) = \sum Y - \hat{Y} ^p$
function FT_Mt :ROT;	Calculează scorul de selecție după formula ($p = fMt$ Tabelul 45): $FT_Mt(Y, \hat{Y}) = \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n t^p(X_i) \right)^{1/p}$
function FT_Hr :ROT;	Calculează scorul de selecție după formula ($p = fHr$ Tabelul 45): $FT_Hr(Y, \hat{Y}) = \frac{\log_2(r^{2p} + (1 - r^2)^p)}{1 - p}$
procedure FT_RG ;	Calculează parametrii $\{r2p, sep, Mtp, Hrp\}$ pentru o regresie și aplică operatorii $\{\min, \max, \text{sum}\}$ pentru a obține parametrii $\{n_{aliv}, r2_{min}, se_{min}, Mt_{min}, Hr_{min}, r2_{max}, se_{max}, Mt_{max}, Hr_{max}, r2_{avg}, se_{avg}, Mt_{avg}, Hr_{avg}\}$ pentru o regresie
procedure FT_PH ;	<p>÷ Obține șirul fenotipurilor viabile din cultivar</p> <p>÷ Efectuează toate regresiile posibile și cumulează scoruri de selecție pentru fenotipuri</p> <p>÷ Cumulează scoruri de selecție pentru genotipuri</p> <p>÷ Cumulează scoruri de selecție pentru generație</p>
procedure FT_SA ;	Transformă scorurile de selecție cumulate pentru genotipuri în valori medii (pentru scorurile de tipul XX_{avg})
procedure D0 ;	Creează (inițializează) acele fișierele de ieșire pentru rezultate care au fost definite în fișierul de configurare
procedure DRY ;	Scrie într-un fișier de ieșire (dacă opțiunea d_r este activată în fișierul de configurare) o linie de informații pentru valorile măsurate conținând informațiile activate pentru afișare în fișierul de configurare
procedure DR1 ;	Scrie în fișierul de ieșire (dacă opțiunea d_r este activată în fișierul de configurare) o linie de informații pentru o ecuație de regresie conținând informațiile activate pentru afișare în fișierul de configurare
procedure DPSG ;	Scrie în fișierele de ieșire informațiile (activate pentru afișare în fișierul de configurare) corespunzător fenotipurilor și genotipurilor unei generații și respectiv informația cumulată caracterizând generația
procedure DE1 ;	Scrie în fișierul de ieșire pentru evoluții (dacă opțiunea d_e este activată în fișierul de configurare) o linie de informații pentru valorile măsurate conținând informațiile activate pentru afișare în fișierul de configurare
procedure DF1 ;	Scrie în fișierul de ieșire (dacă opțiunea d_f este activată în fișierul de configurare) linii de informații conținând genotipurile cu scorurile de selecție și supraviețuire înainte de aplicarea mutației și încrucișării

<code>procedure DF2</code> ;	Scrie în fișierul de ieșire (dacă opțiunea <code>d_f</code> este activată în fișierul de configurare) linii de informații conținând genotipurile cu scorurile de selecție și supraviețuire după de aplicarea mutației și încrucișării
<code>procedure DC0</code> (<code>var d:SOT</code>) ;	Scrie în fișierul de ieșire starea tuturor parametrilor de configurare definiți (în fișierele de configurare) la lansarea în execuție a programului evolutiv
<code>procedure DC1</code> (<code>s:S9</code>) ;	Produce un mesaj de panică cu privire la starea cultivarului dacă în timpul evoluției conținutul acestuia se sărăcește în asemenea măsură încât nu mai există suficiente fenotipuri viabile pentru a construi o ecuație de regresie; în acest caz se re-inițializează cultivarul reconstruind prima sa generație (procedura <i>SA Frst</i>)
<code>procedure DC2</code> ;	Scrie o linie de informații în fișierul de ieșire ce caracterizează funcția obiectiv la sfârșitul unei execuții independente a algoritmului genetic