

Politechnika Łódzka
Katedra Informatyki Stosowanej

Algorytmy genetyczne

Wykład 2

Przygotował i prowadzi:
Dr inż. Piotr Urbanek

Powtórzenie

Pytania:

Jaki mechanizm jest stosowany w naturze do takiego modyfikowania materiału genetycznego nowych osobników, aby byli oni lepiej przystosowani do warunków życia (środowiska) niż ich rodzice?

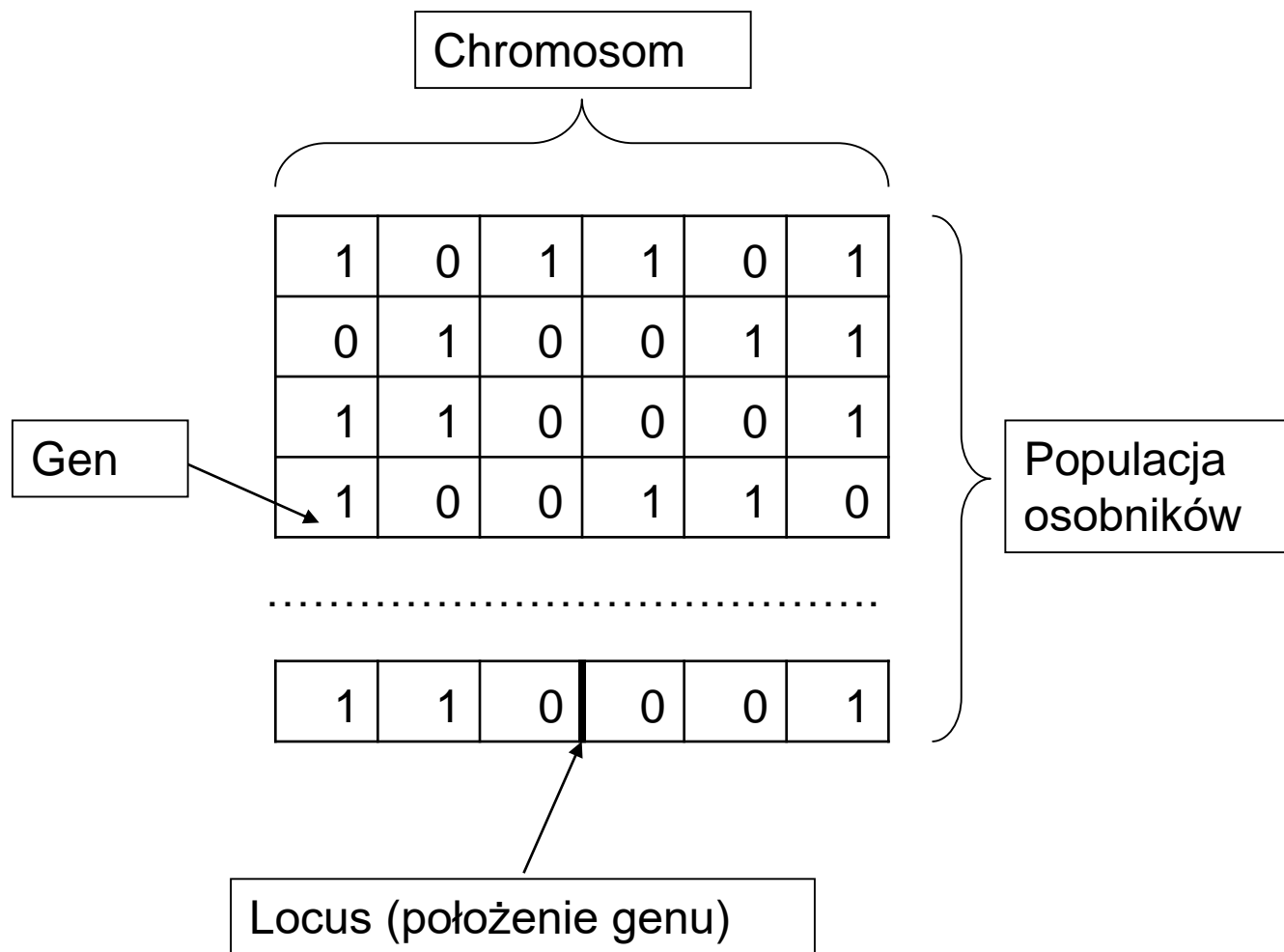
Czy mechanizm ten można opisać za pomocą znanych nam symboli (opis słowny, algorytm matematyczny)?

Czy algorytm taki da się zastosować do optymalizacji zagadnień naukowych, inżynierskich lub innych?

Powtórzenie: różnice pomiędzy AE a tradycyjnymi metodami optymalizacji.

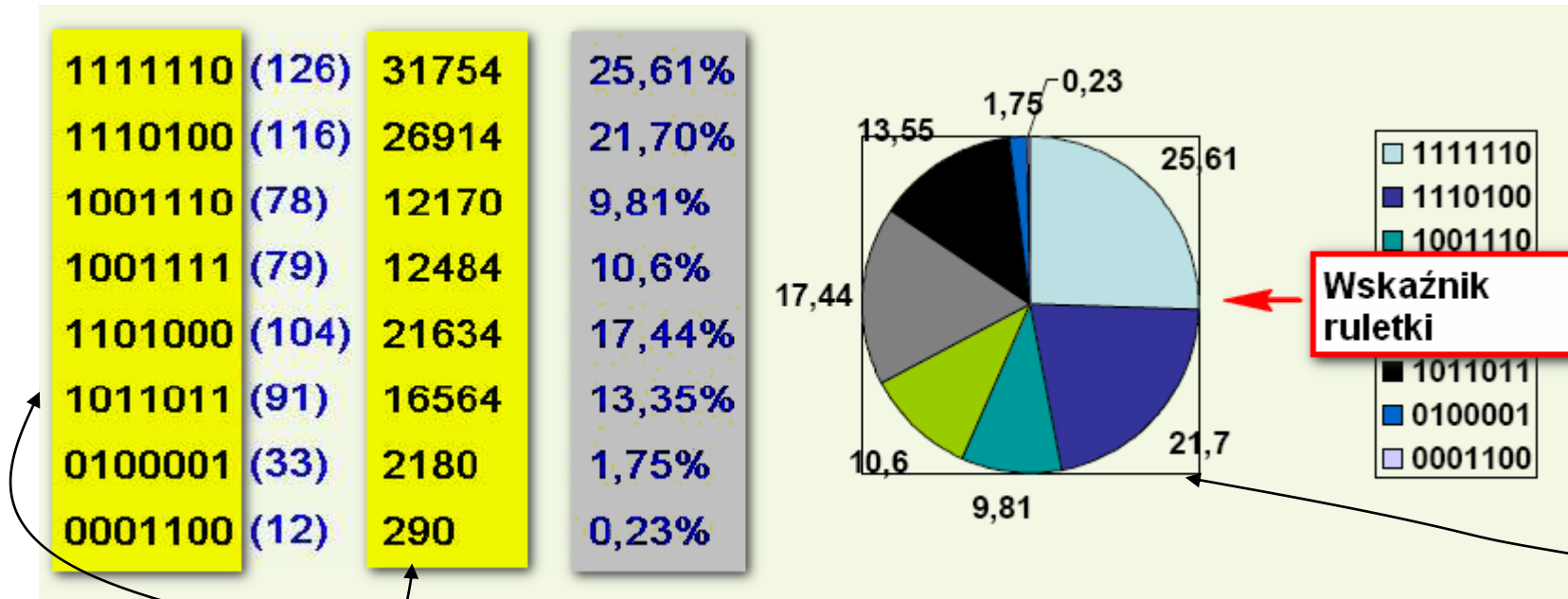
- 1. AE nie przetwarzają bezpośrednio parametrów zadania, lecz ich zakodowaną postać,*
- 2. AE prowadzą poszukiwanie ekstremum funkcji zaczynając nie od pojedynczego punktu, lecz ich pewnej populacji.*
- 3. AE korzystają tylko z funkcji celu, nie zaś z jej pochodnych, lub innych informacji.*
- 4. AE stosują probabilistyczne, a nie deterministyczne reguły wyboru.*

Powtórzenie: kilka definicji



Powtórzenie: Operatory algorytmu genetycznego

1. Selekcja – np. koło ruletki



Elementy algorytmu:

1. Wybór (losowy) populacji początkowej
2. Ocena przystosowania
3. Selekcja chromosomów
4. Krzyżowanie
5. Mutacja

Powtórzenie: Operatory algorytmu genetycznego

Krzyżowanie.

punkt krzyżowania
(locus)

A1=	0	1	1	0	1
A2=	1	1	0	0	0

Ciągi skrzowane

A1'=	0	1	1	0	0
A2'=	1	1	0	0	1

Elementy algorytmu:

1. Wybór (losowy) populacji początkowej
2. Ocena przystosowania
3. Selekcja chromosomów
4. **Krzyżowanie**
5. Mutacja

Chromosomy w sposób losowy kojarzone są w pary. Każda para przechodzi krzyżowanie, tworząc chromosomy zwane potomkami

Krzyżowanie par:

1. Wybierany jest losowo punkt krzyżowania (locus)
2. Następuje wymiana odpowiednich części łańcucha między rodzicami

Powtórzenie: Operatory algorytmu genetycznego

Mutacja.

Wystąpienie mutacji



Elementy algorytmu:

1. Wybór (losowy) populacji początkowej
2. Ocena przystosowania
3. Selekcja chromosomów
4. Krzyżowanie
5. **Mutacja**

Celem mutacji jest wprowadzenie różnorodności populacji.

Występuje zwykle z bardzo małym prawdopodobieństwem (0,01).

Przykład obliczeniowy

Znaleźć maksimum funkcji $y=2x+1$, dla $x \in \langle 0;31 \rangle$. Zbiór $\langle 0;31 \rangle$ stanowi przestrzeń poszukiwań. Założyć prawdopodobieństwo krzyżowania $p_k=0,75$, a prawdopodobieństwo mutacji $p_m=0,02$.

Losujemy cztery osobniki:

ch1=[00110]	ch1 _(d) =6
ch2=[00101]	ch2 _(d) =5
ch3=[01101]	ch3 _(d) =13
ch4=[10101]	ch4 _(d) =21

Obliczamy przystosowanie za pomocą optymalizowanej funkcji.

$$F(\text{ch1})=2*\text{ch1}+1=13$$

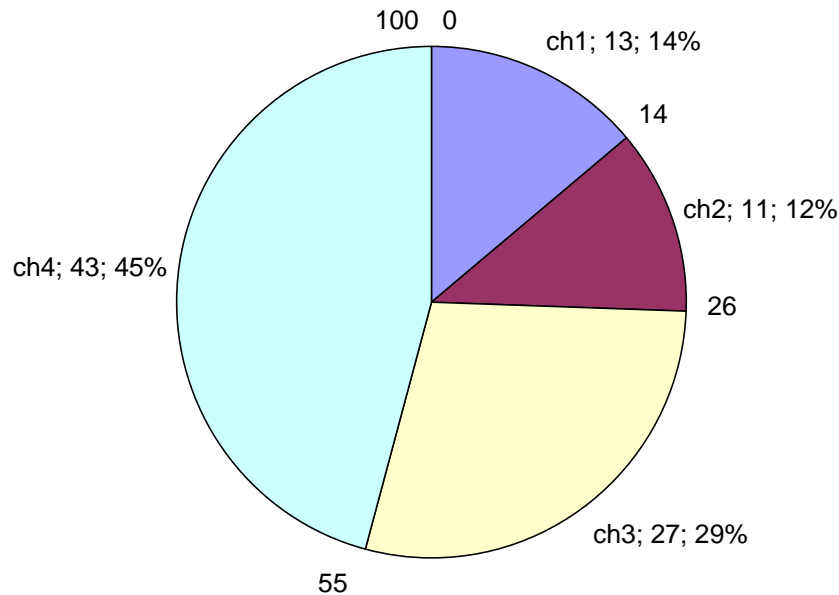
$$F(\text{ch2})=11$$

$$F(\text{ch3})=27$$

$$F(\text{ch4})=43$$

Przykład obliczeniowy

Następnie przeprowadzamy selekcję osobników za pomocą koła ruletki:



Losowanie za pomocą koła ruletki sprowadza się do wylosowania 4 liczb z przedziału $[0,100]$
Założmy, że wylosowano liczby $[79\ 44\ 9\ 74]$.

Oznacza to wybór następujących chromosomów: **ch4, ch3, ch1, ch4**. Zatem widać, że chromosom ch2 na skutek selekcji zginął a na jego miejsce pojawiły się dwa osobniki ch4 o największej funkcji przystosowania.

Przykład obliczeniowy

Aby wykonać krzyżowanie należy:

1. Wylosować pary chromosomów do krzyżowania, np. **ch1** z **ch4** oraz **ch3** z **ch4**.
2. Wylosować 2 liczby z przedziału $[0,1]$. Np.: 0,42, 0,30 i porównać je z prawdopodobieństwem krzyżowania $p_k=0,75$. Ponieważ obie wylosowane liczby są mniejsze niż p_k , zatem obie pary ulegną krzyżowaniu.
3. Wylosować 2 liczby z przedziału $[1,4]$ oznaczające miejsce krzyżowania chromosomów (locus), $L1=3$, $L2=4$.

1 para potomków:

0	0	1	1	0
1	0	1	0	1

0	0	1	0	1
1	0	1	1	0

2 para potomków:

0	1	1	0	1
1	0	1	0	1

0	1	1	0	1
1	0	1	0	1

Przykład obliczeniowy

W efekcie otrzymujemy następującą populację osobników:

ch1=[00101]

ch2=[10110]

ch3=[01101]

ch4=[10101]

Określamy, czy i w którym miejscu którego chromosomu będzie przeprowadzona mutacja. W tym celu losujemy dla każdego z genów liczbę z przedziału $[0,1]$.

Założmy, że wylosowano liczby:

0,402973298,

0,072851236,

0,869931037,

0,013005703.

W takim przypadku tylko chromosom ch4 będzie podlegał operacji mutacji. Po wylosowaniu z przedziału $[1,5]$, np. 3 zmieniamy 3 gen chromosomu 4 na przeciwny. Zatem otrzymujemy populację:

ch1=[00101]

ch2=[10110]

ch3=[01101]

ch4=[10001]

Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody selekcji

Inne metody selekcji:

- **Strategia elitarna**
- Selekcja turniejowa
- Selekcja rankingowa

1	1	1	0	0
1	0	0	1	1
1	1	0	1	0
1	0	1	0	1
0	1	0	0	1
1	1	1	1	1
0	1	0	0	1

← Przechodzi dalej nie zmieniony

Zachowuje najlepszego osobnika w populacji bieżącej i wprowadza go bez zmian do następnej populacji.

Zalety:

- Pomaga uniknąć przedwczesnej zbieżności,
- Przyspiesza proces poszukiwania optymalnego rozwiązania,

Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody selekcji

Inne metody selekcji:

- Strategia elitarna
- **Selekcja turniejowa**
- Selekcja rankingowa

• Polega na dzieleniu populacji na grupy (rozgrywanie turnieju) pomiędzy osobnikami z poszczególnych grup. Do populacji rodzicielskiej wybierane są najlepsze osobniki z każdej grupy.

W selekcji turniejowej dzieli się osobniki na podgrupy, i z nich wybiera się osobnika o najlepszym przystosowaniu. Rozróżnia się dwa wybory: **deterministyczny** i **losowy**.

W przypadku deterministycznego wyboru dokonuje się z prawdopodobieństwem równym 1, a w przypadku wyboru losowego z prawdopodobieństwem mniejszym od 1. Podgrupy mogą być dowolnego rozmiaru. Najczęściej dzieli się populację na podgrupy składające się z 2 lub 3 osobników.

Zalety:

- Może być stosowana zarówno do problemów maksymalizacji, jak też minimalizacji,
- Selekcję turniejową można wykorzystywać w zadaniach optymalizacji wielokryterialnej.

Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody selekcji

Inne metody selekcji:

- Strategia elitarna
- Selekcja turniejowa
- **Selekcja rankingowa**

- Osobnikom nadawana jest ranga (zależna od wartości przystosowania),
- Polega na wyborze osobników zgodnie z przypisanymi im rangami,
- Korzystając z takiej „listy rankingowej” definiuje się funkcję (np. liniową) określającą liczbę wybieranych kopii chromosomów w zależności od ich rangi. Na podstawie tej funkcji realizowany jest algorytm selekcji.

Zalety:

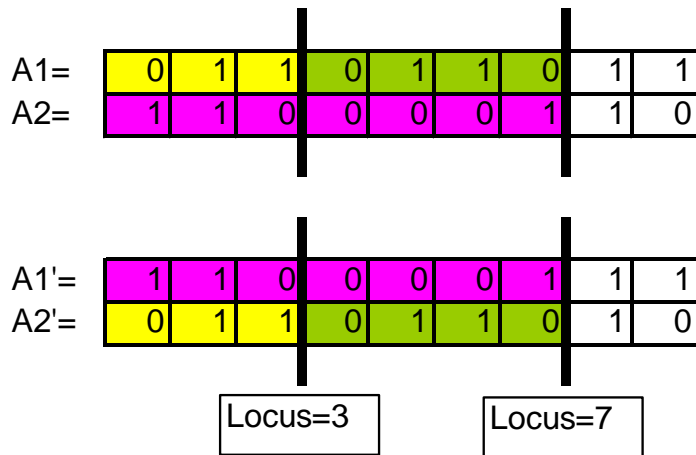
- Podobnie jak selekcja turniejowa, odpowiednia do problemów maksymalizacji i minimalizacji,
- Nie posiada wady metody ruletki dotyczącej konieczności skalowania funkcji przystosowania.

Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody krzyżowania

Inne metody krzyżowania:

- krzyżowanie wielopunktowe,
- krzyżowanie równomierne,
- krzyżowanie arytmetyczne.

- Wybierane są dwa lub więcej punkty krzyżowania chromosomów,



Zalety:

Usprawnia proces krzyżowania w przypadku korzystania z długich chromosomów.

Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody krzyżowania

Inne metody krzyżowania:

- krzyżowanie wielopunktowe,
- **krzyżowanie równomierne,**
- krzyżowanie arytmetyczne.

- Wylosowanie wzorca, określającego które geny potomków są dziedziczone od każdego z rodziców,
- Wzorcem jest łańcuch binarny, w którym wartości 1 wskazują pozycje (locus) w chromosomie rodzica pierwszego, a wartości 0 odpowiadają pozycjom w chromosomie rodzica drugiego.

A1=	1	1	1	0	1	1
A2=	1	0	1	1	0	0

A1'=	1	0	1	0	0	1
A2'=	1	1	1	1	1	0

Locus: 1 2 3 4 5 6

Wzorzec: 1 0 0 1 0 1

Modyfikacje algorytmu genetycznego: inne metody krzyżowania

Inne metody krzyżowania:

- krzyżowanie wielopunktowe,
- krzyżowanie równomierne,
- **krzyżowanie arytmetyczne.**

Dwuargumentowy operator jest zdefiniowany jako liniowa kombinacja dwóch wektorów. Jeżeli do krzyżowania zostały wybrane wektory (chromosomy) x_1 i x_2 , to potomkowie są wyznaczani następująco:

$$x_1' = a x_1 + (1-a) x_2$$

$$x_2' = a x_2 + (1-a) x_1.$$

a jest wartością z przedziału $[0, 1]$, co gwarantuje, że potomkami będą rozwiązania dopuszczalne.

Kodowanie

Inne sposoby kodowania

Dlaczego?

- W przypadku zadania z wieloma zmiennymi, stosując kodowanie standardowe, otrzymujemy bardzo długie chromosomy. Ich długość znacznie się powiększa ze wzrostem wymiarowości problemu.

Przykład: funkcja 20 zmiennych, każda zmienna reprezentowana przez 20 genów = 400 genów w chromosomie.

- Przetwarzanie długich chromosomów wydłuża czas działania algorytmu, przez co utrudnia, a czasami nawet uniemożliwia rozwiązanie problemu

Alternatywa?

Kodowanie logarytmiczne, kodowanie rzeczywiste

Kodowanie logarytmiczne

- Pozostaje przy notacji binarnej genów
- Skrócenie długości chromosomów dzięki zastosowaniu funkcji wykładniczej (ekwipotencjalnej)
- W tym kodowaniu: 1-szy gen chromosomu reprezentuje znak liczby wyrażonej za pomocą funkcji wykładniczej, 2-gi gen odpowiada za znak wykładnika, a pozostała część stanowi łańcuch kodowy (binarny) wykładnika
- Oznaczmy wymienione części chromosomu przez a, b, bin to chromosom $[a \ b \ bin]$ reprezentuje liczbę:

$$(-1)^b e^{(-1)^a [bin]_{10}}$$

gdzie $[bin]_{10}$ jest wartością dziesiętną wykładnika

- Stosując tą metodę kodowania można za pomocą chromosomów od dł. 5 zapisać liczbę z przedziału $[-e^7, e^7]$ z rozdzielczością do e^{-7}

Kodowanie logarytmiczne

- *Przykład 1:*

Chromosom [01101] reprezentuje liczbę:

$$x_1 = (-1)^0 e^{(-1)^1 [101]_{10}} = e^{-5} = 0,0067379$$

- *Przykład 2:*

Chromosom [01011] reprezentuje liczbę

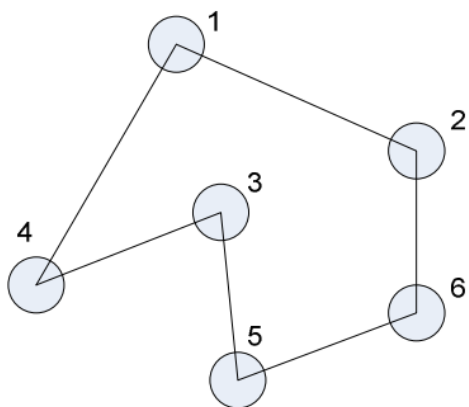
$$x_2 = (-1)^1 e^{(-1)^0 [011]_{10}} = e^{-3} = -20,0855$$

Kodowanie logarytmiczne

- Geny w chromosomach przyjmują wartości rzeczywiste
- Stosowane często w przypadku wielowymiarowych przestrzeni potencjalnych rozwiązań
- Allele (wartości genów) są wtedy liczbami równymi składowym wektorów odpowiadających punktom tej wielowymiarowej przestrzeni. Zatem geny posiadają postać fenotypów.
- Operator krzyżowania, poprzez wymianę genów między chromosomami, tworzy nowe punkty przestrzeni rozwiązań, czyli generuje nowe osobniki.
- Zaletą jest znaczne skrócenie chromosomów, „wadą” znaczne odejście od idei PAG

Problem komiwojażera

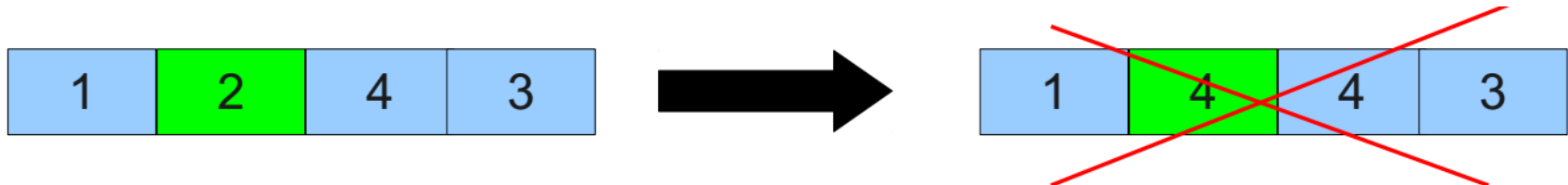
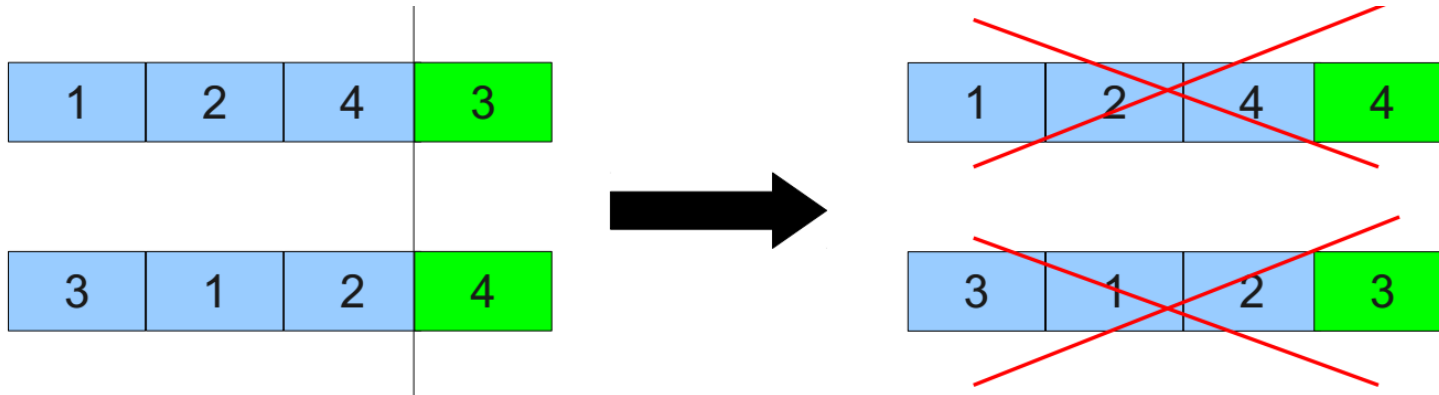
- Przestrzeń rozwiązań jest zbiorem permutacji n miast,
- Rozmiar przestrzeni rozwiązań wynosi $n!$,
- Dla $n = 10$ problem ma 181 000 rozwiązań,
- Dla $n = 20$ rozwiązań jest 10 000 000 000 000 000,
- Dla $n = 50$ możliwych rozwiązań jest $49!/2 = 3.041 \cdot 10^{62}$



Standardowe operatory

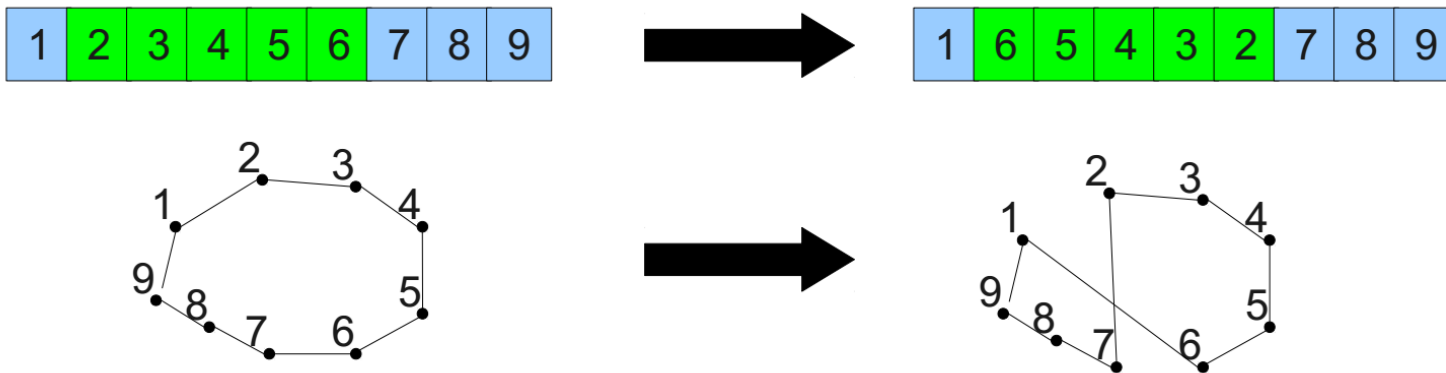
Funkcję dopasowania można oprzeć na długości cyklu, a chromosomy o długości $L=n$ niech będą permutacjami wierzchołków.

Jednakże standardowe krzyżowanie:



Mutacja poprzez inwersję (ang. inversion mutation)

Mutacja poprzez inwersję wybiera losowo dwie pozycje w chromosomie i odwraca kolejność wierzchołków pomiędzy nimi:



Inwersja w permutacji jest równoważna zmianie jedynie dwóch krawędzi w cyklu (zakładamy problem symetryczny). Jest to najmniejsza zmiana, jaka może być wprowadzona przez operator mutacji.

Scramble Mutation

- Wybierz losowo podzbiór k pozycji w chromosomie.
- Przetaw losowo wierzchołki przechowywane na tych pozycjach.



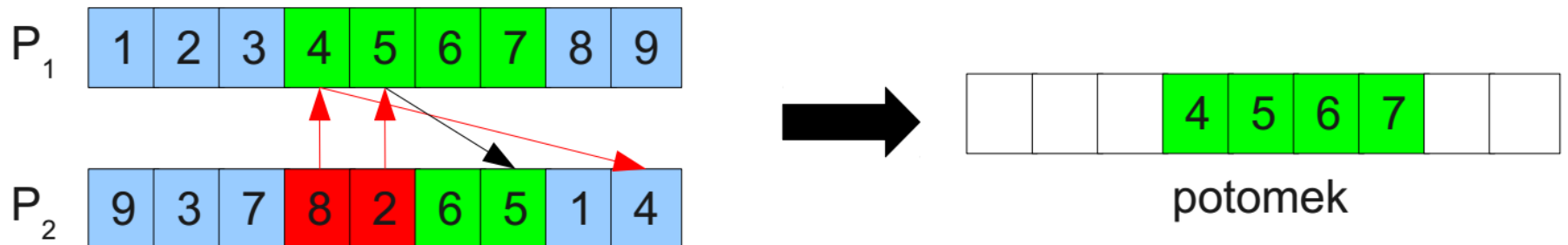
Liczba k wylosowanych pozycji może być stała, albo zmniejszana wraz z postępowaniem algorytmu.

Krzyżowanie z częściowym odwzorowaniem PMX (*partially-mapped crossover*)

Wybierz losowo dwa punkty krzyżowania. Skopiuj wybrany segment z rodzica P₁.



W analogicznym segmencie w P₂ znajdź te elementy, które nie zostały skopiowane (należy je umieścić poza skopiowanym segmentem). Dla każdego z elementów „i” określ jaki element „j” został skopiowany z P₁ na jego miejsce (na miejsce 8: 4, na miejsce 2: 5).



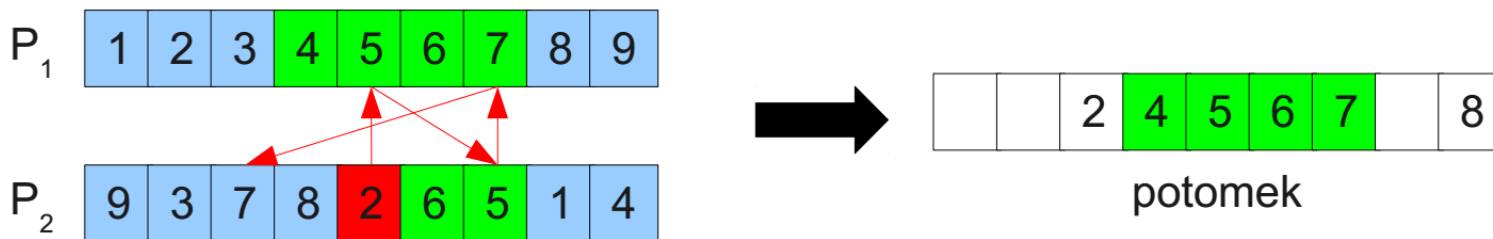
Krzyżowanie z częściowym odwzorowaniem PMX

A zatem mamy pary (i,j) : $(8,4)$ oraz $(2,5)$. Dla każdej pary należy umieścić „i” na pozycji zajmowanej przez „j” w rodzicu P2. Dla 8 jest to możliwe, dla 2 nie, ponieważ 5 będąca na miejscu 2 została już skopiowana..



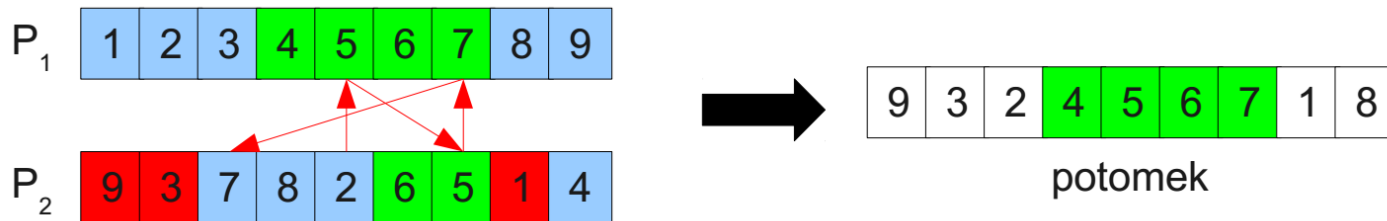
potomek

W takiej sytuacji sprawdzamy który wierzchołek został skopiowany na miejsce 5. Jest to 7, który nie został skopiowany jeszcze do potomka. Umieszczamy 2 na miejsce zajmowane w P2 przez 7.



Krzyżowanie z częściowym odwzorowaniem PMX

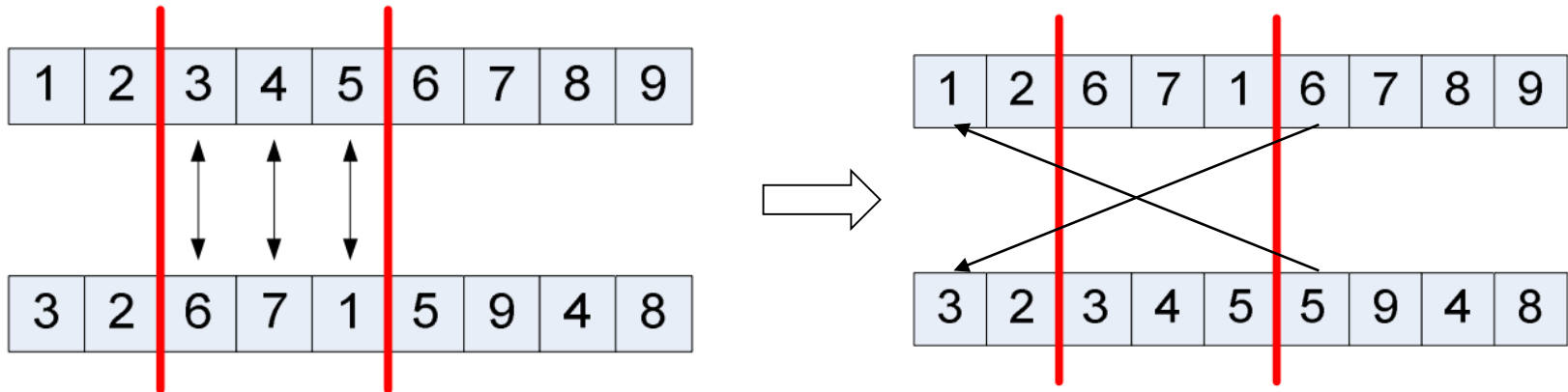
Pozostałe wierzchołki kopiujemy z P2



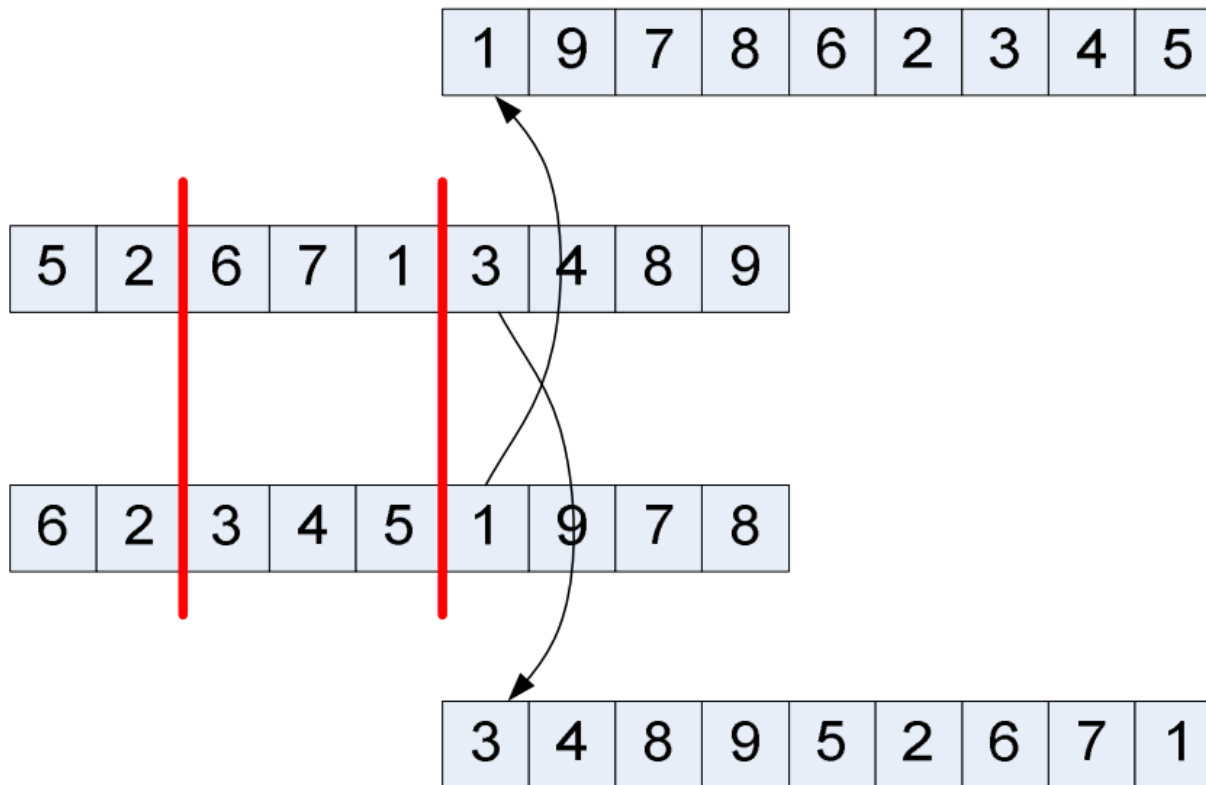
Drugiego potomka generujemy zamieniając rodziców P2 oraz P1

Krzyżowanie z zachowaniem porządku (order crossover – OX)

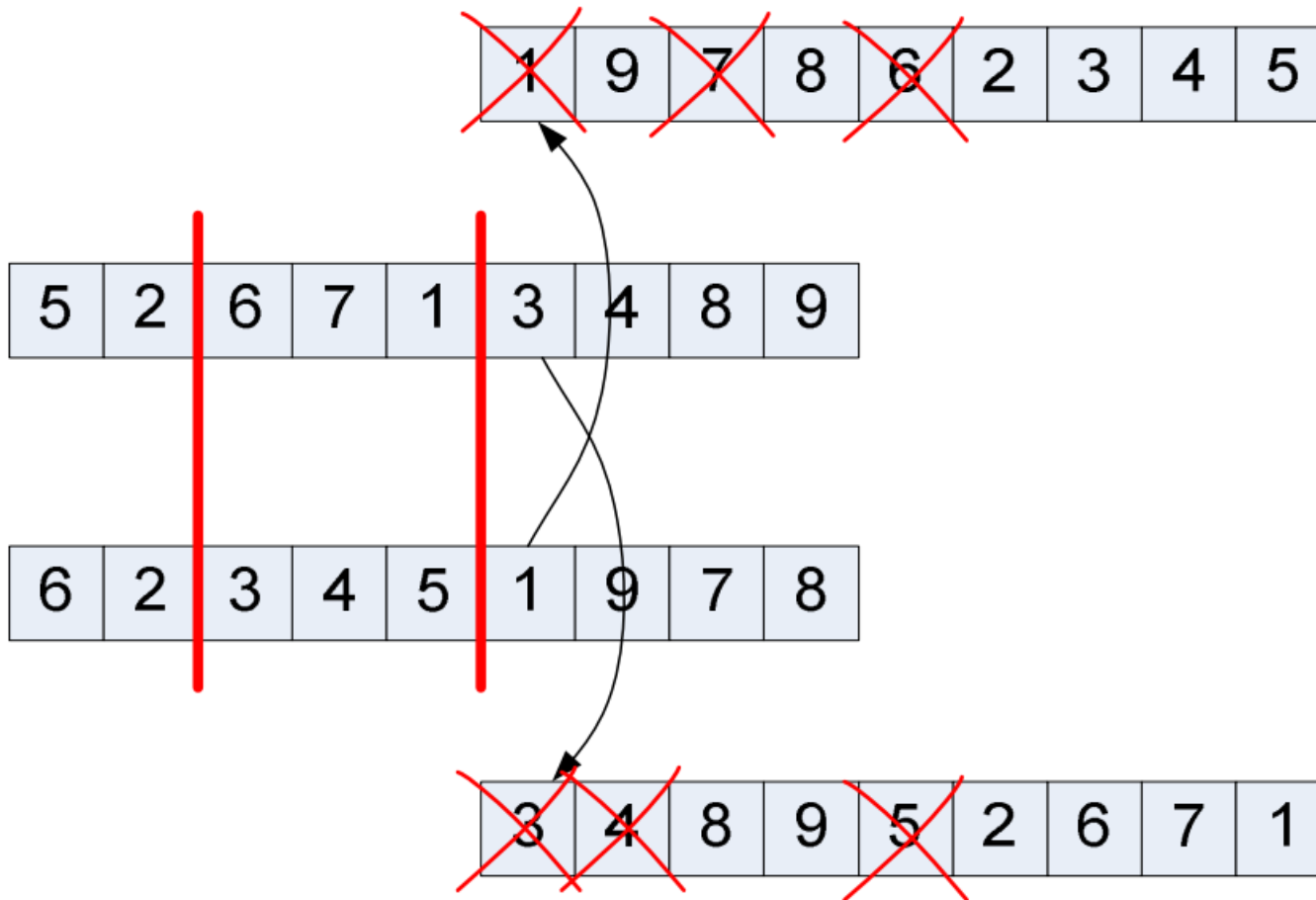
Operator stara się tworzyć ścieżki w taki sposób aby jak najmniej zaburzyć kolejność miast.



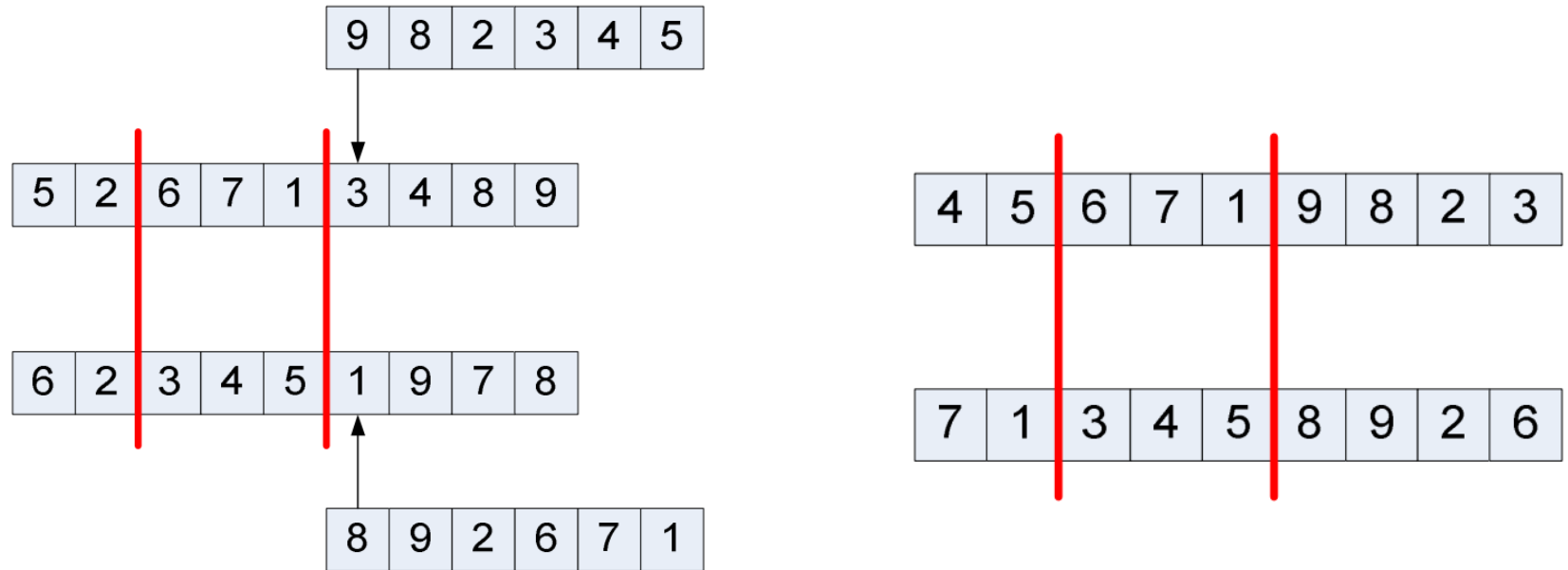
Krzyżowanie z zachowaniem porządku - OX



Krzyżowanie z zachowaniem porządku - OX



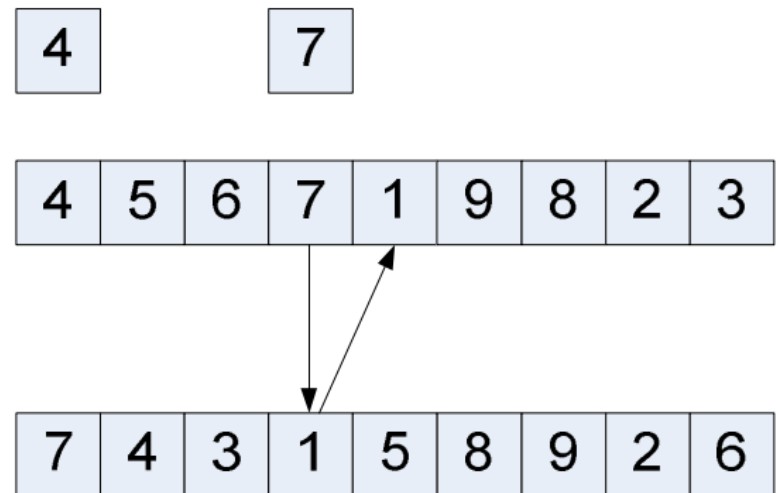
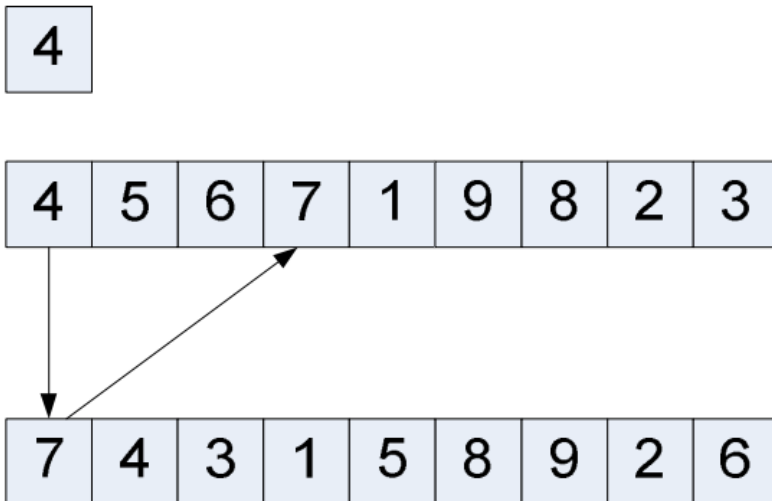
Krzyżowanie z zachowaniem porządku - OX



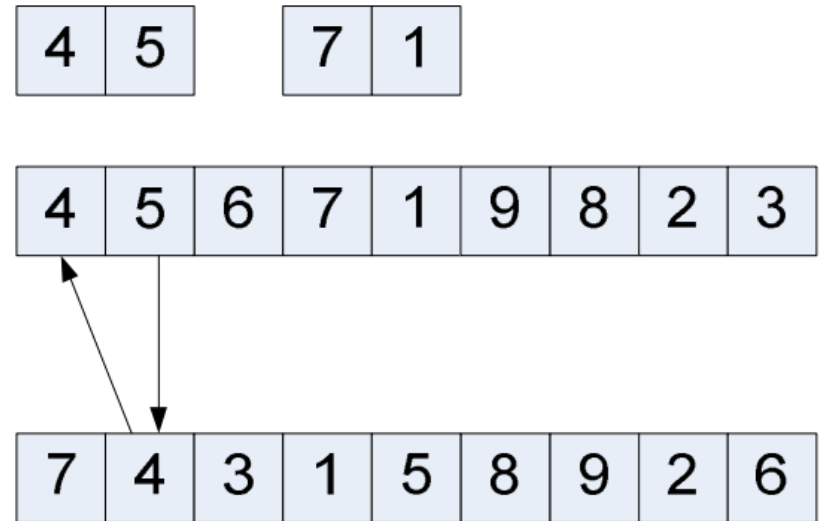
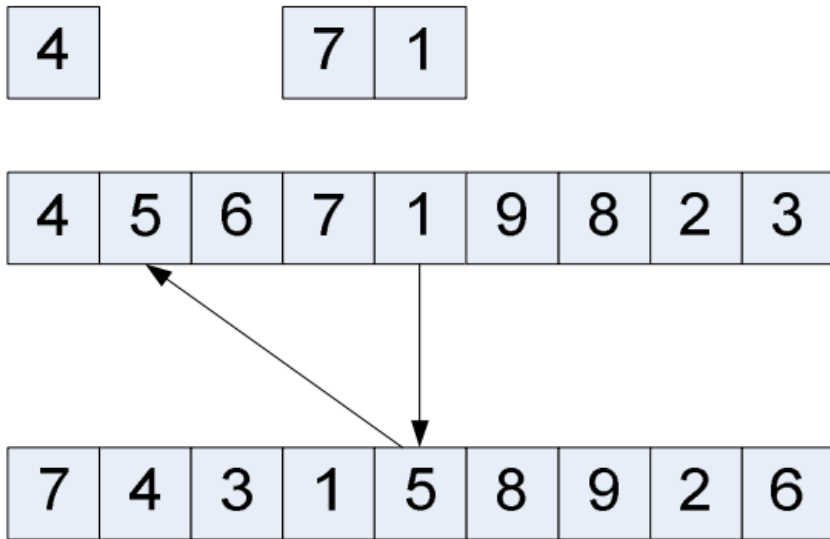
Krzyżowanie cykliczne (cycle crossover – CX)

Operator tworzy potomstwo w taki sposób aby każde miasto i jego pozycja pochodziło od jednego z rodziców.

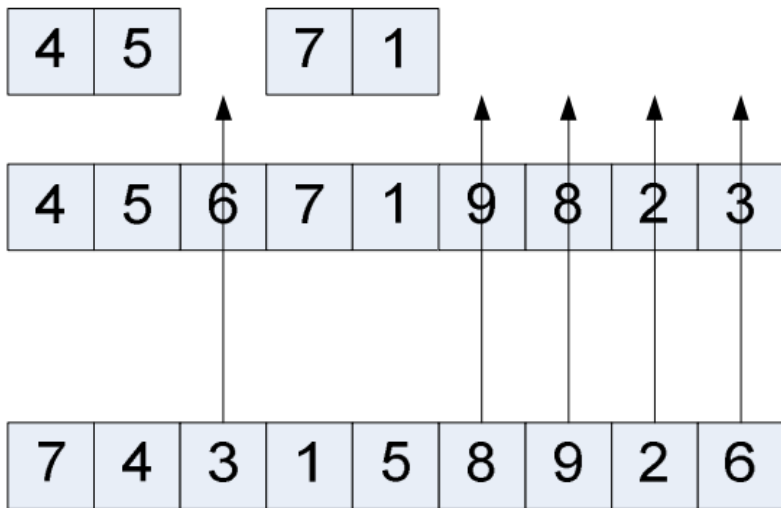
Losujemy liczbę genów do krzyżowania (np. 4), następnie losujemy pierwszy gen, który będziemy krzyżować (np. 4).



Krzyżowanie cykliczne (cycle crossover – CX)



Krzyżowanie cykliczne (cycle crossover – CX)



Inne algorytmy ewolucyjne

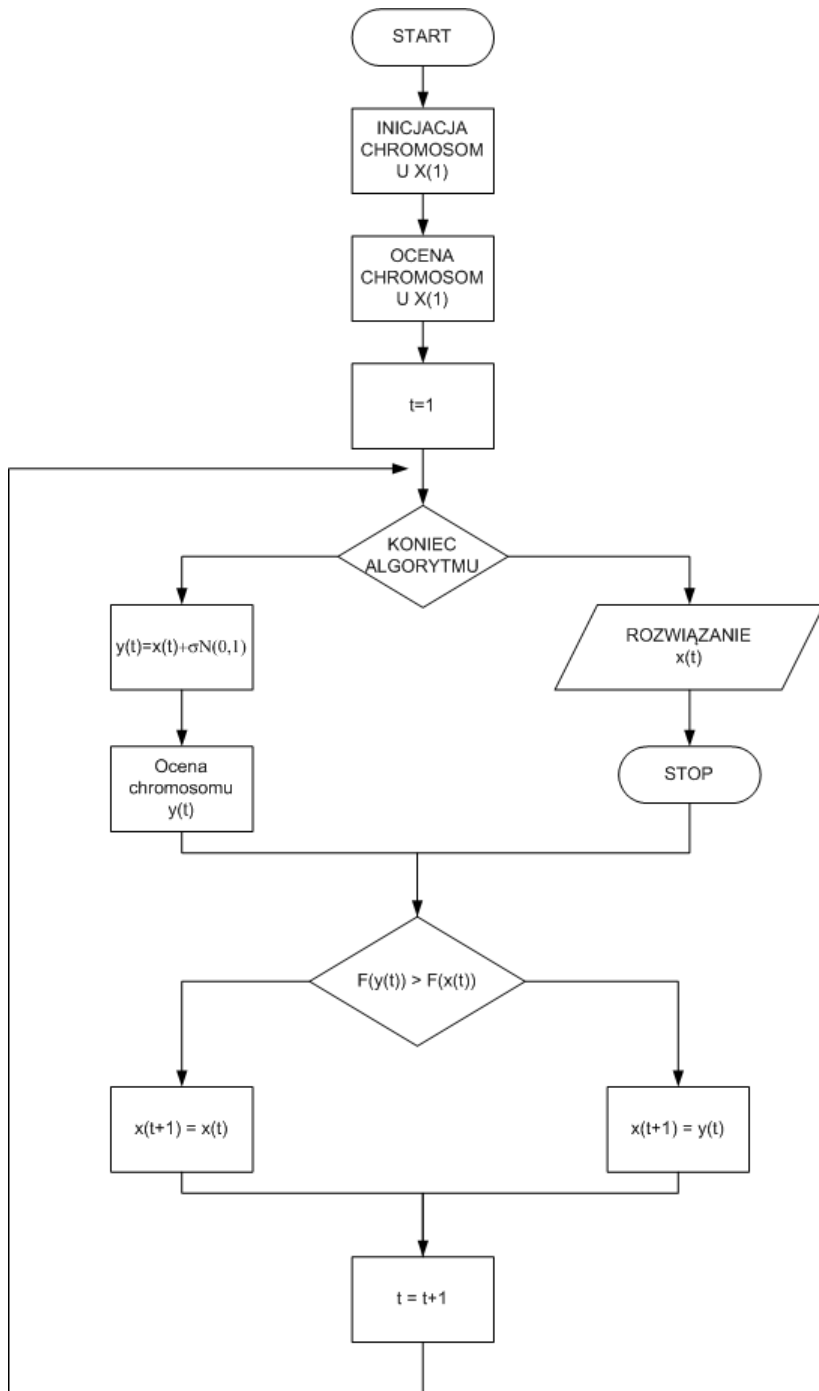
Niezależnie od PAG rozwinęły się inne metody symulowanej ewolucji.

Należą do nich:

- **Strategie ewolucyjne**
- **Programowanie ewolucyjne**
- **Programowanie genetyczne**

Strategia ewolucyjna (1+1)

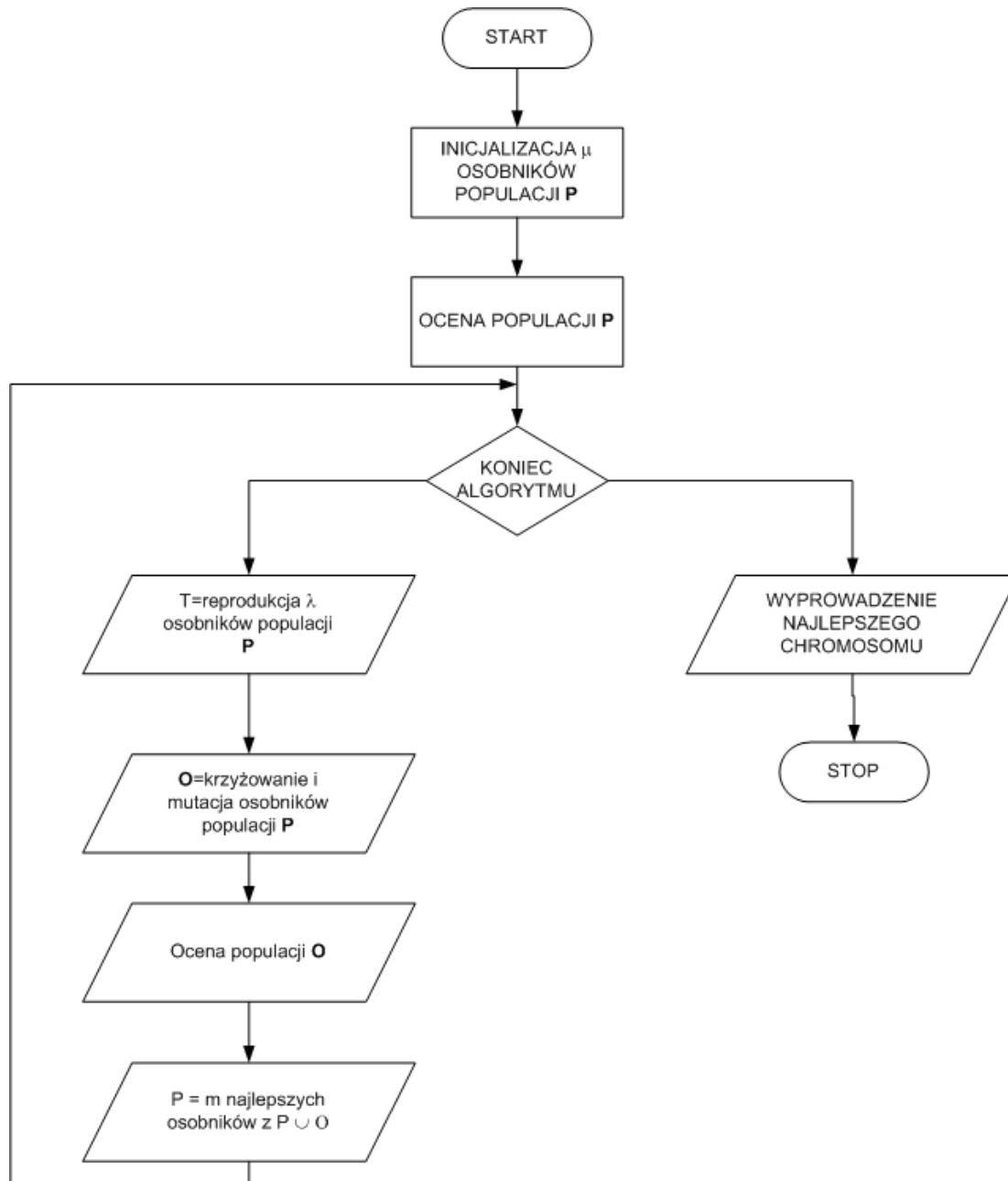
- Przetwarzany jest tylko jeden chromosom
- Kluczową rolę odrywa chromosom
- Polega ona na losowej modyfikacji wartości każdego genu chromosomu poprzez dodanie odpowiedniej liczby zgodnie z rozkładem normalnym
- W wyniku tak określonej mutacji (nazwanej tu **perturbacją**) tworzony jest nowy chromosom
- W każdej iteracji algorytmu porównywane są wartości przystosowania obu chromosomów i do następnej generacji wybierany jest ten o większej wartości przystosowania
- Strategie $(\mu+\lambda)$ (μ,λ) są uogólnieniem strategii (1+1) – zamiast jednego chromosomu mamy do czynienia z populacją złożoną z μ osobników



Strategia ewolucyjna

($\mu+\lambda$)

- Z populacji złożonej z μ osobników tworzy się populację potomków, zawierającą λ osobników.
- Dokonuje się tego poprzez wielokrotne losowanie (ze zwracaniem) osobnika z populacji o liczebności μ
- Kopie wylosowanych osobników umieszcza się w populacji pomocniczej – populacji rodzicielskiej
- Populacja rodzicielska poddawana jest następnie operacjom mutacji i krzyżowania
- W wyniku tej operacji powstaje populacja potomków o liczebności λ
- Tę populację łączy się z poprzednią otrzymując $\mu+\lambda$ osobników
- Nowa populacja w w kolejnej generacji algorytmu zawiera μ najlepszych osobników z populacji o liczebności $\mu+\lambda$



Strategia ewolucyjna

(μ, λ)

- Strategia (μ, λ) różni się od strategii $(\mu + \lambda)$ tylko tym, że nową populację, w kolejnej generacji tworzy się na podstawie populacji potomków liczącej λ osobników, zapominając o μ osobnikach rodzicielskich
- W strategii (μ, λ) każdy osobnik istnieje w populacji tylko podczas jednej generacji, w odróżnieniu od strategii (μ, λ) , gdzie osobniki mogą pozostawać w populacji przez wiele generacji algorytmu

Strategia ewolucyjna (1+1), ($\mu+\lambda$), (μ,λ)

Podsumowanie

- W strategiach (μ,λ), ($\mu+\lambda$) oprócz operatora mutacji wprowadzono także operator krzyżowania
- Operatory mutacji i krzyżowania są zdefiniowane inaczej niż w PAG
- Inny jest także sposób reprezentacji osobników w postaci chromosomów
- Strategie (μ,λ), ($\mu+\lambda$) charakteryzują się tzw. mechanizmem adaptacji zasięgu mutacji, czego nie posiada strategia (1+1), ani też jej modyfikacja w postaci strategii (1+ λ), w której tworzonych jest więcej niż jeden potomków.
- W tych wcześniejszych strategiach zasięg mutacji – istotny z punktu widzenia zbieżności algorytmu – był ustalany poprzez dobór wartości odpowiedniego współczynnika, zgodnie z ustaloną regułą
- We wszystkich strategiach ewolucyjnych mutacja jest najważniejszym operatorem genetycznym. Razem z selekcją decyduje o działaniu algorytmu i ma największy wpływ na jego zbieżność

Schemat

Pojęcie schematu zostało wprowadzone w celu określenia zbioru chromosomów o pewnych wspólnych cechach, podobieństwach.

Schemat jest zbiorem chromosomów zawierających zera i jedynki na wyszczególnionych pozycjach.

Wygodnie jest je rozpatrywać korzystając z rozszerzonego alfabetu $\{0, 1, *\}$.

Symbol $*$ oznacza „wszystko jedno” (don't care).

$$10^*1 = \{1010, 1001\}$$

$$^*01^*10 = \{001010, 001110, 101010, 101110\}$$

Chromosom należy do schematu, jeżeli dla każdej pozycji (locus) $j=1,2,\dots,L$ symbol występujący na j -tej pozycji odpowiada symbolowi na j -tej pozycji schematu.

Zarówno 0, jak i 1 odpowiadają symbolowi $*$.

Jeśli w schemacie występuje m symboli $*$, to schemat ten zawiera 2^m chromosomów.

Każdy chromosom o długości L należy do 2^L schematów.

Łańcuch 01 pasuje do 4 schematów: $**$, $*1$, $0*$, 01 .

Schemat

Rząd (order) schematu S $o(S)$ jest to liczba ustalonych pozycji w schemacie, tzn. zer i jedynek.

$$o(10^*1)=3, o(^*01^*10)=4.$$

$$o(S)=L\text{-liczba } ^*$$

$$o(^*101^{**})=?$$

Rozpiętość (defining length) schematu S , długość schematu, $d(S)$ to odległość między pierwszym i ostatnim ustalonym symbolem.

$$d(10^*1)=4-1=3,$$

$$d(^**0^*1^*)=5-3=2,$$

$$d(^*01^*10)=?$$

Wpływ krzyżowania

Dla danego chromosomu w $M(t) \cap S$ (chromosom z puli rodzicielskiej pasujący do schematu S) prawdopodobieństwo, że chromosom ten zostanie wybrany do krzyżowania i żaden z jego potomków nie będzie należał do schematu S , jest ograniczone z góry przez prawdopodobieństwo zniszczenia schematu S

$$P_{\text{zniszczenia}} = p_k \frac{d(S)}{L-1}$$

Dla danego chromosomu w $M(t) \cap S$ (chromosom z puli rodzicielskiej pasujący do schematu S) prawdopodobieństwo, że chromosom ten albo nie zostanie wybrany do krzyżowania albo co najmniej jeden z jego potomków będzie należał do schematu S , po krzyżowaniu jest ograniczone z dołu przez prawdopodobieństwo przetrwania schematu S

$$P_{\text{przetrwania}} = 1 - p_k \frac{d(S)}{L-1}$$

Można wykazać, że gdy dany chromosom należy do schematu S , wtedy obydwa chromosomy będące ich potomkami także należą do schematu S .

Wpływ selekcji

Wartość oczekiwana $b(S,t)$, czyli oczekiwana liczba chromosomów w puli rodzicielskiej $M(t)$ pasujących do schematu S , jest określona wzorem:

$$E[b(S,t)] = c(S,t) \frac{F(S,t)}{\bar{F}(t)}$$

S	schemat
$c(S,t)$	liczba chromosomów w populacji $P(t)$ pasujących do schematu S $P(t) \cap S$
$F(S,t)$	przystosowanie schematu S w generacji t ,
$\bar{F}(t)$	średnia wartość przystosowania

Wpływ mutacji

Dla danego chromosomu w $M(t) \cap S$, prawdopodobieństwo, że chromosom ten będzie należał do schematu S po operacji mutacji wynosi:

$$P_{\text{przetrwania mut}} = 1 - p_m^{o(S)}$$

p_m prawdopodobieństwo mutacji
o rząd schematu

Dla małych p_m można napisać:

$$P_{\text{przetrwania mut}} = 1 - p_m o(S)$$

Schemat reprodukcji

$$E[b(S, t)] \geq c(S, t) \frac{F(S, t)}{\bar{F}(t)} \left(1 - p_k \frac{d(S)}{L-1} \right) \left(1 - p_m^{o(S)} \right)$$

Osobnik nr 1

$$(x^1, \sigma^1) = \left([x_1^1 \ \dots \ x_n^1]^T, [\sigma_1^1 \ \dots \ \sigma_n^1]^T \right)$$

Krzyżowanie

$$(x', \sigma') = \left([x_1^{q_1} \ \dots \ x_n^{q_n}]^T, [\sigma_1^{q_1} \ \dots \ \sigma_n^{q_n}]^T \right)$$

Osobnik nr 2

$$q_i = 1, \ q_i = 2$$

$$(x^2, \sigma^2) = \left([x_1^2 \ \dots \ x_n^2]^T, [\sigma_1^2 \ \dots \ \sigma_n^2]^T \right)$$

Krzyżowanie polegające na uśrednianiu:

$$(x', \sigma') = \left(\left[\frac{(x_1^1 + x_1^2)}{2} \ \dots \ \frac{(x_n^1 + x_n^2)}{2} \right]^T, \left[\frac{(\sigma_1^1 + \sigma_1^2)}{2} \ \dots \ \frac{(\sigma_n^1 + \sigma_n^2)}{2} \right]^T \right)$$