

MECHANIZMY KRZYŻOWANIA

I. Binarne kodowanie zmiennych w chromosomie

- Krzyżowanie jednopunktowe

	x1	x2	x3	x4
Ch1	110101	01 0011	001100	100111
Ch2	011111	11 0110	110101	010101

↓
losowo wybrany punkt krzyżowania

ch1: 53 19 12 39
 ch2: 31 54 53 21

Potomkowie: jeżeli $p < p_k$ to:

	x1	x2	x3	x4
Ch1	110101	01 0110	110101	010101
Ch2	011111	11 0011	001100	100111

ch1: 53 22 53 21
 ch2: 31 51 12 39

ale jeżeli $p > p_k$ to potomkowie są identyczni jak rodzice (brak wymiany łańcuchów genów).

Krzyżowanie dwupunktowe

	x1	x2	x3	x4
Ch1	11 0101	010011	0011 00	100111
Ch2	01 1111	110110	1101 01	010101
	↓		↓	
	<i>losowy I punkt</i>		<i>losowy II punkt</i>	
	<i>krzyżowania</i>		<i>krzyżowania</i>	
ch1:	53	19	12	39
ch2:	31	54	53	21

Potomkowie: jeżeli $p_1 < p_k$ i $p_2 < p_k$ to:

	x1	x2	x3	x4
Ch1	11 1111	110110	1101 00	100111
Ch2	01 0101	010011	0011 01	010101
ch1:	63	54	52	39
ch2:	21	19	13	21

Jeżeli warunek $p_1 < p_k$ i $p_2 < p_k$ nie jest spełniony to łańcuchy genów nie są wymieniane (brak krzyżowania).

- Krzyżowanie lokalne (dla każdej zmiennej)

- Dla każdej zmiennej w łańcuchu losuje się prawdopodobieństwo $p_j, j = 1, \dots, N$.
- Jeżeli $p_j \leq p_k$, to w danej zmiennej zachodzi krzyżowanie w losowo wybranym punkcie,
w przeciwnym przypadku krzyżowanie nie zachodzi.

Np. wylosowano krzyżowanie dla zmiennej x1 i x3 w łańcuchu 4 zmiennych ($p_1 < p_k, p_2 > p_k, p_3 < p_k, p_4 > p_k$).

	x1	x2	x3	x4
Ch1	11 0101	010011	0011 00	100111
Ch2	01 1111	110110	1101 01	010101
	↓		↓	
	losowy I punkt krzyżowania		losowy II punkt krzyżowania	

ch1:	53	19	12	39
ch2:	31	54	53	21

x1	x2	x3	x4
11 0101	010011	0011 00	100111
01 1111	110110	1101 01	010101
↓		↓	
<i>losowy I punkt krzyżowania</i>		<i>losowy II punkt krzyżowania</i>	

Potomkowie: dla $p_1 < p_k$, $p_2 > p_k$, $p_3 < p_k$, $p_4 > p_k$:

	x1	x2	x3	x4
Ch1	11 1111	010011	0011 01	100111
Ch2	01 0101	110110	1101 00	010101

ch1:	63	19	13	39
ch2:	21	54	52	21

- Krzyżowanie globalne lub lokalne wielopunktowe

1. Przebiega podobnie jak krzyżowanie jedno- lub dwu-punktowe.
2. Losuje się jednak więcej punktów krzyżowania, dla których sprawdza się prawdopodobieństwo zajścia krzyżowania.
3. W przypadku jego zaistnienia wymienia się odpowiednie fragmenty ciągu genów (globalnie lub lokalnie) pomiędzy odpowiednimi fragmentami ciągu genów.

Krzyżowanie równomierne

1. W tym rodzaju krzyżowania generuje się osobno dla każdej pary osobników rodzicielskich binarny wzorzec krzyżowania w postaci losowo wygenerowanego ciągu zer i jedynek o długości równej liczbie genów w chromosomie populacji.
2. Allele o wartości równej 1 takiego wzorca decydują o zamianie genów pomiędzy rodzicami, zaś allele o wartości równej 0 decydują o pozostawieniu genów rodziców na ich pozycjach.

Rodzice:

	x1	x2	x3	x4
Ch1	110101	010011	001100	100111
Ch2	011111	110110	110101	010101
ch1:	53	19	12	39
ch2:	31	54	53	21

Wylosowany wzorzec krzyżowania:

100101 110011 011010 100101

Dzieci:

	x1	x2	x3	x4
Ch1	010101	110010	010100	000111
Ch2	111111	110111	101101	110101
ch1:	21	50	20	6
ch2:	63	55	45	53

II. Zmiennoprzecinkowe kodowanie zmiennych w chromosom

- Krzyżowanie jednopunktowe

Może następować wyłącznie pomiędzy genami, czyli zmiennymi projektowymi.

Rodzice:

	x1	x2	x3	x4	x5
Ch1	1.463	2.050	0.389	4.255	0.744
Ch2	4.023	2.819	4.180	3.436	2.291



losowo wybrany punkt krzyżowania

Potomkowie: jeżeli $p < p_k$ to:

	x1	x2	x3	x4	x5
Ch1	1.463	2.050	0.389	3.436	2.291
Ch2	4.023	2.819	4.180	4.255	0.744

- Krzyżowanie dwu- i wielopunktowe

Jest realizowane podobnie.

Rodzice:

	x1	x2	x3	x4	x5
Ch1	1.463	2.050	0.389	4.255	0.744
Ch2	4.023	2.819	4.180	3.436	2.291



losowo wybrane punkty krzyżowania

Potomkowie: jeżeli $p < p_k$ to:

	x1	x2	x3	x4	x5
Ch1	1.463	2.050	4.180	3.436	0.744
Ch2	4.023	2.819	0.389	4.255	2.291

Krzyżowanie arytmetyczne globalne

Liniowa kombinacja dwóch chromosomów rodzicielskich.

Jeżeli $p^t < p_k$ to:

Potomkowie:
$$\begin{cases} \mathbf{ch1}^{t+1} = a \cdot \mathbf{ch1}^t + (1-a) \cdot \mathbf{ch2}^t \\ \mathbf{ch2}^{t+1} = (1-a) \cdot \mathbf{ch1}^t + a \cdot \mathbf{ch2}^t \end{cases}$$

gdzie $a \in [0,1]$ – wybierane losowo lub zależne od wieku populacji (nr. iteracji)

np. dla $a = 0.645$ otrzymamy:

Rodzice:

	x1	x2	x3	x4	x5
Ch1	1.463	2.050	0.389	4.255	0.744
Ch2	4.023	2.819	4.180	3.436	2.291

Potomkowie:

Potomek1: $x_1 = 0.645 \times 1.463 + 0.355 \times 4.023 = 2.372$

Potomek2: $x_1 = 0.355 \times 1.463 + 0.645 \times 4.023 = 3.114$

	x1	x2	x3	x4	x5
Ch1	2.372	2.323	1.735	3.694	1.293
Ch2	3.114	2.546	2.834	3.727	1.742

Lokalne krzyżowanie arytmetyczne

Liniowa kombinacja każdej zmiennej w dwóch chromosomów rodzicielskich.

Jeżeli $p_j^t < p_k$ to:

Potomkowie:
$$\begin{cases} x_{j,ch1}^{t+1} = a \cdot x_{j,ch1}^t + (1-a) \cdot x_{j,ch2}^t \\ x_{j,ch2}^{t+1} = (1-a) \cdot x_{j,ch1}^t + a \cdot x_{j,ch2}^t \end{cases}$$

gdzie $a \in [0,1]$ – wybierane losowo lub zależne od wieku populacji (nr. iteracji)

np. dla $a = 0.379$ otrzymamy:

Rodzice:

	x1	x2	x3	x4	x5
Ch1	1.463	2.050	0.389	4.255	0.744
Ch2	4.023	2.819	4.180	3.436	2.291

Potomkowie:

Potomek1: $x4 = 0.379 \times 4.255 + 0.621 \times 3.436 = 3.746$

Potomek2: $x4 = 0.621 \times 4.255 + 0.379 \times 4.023 = 3.945$

	x1	x2	x3	x4	x5
Ch1	1.463	2.050	0.389	3.746	0.744
Ch2	4.023	2.819	4.180	3.945	2.291

Krzyżowanie mieszane (proste)

Ten rodzaj krzyżowania jest połączeniem krzyżowania jednopunktowego z krzyżowaniem arytmetycznym.

Polega ono na:

1. Wyznaczeniu punktu krzyżowania.
2. Wylosowaniu prawdopodobieństwa p zajścia krzyżowania jednopunktowego.
3. Jeżeli $p < p_k$ to krok 4, inaczej krok 2.
4. Przepisanie pierwszej części łańcucha genów (zmiennych) obu chromosomów rodzicielskich do chromosomów potomnych.
5. Wylosowanie wagi $\alpha \in [0,1]$ i poddanie drugiej części łańcucha genów (pozostałych zmiennych) obu chromosomów rodzicielskich krzyżowaniu arytmetycznemu w celu wyznaczenia wartości pozostałych genów potomnych.

Rodzice:

Ch1	x1	x2	x3	x4	x5
Ch2	x1	x2	x3	x4	x5

↑ Wylosowany punkt krzyżowania

Potomkowie:

Ch1	x1	x2	x3'	x4'	x5'
Ch2	x1	x2	x3'	x4'	x5'

gdzie: $x'_{ch1pi} = \alpha x_{ch1ri} + (1 - \alpha)x_{ch2ri}$; $x'_{ch2pi} = (1 - \alpha)x_{ch1ri} + \alpha x_{ch2ri}$ $i = 3, 4, 5$

Krzyżowanie heurystyczne.

Krzyżowanie heurystyczne jest nieco podobne do globalnego krzyżowania arytmetycznego. Jest jednak krzyżowaniem stosunkowo nietypowym, gdyż para rodziców może stworzyć maksymalnie jednego potomka lub też go nie utworzyć.

Polega ono na:

1. Wylosowaniu całkowitej liczby r z przedziału $[0,1]$ oraz pary chromosomów rodzicielskich $\mathbf{ch1}^t$ i $\mathbf{ch2}^t$.
2. Wyznaczeniu chromosomu pochodnego na podstawie następującej relacji:

$$\mathbf{ch}^{t+1} = r(\mathbf{ch2}^t - \mathbf{ch1}^t) + \mathbf{ch2}^t$$

gdzie: t oznacza numer aktualnej populacji oraz spełniony musi być warunek:

$$FP(\mathbf{ch1}^t) \leq FP(\mathbf{ch2}^t)$$

3. Jeżeli utworzony potomek nie jest dopuszczalny, losuje się ponownie liczbę r oraz nowe chromosomy rodzicielskie $\mathbf{ch1}^t$ i $\mathbf{ch2}^t$

Jeżeli po założonej liczbie powtórzeń m nie zostanie utworzony chromosom potomny, to sugeruje się wykorzystanie innego algorytmu krzyżowania.

