

Optimización de funciones con óptimos en los bordes del dominio mediante algoritmos genéticos con codificación real

Domingo Ortiz-Boyer, César Hervás-Martínez, Rafael del Castillo Gomaríz

Departamento de Informática y Análisis Numérico
Universidad de Córdoba, 14071- Córdoba- España
{ma1orbod, chervas, rcastillo}@uco.es

Resumen: Algunos operadores de cruce definidos para algoritmos genéticos con codificación real, presentan un problema de sesgo a la hora de buscar el óptimo en funciones en las que el óptimo se encuentra en los bordes del espacio de búsqueda. En este trabajo proponemos, para encontrar el óptimo de este tipo de funciones, operadores de cruce basados en intervalos de confianza unilaterales asociados a la media de los mejores individuos de cada generación dentro de la evolución de un algoritmo genético con codificación real. Los operadores propuestos se basan en la obtención, mediante la utilización de la norma L_2 , de las medias asociadas a cada una de las distribuciones de los genes que componen el genotipo de cada individuo de la subpoblación de mejores individuos. A partir de las distribuciones estadísticas de estas medias construimos intervalos de confianza unilaterales y planteamos un cruce de aridad dos donde cada padre contiene información estadística asociada a características de localización y dispersión de los mejores individuos de la población.

Presentamos los resultados, asociados a un análisis de varianza, de diez simulaciones de la aproximación propuesta para diferentes funciones de prueba con óptimos en los bordes del dominio. Estos resultados mejoran de forma significativa los obtenidos por otros cruces propuestos para la optimización de este tipo de funciones.

Palabras clave: Algoritmos genéticos con codificación real, operadores de cruce, intervalos de confianza unilaterales, optimización de funciones.

I. INTRODUCCIÓN

Los algoritmos genéticos con codificación real (AGCR) están siendo utilizados como una aproximación para resolver problemas de optimización numérica en dominios continuos [1-3], y en particular de optimización funcional, para funciones definidas en dominios de una alta dimensionalidad, esto es, con un número suficientemente grande de variables independientes y que presentan una estructura multimodal o una estructura epistática, esto es, donde las variables presentan, entre si, diferentes tipos de dependencia. Dentro de estos algoritmos una de sus características principales reside en el diseño del operador de cruce, operador que se construye utilizando tres etapas, la primera es la de selección de padres, en esta etapa se eligen dos elementos de la población (cruce de aridad dos) [2], [4] o más de dos elementos (cruce de aridad $n > 2$) [5-6], una segunda etapa de generación de

descendientes o progenie, en la cual se producen nuevos individuos a partir de los padres seleccionados en la etapa anterior, y por último una etapa de selección de descendientes, donde se elige dentro de todos los individuos generados en la etapa anterior aquellos que formarán parte de la siguiente generación.

Nuestro trabajo se centra en analizar dentro de la etapa de selección de padres un tipo de cruce de aridad dos, donde se trata de extraer las características estadísticas más relevantes de localización y dispersión de los individuos más aptos obtenidos en cada generación; es por ello, un algoritmo donde introducimos un aprendizaje estadístico al considerar que para estimar la localización y dispersión de los genes de los mejores individuos sus distribuciones son normales y que lo van a seguir siendo a lo largo de la evolución [7-8].

Teniendo en cuenta la hipótesis de normalidad de las distribuciones de los genes de los mejores individuos construimos en primer lugar intervalos de confianza bilaterales [22-24] (puesto que a priori no podemos conocer la situación del óptimo con respecto al dominio de la función), asociados a la media como mejor estimador de localización utilizando la norma L_2 , por lo que su distribución asociada es una distribución t de student con $n-1$ grados de libertad, siendo n el número de mejores individuos elegidos. Pero si sabemos a priori que la función presenta un óptimo en los bordes del dominio podemos plantear la construcción de intervalos unilaterales con la cola a la derecha o a la izquierda de forma tal que el intervalo pueda contener la localización del óptimo de la función

A partir de los estimadores de los parámetros de localización y de sus distribuciones asociadas construimos intervalos de confianza unilaterales para producir, en cada generación, dos padres, uno formado por el extremo inferior o superior del intervalo de confianza, dependiendo de que la cola esté a la derecha o a la izquierda del intervalo y el otro formado por el estadístico de localización utilizado.

La metodología propuesta tiene en cuenta el conocimiento a priori de la situación del óptimo de la función a considerar en el borde del dominio, ya que de esta forma consideramos que es más factible que un intervalo unilateral con cola en el lado contrario del borde del dominio en donde se encuentre el óptimo encuentre el óptimo que no un intervalo bilateral

centrado en el estadístico de localización de los mejores individuos de cada generación.

Este artículo está organizado de forma tal que en la siguiente sección presentamos el problema de optimización de forma general y una descripción suficientemente explícita del algoritmo genético utilizado, para pasar a una sección donde presentamos los cruces por intervalos de confianza bilaterales y unilaterales utilizando la norma L_2 . En la siguiente sección mostramos de forma explícita la dinámica de cruce utilizando dos padres para intervalos unilaterales, padres que aprenden las características estadísticas de las posiciones que tienen en la evolución los mejores individuos. En la sección dedicada a las funciones de prueba presentamos tres funciones de diferente tipología con dos dominios diferentes, para sobre ellos analizar el rendimiento de los cruces CIXL2 bilaterales y unilaterales. Por último, tras presentar los resultados planteamos una discusión donde sacamos algunas conclusiones más generales.

II. OPTIMIZACIÓN DE FUNCIONES UTILIZANDO UN ALGORITMO GENÉTICO CON CODIFICACIÓN REAL

Un problema de minimización global se puede formular utilizando un par (S, f) , donde $S \subseteq \mathbb{R}^p$, $S \neq \emptyset$, es un conjunto acotado sobre \mathbb{R}^p y $f: S \rightarrow \mathbb{R}$ una función p -dimensional que toma valores reales. El objetivo es encontrar un punto $\mathbf{x}_{\min} \in S$ tal que f_{\min} sea un mínimo global sobre S , pero donde en este caso suponemos que \mathbf{x}_{opt} se encuentra, cerca de, o en el borde del dominio.

$$f(\mathbf{x}_{\text{opt}}) = \min_{\mathbf{x} \in S} f(\mathbf{x}), \quad \mathbf{x}_{\text{opt}} = \text{argf}_{\min}$$

Generamos la población inicial de individuos de tamaño N , tomando una muestra aleatoria simple de una población de genes distribuida uniformemente en el rango de definición de las variables de cada función, en este trabajo hemos definido $N=100$. Cada individuo se codifica como un vector de números reales \mathbf{x}_k , $k \in \{1, \dots, N\}$.

Se calcula el valor de aptitud de cada individuo de la población basándonos en la función objetivo $f(\mathbf{x})$ y aplicando un escalado exponencial inverso [9], de la forma $\text{Aptitud} = (f(\mathbf{x}) + 1)^{-1}$, lo que acota la aptitud entre 0 y 1.

Se realiza una selección por torneo de 2 individuos, puesto que junto con la selección por ruleta, es la que mejores resultados proporciona [9] y tiene menor complejidad que ésta [10], además produce una mayor presión selectiva lo que nos permite valorar la capacidad para mantener la diversidad del cruce propuesto [11]. Para asegurar que el mejor individuo de una generación siempre pasa a la siguiente se utilizará el criterio de elitismo, esto es, introducimos el mejor individuo de una generación en la siguiente. De esta forma la dinámica del proceso de selección consiste en seleccionar el mejor individuo, y a continuación, aplicar una selección por torneo de 2 para seleccionar los $N-1$ individuos restantes.

Se realiza un cruce utilizando uno de los operadores de cruce por intervalo de confianza unilaterales o bilaterales con una probabilidad de que un individuo sea

cruzado de $p_c = 0.6$ [12], es decir en cada generación se modificara probablemente el 60% de la población. La elección de los individuos a cruzar se realiza utilizando una selección aleatoria con una distribución uniforme. En todos los cruces que apliquemos, los hijos sustituirán a los padres independientemente de que la aptitud de los hijos sea peor que la de los padres. Se demuestra que este procedimiento de selección de supervivientes mantiene el equilibrio entre exploración y explotación en un entorno de la localización de los genes de los mejores individuos [23].

Un método alternativo de cruce cuando los óptimos de las funciones se encuentran en los extremos del dominio se puede ver en Tsutsui [25]

Se realiza una mutación sobre un individuo elegido al azar con una probabilidad $p_{mi} = 0.1$. Una vez seleccionado un individuo la probabilidad de que sea alterado uno de sus genes será $p_{ng/mi} = 0.5$, siendo $p_{ng} = 0.05$. Esto significa que el 10% de la población y el 5% de los genes es probable que sean sometidos a mutación, por lo que en este caso como tenemos 100 individuos cada uno codificado mediante un cromosoma con 30 genes esperamos que 50 genes sean mutados. Los individuos mutados sustituirán a los iniciales independientemente de su aptitud. Utilizaremos diferentes operadores de mutación: Mutación No Uniforme [13], de Mühlenbein [14], Continua y Discontinua Modal [26].

III. OPERADORES DE CRUCE MEDIANTE INTERVALOS DE CONFIANZA

La idea a la hora de construir este tipo de operadores es extraer dentro de la población de individuos una subpoblación de los n mejores individuos, (en el sentido de ser los más aptos para resolver el problema propuesto), de los cuales se extraen características estadísticas de localización y dispersión que son aprendidas en cada generación y que a través de ellas se construyan intervalos de confianza bilaterales o unilaterales de los parámetros de localización de los genes de esos individuos, que aporten padres, estadísticamente buenos, para el operador de cruce. Mediante estos operadores se dirige la búsqueda tanto en explotación, asociada a la pertenencia a los intervalos de confianza, como en exploración, asociada a la no pertenencia a dichos intervalos.

Los intervalos de confianza propuestos son unilaterales, aunque construimos también los bilaterales al objeto de comparar sus resultados, ello es debido a que disponemos de información de que la localización de los mejores individuos se encuentra cerca de o en los extremos del dominio.

Los intervalos generados definen dos o tres padres, dos de ellos con características de centralización/dispersión (los extremos superiores e inferiores de los intervalos o del dominio) mientras que el tercero está asociado a características de centralización.

La dinámica del cruce hace dirigir las coordenadas de los genes del individuo elegido para cruzar, hacia fuera o hacia dentro de los intervalos de confianza en función del resultado obtenido al comparar su aptitud con las aptitudes de los extremos de los intervalos o del dominio y de la aptitud de la media de los mismos.

A. Intervalos asociados a la media como parámetro de localización de los genes

Sea \mathcal{B} el conjunto de los N individuos que forman la población y sea $\mathcal{B}^* \subset \mathcal{B}$ el conjunto formado por los n mejores individuos (en el sentido de tener una mayor aptitud). Si consideramos que los genes β_i de los cromosomas de \mathcal{B}^* son variables aleatorias normales e independientes con un parámetro de localización de la forma \mathbf{m}_b . Entonces tenemos el modelo $\beta_i = \mathbf{m}_b + e_i$, siendo e_i una variable aleatoria, para cada $i=1, \dots, p$.

Si suponemos, para cada i , que los n mejores individuos forman en realidad una muestra aleatoria simple $(\beta_{i1}, \beta_{i2}, \dots, \beta_{in})$ de la distribución de los β_i , entonces el modelo toma la forma

$$\beta_{ij} = \mathbf{m}_b + e_{ij}, \text{ para } j=1, \dots, n \quad (1)$$

Ahora utilizamos el estimador del parámetro de localización hallado mediante el método de regresión mínimo cuadrática, este estimador es la media muestral de la muestra de tamaño n extraída de la distribución de los genes β_i de los mejores individuos [15]. Esto es, $\hat{\mathbf{m}}_b = \bar{\mathbf{b}}_i$.

B. Intervalos bilaterales y unilaterales

El estimador media muestral es un buen estimador lineal y por tanto tiene las propiedades de insesgadez, consistencia, etc, y se distribuye según una distribución normal $N(\mathbf{m}_b, \mathbf{S}_b^2/n)$. Bajo esta hipótesis, y utilizando el método de studentización, construimos un intervalo de confianza bilateral con un coeficiente de confianza $1-\alpha$ para el parámetro de localización de los genes β los n mejores individuos utilizando la media poblacional como parámetro de localización, en la forma.

$$I_{1-\alpha}(\mu_{\beta_i}) = [ICL_i, ICS_i] = \left[\bar{\mathbf{b}}_i - t_{n-1, \alpha/2} \frac{\bar{S}_{b_i}}{\sqrt{n}}; \bar{\mathbf{b}}_i + t_{n-1, \alpha/2} \frac{\bar{S}_{b_i}}{\sqrt{n}} \right] \quad (2)$$

Siendo \bar{S}_b la cuasivarianza muestral y t_{n-1} una distribución t de student con $n-1$ grados de libertad.

Si tenemos en cuenta el tipo de función que queremos optimizar y dado que sabemos que tiene el óptimo en los bordes del dominio, será preferible construir un intervalo de confianza unilateral con cola a la derecha o a la izquierda pues no sabemos a priori y en general en que borde del dominio estará el óptimo. El intervalo con cola a la derecha es de la forma.

$$I_{1-\alpha}(\mu_{\beta_i}) = [a_i, \bar{\mathbf{b}}_i + t_{n-1, \alpha} \times \bar{S}_{b_i} / \sqrt{n}] \quad (3)$$

Mientras que el que tiene la cola a la izquierda es

$$I_{1-\alpha}(\mu_{\beta_i}) = [\bar{\mathbf{b}}_i - t_{n-1, \alpha} \times \bar{S}_{b_i} / \sqrt{n}, b_i] \quad (4)$$

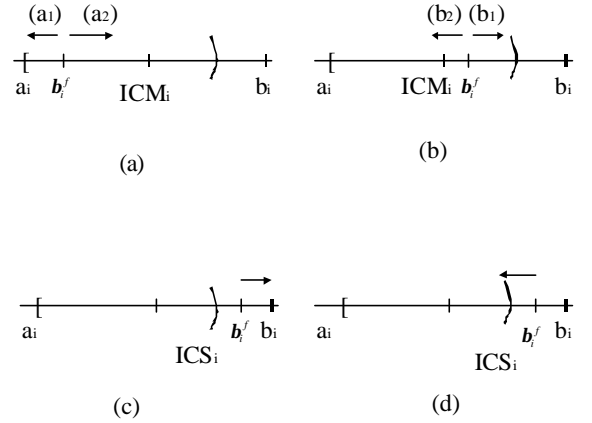


Fig 1 Dinámica del cruce para cada subintervalo: (a y b) para I_i^I , (c y d) para I_i^S

IV. DINÁMICA DEL CRUCE PARA INTERVALOS UNILATERALES

Dado que existen dos tipos de intervalos unilaterales, sin pérdida de generalidad, vamos a analizar la dinámica del cruce para intervalos con cola a la derecha, esto es, utilizaremos intervalos cuya forma se muestra en (3). En este caso tomaremos como padres para el cruce propuesto: el formado por todos los extremos superiores, ICS, y el formado por las medias de cada gen, ICM. El individuo ICS divide el dominio $D=[a_i, b_i]$ de cada gen en dos subintervalos:

$$I_i^I \equiv [a_i, ICS_i]; I_i^S \equiv [ICS_i, b_i]$$

El operador de cruce propuesto creará un único hijo β^s , a partir de: i) un individuo $\beta^f \in \mathcal{B}$, ii) los dos individuos construidos, iii) las aptitudes de los tres individuos, en la forma.

- Sea $\beta^f \in I_i^I$. Si la aptitud de β^f es mayor o igual que la de ICM entonces el gen hijo se obtiene como $\beta_i^s = rd + \beta_i^f$, donde si $\beta_i^f \leq ICM_i$, entonces $d = \max(\beta_i^f - ICM_i, a_i - \beta_i^f)$ (ver Fig. 1 a1) y si $\beta_i^f > ICM_i$, entonces $d = \min(\beta_i^f - ICM_i, b_i - \beta_i^f)$ (ver Fig. 1 b1)

- Sea $\mathbf{b}_i^f \in I_i^I$. Si la aptitud de β^f es menor que la de ICM entonces el gen hijo se obtiene como $\mathbf{b}_i^s = rd + ICM_i$, donde si $\mathbf{b}_i^f \leq ICM_i$, entonces $d = \min(ICM_i - \mathbf{b}_i^f, b_i - ICM_i)$ (ver Fig. 1 a₂) y si $\mathbf{b}_i^f > ICM_i$, entonces $d = \max(ICM_i - \mathbf{b}_i^f, a_i - ICM_i)$ (ver Fig. 1 b₂)
- Sea $\mathbf{b}_i^f \in I_i^S$. Si la aptitud de β^f es mayor o igual que la de ICS entonces el gen hijo se obtiene como $\mathbf{b}_i^s = rd + \mathbf{b}_i^f$, donde $d = \min(\mathbf{b}_i^f - ICL_i, b_i - \mathbf{b}_i^f)$ (ver Fig. 1 c)
- Sea $\mathbf{b}_i^f \in I_i^S$. Si la aptitud de β^f es menor que la de ICM entonces el gen hijo se obtiene como $\mathbf{b}_i^s = rd + ICL_i$, donde $d = \max(ICL_i - \mathbf{b}_i^f, a_i - ICL_i)$ (ver Fig. 1 d)

Siendo r un número aleatorio obtenido a partir de una distribución uniforme en el intervalo $[0, 1]$. La Figura 1 muestra la dinámica del cruce CIXL2 con intervalo de confianza unilateral para cada subintervalo al que pertenece \mathbf{b}_i^f

V. FUNCIONES DE PRUEBA Y DOMINIOS

Para poder realizar comparaciones entre los diferentes intervalos de confianza propuestos consideraremos los valores del coeficiente de confianza y del número de mejores padres determinados en estudios anteriores [22-23]. Hemos considerado tres funciones tipo del conjunto de pruebas propuesto por Eiben y Bäck [citar], funciones cuya ecuación y dominios de definición se muestran en la tabla 1. Son la función Sphere, f_1 , (unimodal separable), la función de Rastrigin, f_2 , (multimodal separable) y la función de Ackley, f_3 , (multimodal no

separable). Todas las funciones están definidas en un espacio de búsqueda de dimensión $p = 30$ y tienen el mínimo global en $f_{i,\min} = 0$, para $\mathbf{x} = (0, 0, \dots, 0)$. En la Figura 2 se muestran las tres funciones en los dos dominios de definición, dominios donde el óptimo se encuentra en el interior o en el borde del dominio respectivamente.

El propósito fundamental de las simulaciones es probar la eficiencia y robustez de los operadores de cruce unilaterales implementados comparándolos con los bilaterales, manteniendo fijos los valores del número de mejores individuos a considerar en cada generación, el coeficiente de confianza $1 - \alpha$ y el tipo de mutación asociado. Estos valores han sido obtenidos mediante un análisis de la varianza en estudios anteriores [21]. El algoritmo fue ejecutado 10 veces bajo las mismas condiciones iniciales para las tres funciones consideradas a efectos de obtener su mínimo global.

VI. RESULTADOS

A continuación reflejamos los resultados obtenidos por el algoritmo de evolución con los tres tipos de funciones. En la Tabla 2 presentamos las medias y desviaciones típicas obtenidas en las diez ejecuciones del algoritmo

Para la función Sphere, es relativamente sencillo obtener el mínimo global tanto con intervalos uni como bilaterales, aunque consideremos espacios de 30 variables y el óptimo se encuentre en uno de los bordes del intervalo. Para la función de Rastrigin en cambio se obtienen significativamente peores resultados cuando trabajamos con el dominio reducido, aunque los intervalos unilaterales producen mejores resultados que los bilaterales, lo que sólo tiene explicación dada la estructura multimodal de esta función. Por último, los resultados para la función Ackley son significativamente mejores en el dominio reducido puesto que siempre se llega al óptimo tanto con intervalo unilateral como bilateral.

Tabla 1. Expresión y dominios de definición de las funciones de prueba

Nombre	Definición	Dominio 1	Dominio 2
Sphere	$f_1(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^p x_i^2$	$[-5.12, 5.12]$	$[0, 5.12]$
Rastrigin	$f_2(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^p \{x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10\}$	$[-5.12, 5.12]$	$[0, 5.12]$
Ackley	$f_3(\mathbf{x}) = 20 + e - 20 \exp\left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{p} \sum_{i=1}^p x_i^2}\right) - \exp\left(\frac{1}{p} \sum_{i=1}^p \cos(2\pi x_i)\right)$	$[-30, 30]$	$[0, 30]$

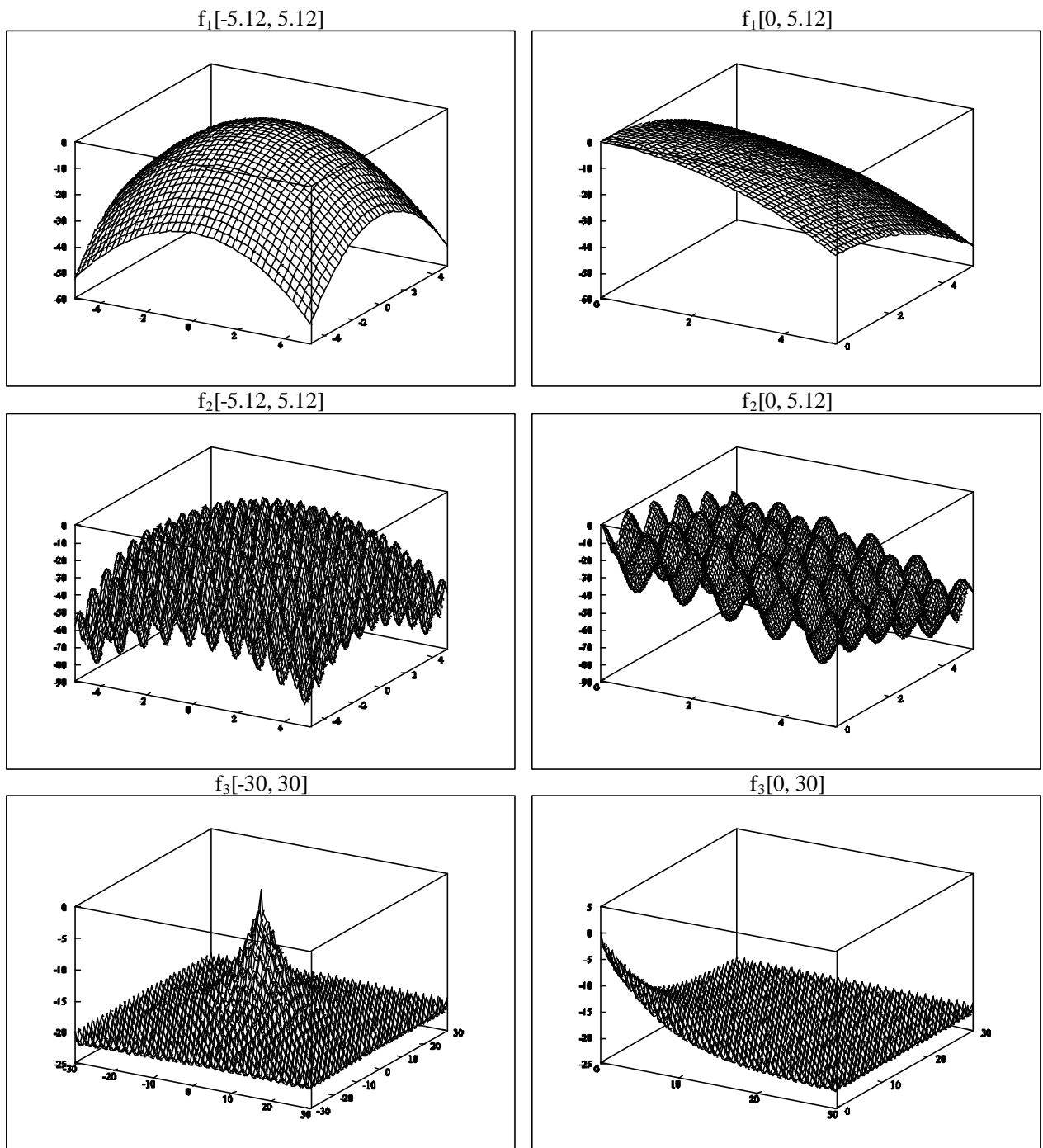


Figura 2. Representación inversa de las funciones a optimizar.

TABLA 2. RESULTADOS ESTADÍSTICOS OBTENIDOS POR LOS MEJORES INDIVIDUOS EN 10 EJECUCIONES PARA CRUCE CIXL2 BILATERAL (BI) Y UNILATERAL (UN) CON COLA A LA DERECHA CON OPERADORES DE MUTACIÓN, COEFICIENTES DE CONFIANZA Y N PREFIJADOS, PARA LOS DOS DOMINIOS DE LAS FUNCIONES (D1 Y D2)

	Sphere		Rastrigin		Ackley	
	NU, $1-\alpha=0.70$, $n=5$		DM, $1-\alpha=0.95$, $n=5$		NU, $1-\alpha=0.70$, $n=5$	
	Media	D. Típica	Media	D. Típica	Media	D. Típica
Bid1	1.15E-15	3.69 E-16	9.79E-02	8.91E-02	4.81E-04	2.48E-04
Und1	2.22E-16	2.47E-32	2.88E-04	8.13E-04	1.53E-06	1.54E-06
Bid2	0.00E+00	0.00E+00	1.30E+02	1.94E+01	0.00E+00	0.00E+00
Und2	0.00E+00	0.00E+00	2.72E+01	1.59E+01	0.00E+00	0.00E+00

I. CONCLUSIONES

Los resultados no son concluyentes lo que nos lleva a pensar que es conveniente introducir en el cruce unilateral un nuevo padre para el cruce CIXL2, el extremo inferior o superior del intervalo unilateral que coincide con el borde del dominio para que sirva de guía al algoritmo de búsqueda. Para obtener el óptimo global en estas funciones hemos utilizado cruces por intervalo de confianza bilateral (sabiendo a priori que este óptimo no se encuentra en un extremo del dominio de las variables) o unilateral con cola a la derecha (sabiendo a priori que el óptimo se encuentra en el extremo inferior del dominio de las variables), basado en la media de los mejores individuos. En todos los casos hemos utilizado un coeficiente de confianza de 0.7 que junto con un número de mejores padres de 5, nos lleva a pensar que para optimizar este tipo de funciones se requiere que el algoritmo tenga un marcado carácter explotador y que con las coordenadas de los cinco mejores padres de cada generación tenemos suficiente información para dirigir la búsqueda. La mutación No Uniforme propuesta para las funciones Sphere y Akley nos indica que conforme aumenta el número de generaciones del algoritmo este pasará de ser más explorador a ser más explotador favoreciendo la precisión de la búsqueda local en las últimas generaciones. Por otra parte, dado que la mutación Discontinua Modal es del mismo tipo que la Continua Modal, presenta características similares de pequeños cambios en las coordenadas de los genes con una gran probabilidad y grandes cambios con una probabilidad pequeña, lo que es muy conveniente para la optimización de la función de Rastrigin.

II. AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por la CICYT a través de los proyectos TIC2001-2577 y TIC2002-04036-C05-02.

III. BIBLIOGRAFÍA

- [1] Wright, Genetic algorithms for real parameter optimization, Rawlin, G.J.E. ed, Foundations of Genetic Algorithms 1, 205-218. Morgan Kaufmann, 1991.
- [2] L.J. Eshelman and J.D. Schaffer. Real-coded genetic algorithms and interval-schemata. Whitley, L.D. ed. Foundations of Genetic Algorithms 21, 187-202. Morgan Kaufmann, 1993.
- [3] F. Herrera, M. Lozano and J.L. Verdegay, "Tackling real-coded genetic algorithms: Operators and tools for the behavioural analysis". Artificial Intelligence Rev. vol. 12, pp 265-319, 1998.
- [4] F. Herrera, E. Herrera-Viedma, M. Lozano and J.L. Verdegay, Fuzzy tools to improve genetic algorithms. Second European Congress on Intelligent Techniques and Soft Computing, 1532-1539, 1994.
- [5] H. Kita, I. Ono and S. Tsutsui. Multiparental extension of the inmodal distribution crossover for real-coded genetic algorithms. IEEE International Conference on Evolutionary Computation, 1581-1587, Washington, 1999.
- [6] A.E. Eiben. Practical Handbook of Genetic Algorithms Complex Coding Systems, vol 3. Experimental results on the effects of multi-parent recombination: an overview. CRC Press, 1999.
- [7] D. Ortíz, C. Hervás and J. Muñoz. Genetic algorithm with crossover based on confidence intervals as an alternative to traditional nonlinear regression methods. European Symposium in Artificial Neural Networks, Brujas. 2001.
- [8] D. Ortíz, C. Hervás and J. Muñoz. Genetic algorithm with crossover based on confidence intervals as an alternative to least squares estimation for nonlinear models. Metaheuristic International Congress, Oporto. 2001.
- [9] T. Zhang, and J.J. Kim, Comparison of selection methods for evolutionary optimization. Evolutionary Optimization, 2(1): 55-70. 2000.
- [10] J. H. Bäck. Evolutionary Algorithms in Theory and Practice. Oxford University Press. 1996.
- [11] D.E. Goldberg and K. Deb. A comparative analysis of selection schemes used in genetic algorithms. Rawlins, G. J. E. Ed. Foundations of Genetic Algorithms, 69-93. Morgan Kaufmann. 1991.
- [12] K. A. De Jong, An analysis of the behaviour of a class of genetic adaptive systems. Ph. D. thesis, University of Michigan, Ann Arbor, 1975.
- [13] Z. Michalewicz. Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs. Springer-Verlag. 1992.
- [14] H. Mühlenbein and D. Schlierkamp-Voosen. Predictive models for breeder genetic algorithm in continuous parameter optimization. Evolutionary Computation, (1) 25-49, 1993.
- [15] M. Kendall and S. Stuart. The advanced theory of statistics. Vol 1. Charles Griffin & Co. 1977.
- [16] P. Huber Robust Estimation of location parameter. Annals of Mathematical Statistics 35 (1). 1964.
- [17] H. Wolpert and W.G. Macready. No Free Lunch Theorems for Optimization. IEEE Transactions on Evolutionary Computation 1(1) 67-82
- [18] Ortíz, "Operadores de cruce basados en intervalos de confianza en algoritmos genéticos con codificación real". Tesis Doctoral, Málaga 2001.
- [19] Herrera, M. Lozano y J.L. Verdegay, "Fuzzy Connectives Based Crossover Operators to Model Genetic Algorithm Population Diversity." Fuzzy Sets and Systems, vol. 92, pp. 21-30, 1997.

- [20] Eiben and T. Bäck. An empirical investigation of multi-parent recombination operators in evolution strategies. *Evolutionary Computation*, 5(3):347-365. 1997
- [21] S. Tsutsui and A. Ghosh A study on the effect of multiparent recombination in real coded genetic algorithms. *IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, 828-833, Anchorage, USA. 1998
- [22] C. Hervás y D. Ortíz. Operadores de cruce basados en estadísticos de localización para algoritmos genéticos con codificación real. *Primer Congreso Español de Algoritmos Genéticos y Bioinspirados*. Mérida (España). 2002
- [23] D. Ortíz, C. Hervás, N García. Crossover Operator Effect in Function Optimization with Restrictions. *VII Parallel Problem Solving from Nature*. Granada (Spain). 184-193 2002
- [24] C. Hervás, D. Ortíz, N García. Theoretical Analysis of the Confidence Interval Based Crossover for Real-Coded Genetic Algorithms. *VII Parallel Problem Solving from Nature*. Granada (Spain). 153-161.2002
- [25] S. Tsutsui and D. E. Goldberg. Search Space Boundary Extension Method in Real-Coded Genetic Algorithms. *Information Sciences*, Vol 133/3-4; 229-247, 2001.