

## selecting 参考资料

概要：高级选择函数

描述：

此函数执行通用选择，处理多个种群，选择过程实际上调用了低级选择函数。

语法：

```
SelCh = selecting(SEL_F, Chrom, FitnV)
SelCh = selecting(SEL_F, Chrom, FitnV, GGAP)
SelCh = selecting(SEL_F, Chrom, FitnV, GGAP, SUBPOP)
```

详细说明：

函数 select 从种群 Chrom 中选择优良个体，并将选择的个体返回到新种群 SelCh 中。  
SEL\_F 为包含低级选择函数名称的字符串如 ‘rws’。

Chrom 为包含当前人口的个体（母体）的矩阵，每一行对应一个个体。

FitnV 为包含种群 Chrom 中个体的适应度值的列向量，这个适应度包含了每个个体被选择的预期概率。

GGAP (可选参数) 表示代沟，表示被选择的种群的比率, 默认值为 1.0。允许代沟大于 1，表示子代种群个体数大于父代种群个体数。

SUBPOP (可选参数) 表示子种群的数量。如果 SUBPOP 缺省或设为 None 时, 默认的 SUSPOP=1。Chrom 中的所有子种群个体数量是相等的。

算法说明：

selecting 检测输入参数的一致性并调用低级选择函数，遍历所有子种群进行选择操作。

应用实例：

考虑以下具有 8 各个体的种群 Chrom，其适应度为 FitnV。

```
Chrom=np.array([[1,11,21],
                [2,12,22],
                [3,13,23],
                [4,14,24],
                [5,15,25],
                [6,16,26],
                [7,17,27],
                [8,18,28]])

FitnV = np.array( [[1.50,1.35,1.21,1.07,0.92,0.78,0.64,0.5]]).T
SelCh = selecting('sus',Chrom,FitnV)  #使用随机遍历抽样sus选择个体
```

得到 SelCh:

SelCh = 
$$\begin{pmatrix} 1 & 11 & 21 \\ 4 & 14 & 24 \\ 3 & 13 & 23 \\ 1 & 11 & 21 \\ 2 & 12 & 22 \\ 6 & 16 & 26 \\ 4 & 14 & 24 \\ 7 & 17 & 27 \end{pmatrix}$$