

crtrp 参考资料

概要: 创建实数值初始种群。

描述:

该函数利用随机函数 `rand` 生成一个实数值的种群矩阵，矩阵的每一行代表一个个体的染色体串，染色体串是由随机的十进制实数构成的。

语法:

```
Chrom = crtrp(Nind, FieldDR)
```

详细说明:

该函数生成一个由十进制实数组成的随机种群矩阵，在遗传算法中，这种矩阵是不需要进行解码的。矩阵的每一列控制着一个变量的表现型。

`Nind` 是一个整数，代表种群的大小，即种群包含的个体数。

`FieldDR` 是一个 2 行 `Nvar` 列的矩阵 (`Nvar` 为种群中每个个体的变量个数)，其结构详见 `crtip` 参考资料，称为区域描述器，但它不是译码矩阵，因为实数值种群不需要进行译码。它描述了变量的边界范围，第一行代表变量的下界，第二行代表变量的下界，并且不考虑变量是否包含边界的情况。它在变异函数里也有应用。

区域描述器 `FieldDR` 具有下面的结构：

$$\begin{pmatrix} x_1 \text{下界} & \cdots & x_n \text{下界} \\ x_1 \text{上界} & \cdots & x_n \text{上界} \end{pmatrix}$$

应用实例:

```
# 定义边界范围变量
FieldDR=np.array([[ -3, -4, 0, 2], # 下界
                  [ 2, 3, 2, 2]]) # 上界
crtrp(4, FieldDR) # 创建一个包含4个个体的随机实数值种群。
```

$$\text{Chrom} = \begin{pmatrix} 1.21326674 & 0.42325289 & 0.31157707 & 2.0 \\ 0.33649818 & 0.98672591 & 0.47582162 & 2.0 \\ 0.076081 & 2.21511576 & 0.46025118 & 2.0 \\ 1.87598638 & 0.31419139 & 0.53891627 & 2.0 \end{pmatrix}$$