

bs2int 参考资料

**概要:** 二进制串到整数值的转换。

**描述:**

该函数把二进制种群解码成十进制整数种群（无论它是标准的二进制编码还是格雷码），并且能够支持大数运算。

**语法:** Phen = bs2int(Chrom, FieldD)

**详细说明:**

Phen = bs2int(Chrom, FieldD) 根据区域描述器（又称译码矩阵）将用二进制/格雷码编码的种群矩阵 Chrom 解码成十进制的整数表示的种群矩阵 Phen。

二进制/格雷码种群 Chrom 是诸如下图所示的矩阵，矩阵的每一行代表种群中的一个个体的染色体。

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

译码矩阵 FieldD 具有下面的结构：

$$\begin{pmatrix} lens \\ lb \\ ub \\ codes \\ scales \\ lbin \\ ubin \end{pmatrix}$$

其中，*lens* 包含染色体的每个子染色体的长度。 $\text{sum}(lens)$  等于染色体长度。*lb* 和*ub* 分别代表每个变量的上界和下界。*codes* 指明染色体子串用的是标准二进制编码还是格雷编码。*codes*[*i*] = 0 表示第*i*个变量使用的是标准二进制编码；*codes*[*i*] = 1 表示使用格雷编码。*scales*、*lbin* 和*ubin* 的含义详见 bs2rv 函数的参考资料。在本函数中，这三个量并无实际用途，仅为了兼容 bs2rv 函数而设。因为本函数规定解码时使用算术尺度，并且包含变量的两个边界。至于要使用不包含变量的边界的使用场合，需要调用 crtflld 函数以生成符合规格的译码矩阵 FieldD。

**应用实例:**

调用 crtbp 函数生成一个二进制种群 Chrom，代表 2 个变量，范围分别是 [-4,2] 和 [-2, 7]。用 bs2int 函数将 Chrom 解码转换成整数表现型。

```
Chrom = crtbp(3, 5) # 调用crtbp创建一个3行5列的二进制种群矩阵
```

$$\text{Chrom} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

```
# 创建译码矩阵
FieldD = np.array([[2,3], [-4,-2], [2,7], [1,1], [1,1], [1,1], [1,1]])
Phen = bs2int(Chrom, FieldD) # 进行解码
```

解码后结果如下：

$$\text{Phen} = \begin{pmatrix} 2 & -1 \\ -2 & -2 \\ -4 & 3 \end{pmatrix}$$

**解释:** 对 Chrom 进行解码时，bs2int 函数是先把二进制矩阵转换成十进制自然数矩阵，然后把结果均匀映射到变量的区间上，得到解码结果。当使用格雷码进行解码时，bs2int 函数先将格雷码矩阵转换成标准二进制编码矩阵，然后再按上述方式转换。

**注:** 因为采用的是均匀的区间映射的方式，因此，当编码空间比解空间大时，会出现多个不同的染色体解码后得到的值是一样的情况；另外，若编码空间比解空间小，则会出现解空间中有些值无法通过解码得到（此时出现了较为明显的“汉明悬崖”）。

译码矩阵的结构比较复杂，但作为一个开放式框架，你可以手写比较复杂的译码矩阵 FieldD，也可以调用 crtflld 函数来自动生成。详见“crtflld 参考资料”。