

crtrp 参考资料

概要: 创建实数值种群染色体矩阵。

描述: 该函数创建一个元素服从均匀分布随机数的实数值种群染色体矩阵。

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，矩阵的每一行代表一个个体的一条染色体，这条染色体是由随机的实数构成的。
Nind 是一个整数，代表种群规模，即种群包含的个体数。
FieldDR 是一个 3 行 D 列的矩阵 (D 为种群中每个个体的变量个数)，称为区域描述器，它描述了“实值编码”（即染色体每一位的元素不需要解码而直接代表变量的编码方式）染色体所表示的变量的范围，第一行代表变量的下界（闭区间），第二行代表变量的下界（闭区间），第三行代表变量是离散还是连续的（0 表示连续，1 表示离散）。
区域描述器 FieldDR 具有下面的结构 (0/1 表示取值 0 或 1):

$$\begin{pmatrix} x_1 \text{下界} & \cdots & x_n \text{下界} \\ x_1 \text{上界} & \cdots & x_n \text{上界} \\ 0/1 & \cdots & 0/1 \end{pmatrix}$$

因为本函数是生成实数染色体，因此传入的 FieldDR 的第三行是无用参数，仅仅为了兼容其他函数而传入统一格式的 FieldDR。

应用实例:

```
import numpy as np
import geatpy as ea
FieldDR=np.array([[ -3, -4, 0, 2], # 下界
                  [ 2, 3, 2, 2], # 上界
                  [ 0, 0, 0, 0]])
Chrom = ea.crtrp(3,FieldDR)
```

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

分布性测试:

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import geatpy as ea
FieldDR=np.array([[0], # 下界
                  [2], # 上界
                  [1]])
Chrom = ea.crtrp(1000000,FieldDR)
plt.hist(Chrom, range=(0,2), bins=200, density=True) # 绘制直方图
plt.xlabel('Values')
plt.ylabel('Numbers')
plt.show()
```

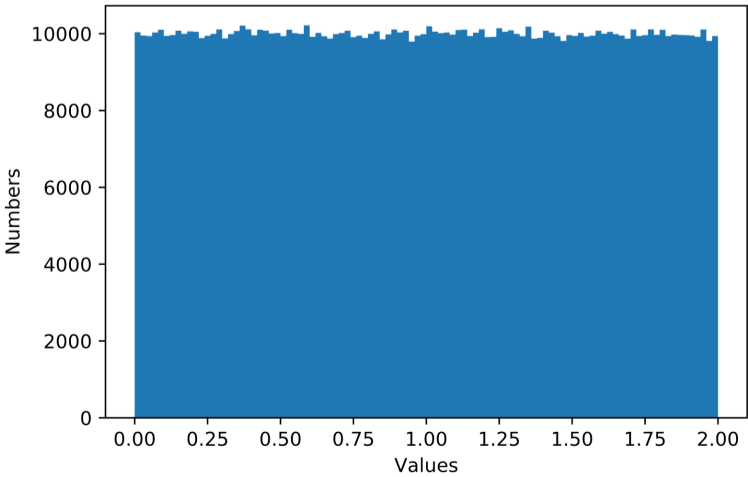


图 1 各值出现次数统计图