

boundfix 参考资料

概要: 种群染色体边界修复。

描述:

该函数先根据区域描述器 FieldDR 对超出设定的边界范围的种群染色体矩阵（OldChrom）的元素进行修复，然后对染色体中代表离散型变量的元素进行四舍五入，返回一个新的种群染色体矩阵。

该函数支持循环和截断两种修复方式：循环修复是指把边界范围的首尾相接，将超出边界范围的元素对范围的区域长度求模得到修复值；截断修复是指对超出边界范围的元素取与其最近的边界值。

语法:

```
NewChrom = boundfix(Encoding, OldChrom, FieldDR)
NewChrom = boundfix(Encoding, OldChrom, FieldDR, Loop)
```

详细说明:

Encoding 为字符串，表示染色体编码方式，（详见“Geatpy 数据结构”章节）。该函数只针对实整数编码的种群染色体进行边界修复，因此只允许 Encoding 为’RI’。

OldChrom 为 Numpy array 类型的种群染色体矩阵，每一行对应一个个体的染色体。

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)：

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

Loop 是一个布尔类型变量，表示是否采用循环的方式处理超出边界的值（当缺省或为 None 时默认为 False）。如果 Loop 为 True，则采用循环的方式处理超出边界的值：修复值 = 超出范围的值 mod 变量的取值范围的区间长度；如果 Loop 为 False，则采用截断的方式处理超出边界的值：修复值 = 离超出范围的值最近的边界值。

NewChrom 为经过边界修复后的种群染色体矩阵。

特别注意:

本函数不会对传入的 FieldDR 的数据合法性进行检查。需要确保它所表示的变量的下界不能超过上界，并且离散型变量的上下界必须是整数。另外，对于连续型变量，若采用循环修复方式，则可能会出现浮点数偏差，例如 0.9 变成 0.888888888889。

对于要让 FieldDR 不包含变量边界的场合，需要手动调整 FieldDR 的上下界范围，或者调用 crtflD 函数以生成符合规格的 FieldDR。

应用实例:

```
import numpy as np
import geatpy as ea
OldChrom = np.array([[ -1, -1, -1, -1, -1, -1],
[ 1, 2, 1, 1, 2, 1]])
FieldDR = np.array([[ 0, 0, 0, 0, 0, 0],
[ 1, 1, 0, 1, 1, 0],
[ 0, 0, 0, 1, 1, 1]])
NewChrom = ea.boundfix('RI', OldChrom, FieldDR, Loop = False)
```

结果如下：

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

若将上面的代码的 Loop = False 改为 Loop = True，则结果如下：

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