

## crtpp 参考资料

**概要:** 创建一个排列编码种群染色体矩阵。

**描述:**

该函数创建具有排列编码特征的种群染色体矩阵，染色体的每位元素具有互异性。

**语法:**

`Chrom = crtpp(Nind, FieldDR)`

**详细说明:**

`Nind` 是一个整数，代表种群规模，即种群包含的个体数。

`FieldDR` 是区域描述器，但传入本函数的 `FieldDR` 有特殊要求：必须是如下形式：

$$FieldDR = \begin{pmatrix} \text{下界} & \dots & \text{下界} \\ \text{上界} & \dots & \text{上界} \\ 1 & \dots & 1 \end{pmatrix}$$

第一行的元素必须全部等于下界；第二行的元素必须全部等于上界；第三行是无用参数，这里仅仅为了兼容其他函数而传入相同格式的 `FieldDR`。

`FieldDR` 的列数等于要生成的染色体的长度。

例如：假如传入的 `FieldDR` 有 4 列，其第一行全为 2，第二行全为 7，那么将从 2,3,4,5,6,7 中随机抽取 4 个不同的元素组成一条染色体。

**应用实例:**

欲从 1-8 中抽取 6 个数构成染色体，并且生成含有 4 条染色体的排列编码种群：

```
import numpy as np
import geatpy as ea
Nind = 4 # 染色体数
Lind = 6 # 染色体长度
FieldDR = np.array([[1]*Lind, [8]*Lind, [1]*Lind]) # 创建区域描述器
Chrom = ea.crtpp(Nind, FieldDR)
```

$$\text{Chrom} = \begin{pmatrix} 3 & 4 & 2 & 7 & 8 & 6 \\ 5 & 4 & 7 & 1 & 2 & 3 \\ 8 & 7 & 1 & 3 & 4 & 2 \\ 2 & 6 & 5 & 1 & 3 & 8 \end{pmatrix}$$