

crtip 参考资料

概要: 创建一个整数值种群染色体矩阵。

描述:

该函数随机生成一个给定了大小和结构的种群染色体矩阵，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整数构成的。

语法:

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

详细说明:

Nind 是一个整数，代表种群的规模，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):

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

因为本函数是生成整数染色体，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([[ -3.1, -2, 0, 3], # 下界
                  [ 4.2, 2, 1, 3], # 上界
                  [ 1,   1, 1, 1]])
Chrom = ea.crtip(3,FieldDR)
```

$$Chrom = \begin{pmatrix} -4 & -1 & 1 & 3 \\ -2 & 0 & 0 & 3 \\ 1 & 0 & 1 & 3 \\ -2 & -1 & 0 & 3 \end{pmatrix}$$

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.crtip(1000000,FieldDR)
plt.hist(Chrom, range=(0,2), bins=100) # 绘制直方图
plt.xlabel('Values')
plt.ylabel('Numbers')
plt.show()
```

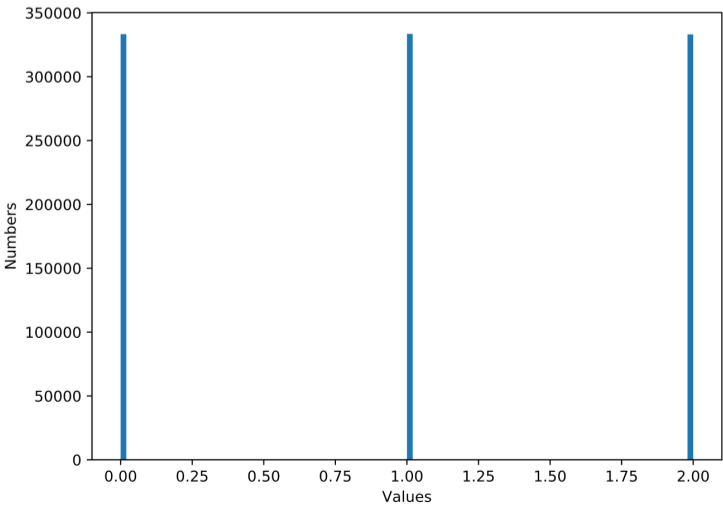


图 1 各值出现次数统计图