

bs2ri 参考资料

概要: 二进制/格雷编码的矩阵到实整数值编码矩阵（包含实数和整数）的转换。

描述:

该函数根据译码矩阵 FieldD 把二进制/格雷编码的种群染色体矩阵解码为由十进制实数和整数组成的种群表现型矩阵。

语法: Phen = bs2ri(Chrom, FieldD)

详细说明:

该函数实际上是通过译码矩阵 FieldD 的最后一行 *varTypes* 来确定哪些染色体片段需要被解码成整数，哪些需要被解码成实数，然后分别调用 bs2int 和 bs2real 来完成种群染色体的解码。

关于译码矩阵 FieldD 的描述详见“bs2int”和“bs2real”中的说明。不同之处在于在 bs2int 中 FieldD 的最后一行必须全为 1；在 bs2real 中 FieldD 的最后一行必须全为 0，而传入本函数的 FieldD 的最后一行需要根据实际需要解码成整数还是实数来取 1 或 0（1 表示解码后是整数，0 表示解码后是实数）。

应用实例:

考虑一个二进制编码的种群染色体矩阵：

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

欲让其解码后得到两个决策变量，染色体的前 2 位表示第一个决策变量，后 3 位表示第二个元素，两决策变量的范围分别是 [-4,2] 和 [-2, 7]。用 bs2int 函数将 Chrom 解码转换成整数表现型。

```
import numpy as np
import geatpy as ea
Chrom = np.array([[1,0,0,0,1],
                  [0,1,0,0,0],
                  [0,0,1,1,0]])
FieldD = np.array([[2,3],[-4,-2],[2,7],[1,1],[0,0],[1,1],[1,1],[1,0]])
Phen = ea.bs2ri(Chrom, FieldD) # 进行解码
```

解码后结果如下：

$$\text{Phen} = \begin{pmatrix} 2 & -0.71428571 \\ -2 & -2 \\ -4 & 3.14285714 \end{pmatrix}$$