

## mutbga 参考资料

**概要:** 实值突变。

**描述:**  
该函数用给定的概率对实数值种群的染色体进行变异，并返回变异后的结果。

**语法:**  
NewChrom = mutbga(OldChrom, FieldDR)  
NewChrom = mutbga(OldChrom, FieldDR, Pm)  
NewChrom = mutbga(OldChrom, FieldDR, Pm, MutShrink)  
NewChrom = mutbga(OldChrom, FieldDR, Pm, MutShrink, Gradient)

**详细说明:**  
所谓实数值种群即种群矩阵的每个元素都是实数。  
OldChrom 即变异前的实数值种群矩阵。  
FieldDR 是区域描述器，其概念详见 crtrp 参考资料。  
Pm 是一个在 [0,1] 上的实数，代表变异的概率。缺省时默认  $Pm = 0.7/Lind$ ，其中 Lind 为种群个体的染色体长度。  
MutShrink 是一个在 [0,1] 上的实数，代表压缩率，用于压缩变异结果，缺省情况下默认为 2。  
当 MutShrink 为 1 时，该函数会增强对控制变量边界区域的变异。即变异结果更容易出现在控制变量的范围边界。  
Gradient 是变异距离的梯度划分个数，表示将变异距离划分多少个梯度，函数将根据梯度来变异。例如：控制变量的范围为 0-4，Gradient = 4，那么划分梯度为：1，0.5，0.25，0.125，变异时，从这 4 个数中随机选择 1 个到 4 个求和后乘上变量范围，得变异距离，然后进行变异。当超出变量范围时，取变量的边界值。默认情况下，Gradient 的值为 20。

**应用实例:**  
根据 FieldDR 使用 crtrp 创建一个有 3 个个体的简单离散种群，然后用 mutbga 函数进行实数值变异 (变异概率设为 0.1, 压缩率设为 1)。

```
FieldDR = np.array([
    [8,7],
    [10,10]])
OldChrom = crtrp(3, FieldDR)
NewChrom = mutbga(OldChrom, FieldDR, 0.1, 1)
```

变异前种群矩阵如下：

$$\text{OldChrom} = \begin{pmatrix} 9.28458271 & 7.0 \\ 8.0 & 7.0 \\ 9.67620623 & 9.99391841 \end{pmatrix}$$

变异后，种群矩阵如下：

$$\text{NewChrom} = \begin{pmatrix} 9.28458271 & 7.0 \\ 8.00000763 & 7.0 \\ 9.67620623 & 9.98796749 \end{pmatrix}$$

**参考文献:**  
[1] H. Mühlenbein and D. Schlierkamp-Voosen, “Predictive Models for the Breeder Genetic Algorithm: I. Continuous Parameter Optimization” , Evolutionary Computation, Vol. 1, No. 1, pp.25-49, 1993.