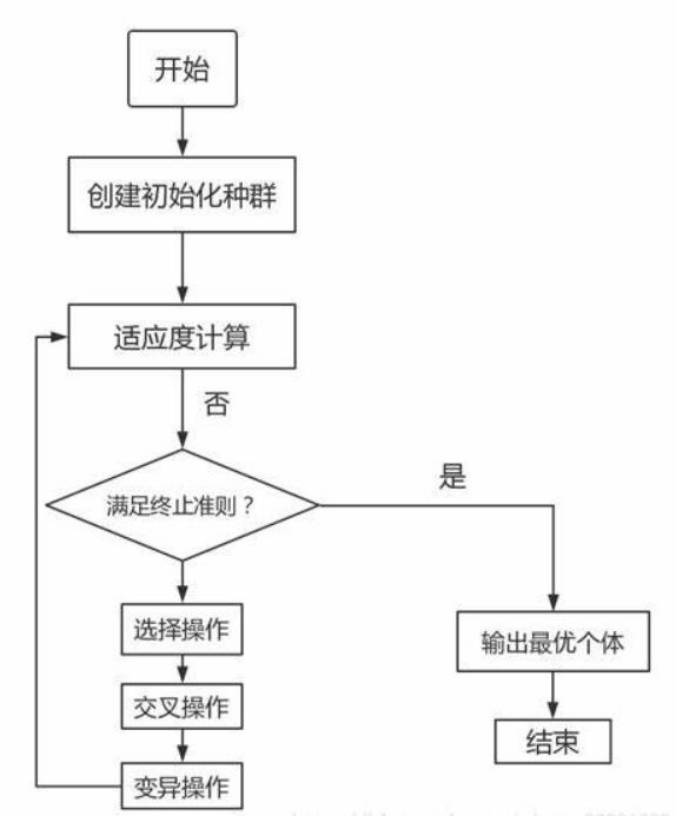
用遗传算法求解 f(x)=10*sin(5x)+7*cos(4x)，在 x∈[0,10]上的最大值。给出详细的分析求解过程，并附上程序代码（不限编程语言）。

解：遗传算法流程图如下：



（1）确定遗传算法的运行参数

群体大小：N=50；终止代数：G=100

交叉概率：Pc=0.8；变异概率：Pm=0.1

区间上限：xs=10; 区间下限：xx=0

（2）确定编码方法

个体编码方法有二进制编码和实数编码，在解决三角函数最大值求解问题选择个体编码方法为二进制编码，用一个 20 位的二进制数表示 x，则 x=0+10*b/(2^20), 其中 b 是 [0,2^20] 中的一个二值数。故二进制长度 L=20。

（3）确定适应度函数

由于需要求最大值，所以可以直接将目标函数作为适应度函数，

$$F(x)=10\sin(5x)+7\cos(4x)$$

对适应度函数进行归一化：

$$\widetilde{F}(x)=(F(x)-\min(F(x)))/(\max(F(x))-\min(F(x)))$$

（4）选择操作

按适应度比例分配：目前遗传算法中最基本且最常用的算法，各个个体被选择的概率和其适应度值成比例。设群体规模大小为 N，个体 i 的适应度值为 f，则这个个体被选择的概率为

$$p_{si}=\frac{f_i}{\sum_{i=1}^{N} f_i}$$

（5）交叉操作

单点交叉：先对群体进行随机配对，其次随机设置交叉点位置，最后再相互交换配对染色体之间的部分基因。

（6）变异操作

基本位变异：首先确定变异的染色体，然后确定染色体变异位置，依照某一概率将变异点的原有基因值取反，即 0->1，1->0。

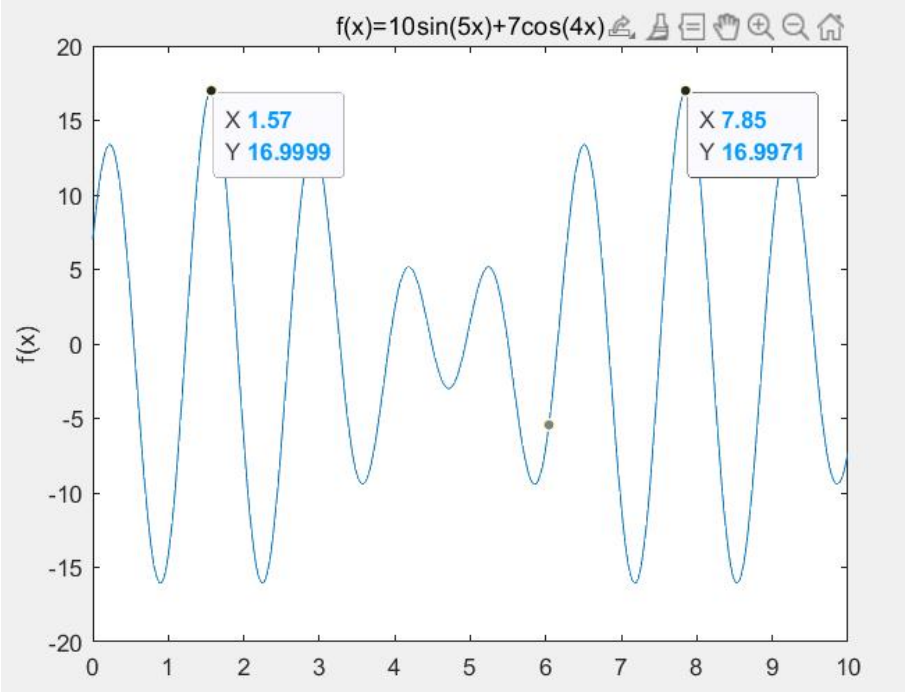
（7）求解结果

使用遗传算法求解，函数 f(x)=10sin(5x)+7cos(4x)有两个相等的最大值，为 17，对应坐标的位置为（1.5709，17），（7.8541，17）。

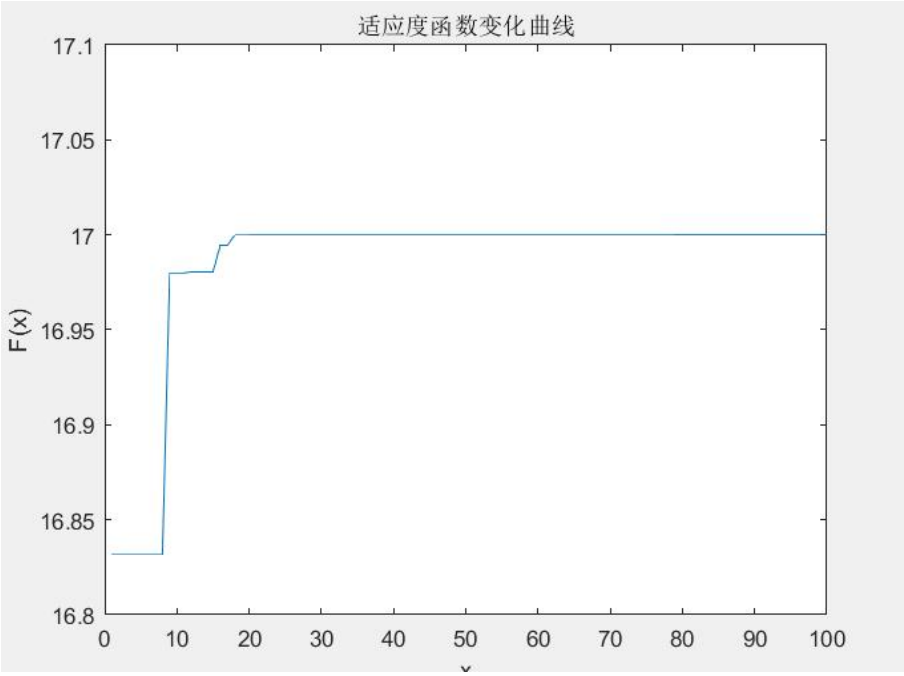
最终函数最大值点为1.5709
最终函数最大值为17

最终函数最大值点为7.8541
最终函数最大值为17

画出函数的图像如下，与遗传算法求解结果相同：



适应度函数变化曲线如下：



代码如下：

```
clc,clear
N = 50;%种群数量
L = 20;%二进制位串长度
pc =0.8;%交叉率
pm =0.1;%变异率
g =100;%最大遗传代数
xs =10;%上限
xx =0;%下限
f = round(rand(N,L));%随机初始化种群（二维数组）
%遗传算法循环
for k =1:g
    %将二进制解码为定义域范围内十进制
    for i = 1:N
        u =f (i,:);
        m = 0;
        for j =1:L
            m = u(j)*2^(j-1)+m;%求出该个体的二进制编码的十进制数
        end
        x(i) = xx + m*(xs-xx)/(2^L-1);%映射到所要求的自变量区间上
        fit(i) = func1(x(i));%调用适应度函数
```

```
    end
    maxfit = max(fit);%定义适应度中的最大值
    minfit = min(fit);%定义适应度中的最小值
    rr = find(fit==maxfit);
    fbest = f(rr(1,1),:);%得到第 k 代最优个体的染色体编码数组
    xbest = x(rr(1,1));%得到最优个体对应十进制映射数值
    fit = (fit-minfit)/(maxfit-minfit);%归一化适应度函数值

    %基于轮盘赌的复制操作
    sum_fit = sum(fit);%适应度函数的和
    fitvaule  = fit./sum_fit;%计算概率
    fitvaule = cumsum(fitvaule);%计算累加概率
    ms = sort(rand(N,1));%随机生成 N 行 1 列在[0，1]范围内的列向量并升序排列
    fiti = 1;%原种群当前被比较的个体序号
    newi = 1;%被选择进入下一代的个体序号
    while newi <= N
        if (ms(newi)) < fitvaule(fiti)
            nf(newi,:) = f(fiti,:);
            newi = newi +1;
        else
            fiti = fiti +1;
        end
    end

    %基于概率的交叉操作
    for i = 1:2:N   %选择两个优秀个体
        p = rand;%生成[0,1]的随机小数
        if p <pc%若 p 小于交叉概率
            q = round(rand(1,L));%生成一条（0，1）分布的二进制数串
            for j =1:L
                if q(j) == 1%如果第 j 位上的值为 1，则进行第 i 组个体的第 j 位交
叉操作
                    temp = nf(i+1,j);
                    nf(i+1,j) = nf(i,j);
                    nf(i,j) = temp;%完成第 j 位交叉互换
```

```
            end
        end
    end
end

%基于概率的变异操作
i =1;
while i <= round(N*pm)%四舍五入取整
    h = randi(N);%随机选取一条需要变异的染色体
    for j = 1:round(L*pm)%在需要变异的染色体上进行 L*pm 个记忆变异
        g = randi(L);%随机选择变异的基因序号
        nf(h,g) = ~nf(h,g);%取反完成变异
    end
    i = i+1;
end

f = nf;
f(1,:) =fbest;
value(k) = maxfit;
end
disp(['最终函数最大值点为',num2str(xbest)])
disp(['最终函数最大值为',num2str(func1(xbest))])

figure(1);
xy = 0:0.01:10;
y =  10*sin(5*xy)+7*cos(4*xy);
plot(xy,y)
xlabel('x')
ylabel('f(x)')
title('f(x)=10sin(5x)+7cos(4x)')
figure(2);
plot(value)
xlabel('x')
ylabel('F(x)')
title('适应度函数变化曲线')
```

```
axis([0 100 16.8 17.1])
function result = func1(x)
fit = 10*sin(5*x)+7*cos(4*x);
result = fit;
end
```