

# 细菌觅食算法

潘镇涛 21721273

## 1 大肠杆菌的觅食行为

大肠杆菌是目前研究比较透彻的微生物之一，细菌的表面遍布着纤毛和鞭毛。纤毛是一些用来传递细菌之间各种基因的能运动的突起状细胞器，而鞭毛是一些用来帮助细胞移动的细长而弯曲的丝状物。另外，大肠杆菌在觅食过程中的行为可受到其自身控制系统的指引，且该控制系统能保证细菌始终朝着食物源的方向前进并及时地避开有毒的物质。例如，它会向着中性的环境移动，避开碱性和酸性的环境，并且在改变其一次状态之后及时对效果进行评价，为下一次状态的调整提供决策信息。

大肠杆菌的移动完全取决于其表面上的所有鞭毛的同方向上的转动。当所有鞭毛都沿逆时针方向转动时，大肠杆菌被推动向前快速游动；反之，当所有鞭毛都沿顺时针方向转动时，大肠杆菌被施加一个阻力而原地旋转不再向前游动。

生物学研究表明，大肠杆菌的觅食行为主要包括以下四个步骤：

Step1 寻找可能存在食物源的区域；

Step2 决定是否进入此区域，若进入，则进行下一步骤，若不进入，则返回上一步；

Step3 在所选定的区域中寻找食物源；

Step4 消耗掉一定量的食物后，决定是继续在此区域觅食还是迁移到一个更理想的区域。

通常大肠杆菌在觅食过程所遇到的觅食区域存在下面两种情形：

第一种，觅食区域营养丰盛。当大肠杆菌在该区域停留了一段时间之后，区域内的食物已被消耗完，大肠杆菌不得不离开当前区域去寻找另一个可能有更丰富食物的区域。

第二种，觅食区域营养乏。大肠杆菌根据自身以往的觅食经验，判断出在其它区域可能会有更为丰盛的食物，于是适当改变搜索方向，朝着其认为可能有丰富食物的方向前进。

总的来说，大肠杆菌所移动的每一步都是在其自身生理和周围环境的约束下，尽量使其在单位时间内所获得的能量达到最大。细菌觅食算法正是分析和利用了大肠杆菌的这一觅食过程而提出的一种仿生随机搜索算法。

## 2 算法的基本原理

细菌觅食算法是随机搜索的智能优化算法，其数学模型主要有三个基本步骤：趋向、复制、迁移。几何解释为三个循环层操作，最里层是趋向，中间层是复制，最外层是迁移，细菌觅食行为主要就是依据这三层循环操作来寻找食物。

### 2.1 趋向性操作

大肠杆菌觅食的行为主要是依据自身的特点，其觅食特性依靠鞭毛的旋转方向，若鞭毛是逆时针旋转细菌就会快速的前进，反之，当顺时针旋转细菌反而不会快速前进，仅是留在原地。相应的数学模型解释就是当计算出两个点位置的函数的适应度值，通过比较结果决定细菌是继续前进还是寻找随机方向移动，当尝试次数达到最大限制数时选择下一个细菌进行趋向性的操作。

在BFA 模型中，细菌的趋向性操作的数学表达式为：

$$\theta_i(j+1, k, l) = \theta_i(j, k, l) + C(i) \frac{\Delta(i)}{\Delta(i)^T \Delta(i)}$$

其中， $\theta_i(j, k, l)$ 表示细菌 $i$ 在第 $j$ 次趋向第 $k$ 次复制第 $l$ 次迁移操作之后所在的位置， $C(i)$ 为趋向步长长度， $\frac{\Delta(i)}{\Delta(i)^T \Delta(i)}$ 为移动的一个随机前进方向。

### 2.2 复制性操作

自然界生物进化的准则是优胜劣汰，因此细菌在经过一段时间的觅食之后，性能较差的细菌就会被淘汰，为了能够更好地保持种群的规模和生物种群的生存，剩余的细菌会继续进行繁殖。在BFA 模型中， $J(i, j, k, l)$ 表示细菌 $i$ 在第 $j$ 次趋向第 $k$ 次复制第 $l$ 次迁移操作之后的适应度值。 $J_{health}^i$ 是细菌 $i$ 的能量函数，其大小决定细菌觅食能力的强弱。将细菌觅食后的能量函数值进行大小排序，淘汰掉 $S/2$ 个能量值较小的细菌，将剩余的 $S/2$ 细菌的细菌进行复制操作，新生成的复制细菌体与原细菌具有完全相同的觅食能力。

### 2.3 迁移性操作

在生物体中生存的细菌，其环境对其觅食具有很大的影响，比如局部区域

的温度升高或者食物被消耗掉，这些必然导致细菌被迫迁移到新的区域去寻找食物，在模型中表现为迁移操作。这种迁移未必导致细菌寻找不到新的食物，反而会对种群的良好生长起到促进作用，在经过复制操作之后细菌若按照一定的概率进行迁移，到新的区域继续寻找食物，新的种群具有随机特性，与原种群相比可能具有不同的觅食能力，这种随机特性能使群体跳出局部极值而更好地靠近全局最优解区域。

## 2.4 聚集性操作

在细菌寻找食物的过程中，各个细菌之间并不是相互独立的寻找食物，即在模型之中体现为引力和斥力，当引力起作用时，细菌会快速地聚集在一起，围绕最优食物觅食，形成细菌群。当斥力起作用时表示细菌能具有更好的独立寻找食物的特性。这种现象在算法中称为聚集性操作。在BFA 模型中，聚集行为表现为( 细菌在引力和斥力作用下能量影响值)：

$$J_{cc}(\theta, P(j, k, l)) = \sum_{i=1}^S J_{cc}(\theta, \theta^i(j, k, l)) = \sum_{i=1}^S [-d_{att} \exp(-w_{att} \sum_{m=1}^P (\theta_m - \theta_m^i)^2)] + \sum_{i=1}^S [-h_{rep} \exp(-w_{rep} \sum_{m=1}^P (\theta_m - \theta_m^i)^2)]$$

其中， $d_{att}$ 是引力深度， $w_{att}$ 是引力宽度， $h_{rep}$ 是斥力高度， $w_{rep}$ 是斥力宽度， $\theta_m^i$ 为细菌 $i$ 的第 $m$ 个分量。通常取 $d_{att} = h_{rep}$ ，趋向性操作的适应度值得计算公式可表示为：

$$J(i, j+1, k, l) = J(i, j, k, l) + J_{cc}(\theta^i(j+1, k, l), P(j+1, k, l))$$

即通过此引力和斥力操作影响适应度值的大小。

## 3 算法的主要步骤及参数选取

细菌觅食算法的主要步骤为如下。

Step 1: 初始化参数，种群大小 $S$ ，空间维数 $P$ ，趋向性行为的次数 $N_c$ ，趋向性操作前进最大步数 $N_s$ ，复制性操作的次数 $N_{re}$ ，迁移操作的次数 $N_{ed}$ ，迁移概率 $P_{ed}$ ，细菌 $i$ 的信息用 $D$ 维向量表示为 $\theta^i = [\theta_1^i, \theta_2^i, \dots, \theta_D^i]$ ,  $i = 1, 2, \dots, S$ , 趋向性步长为 $C(i)$ 。

Step2: 迁移循环操作。

Step3: 复制循环操作。

Step4: 趋向性循环操作。

(1) 细菌 $i$ 进行趋向性一步。

(2)计算 $J(i, j, k, l)$ , 存储最优值 $J_{best}$ 。

(3)随机生成向量 $\Delta(i)$ , 细菌按照步长 $C(i)$ 进行移动。

(4)计算此时的适应度值 $J(i, j+1, k, l)$

(5)旋转判定条件: 若 $m < N_s$ ,  $m = m + 1$ , 若 $J(i, j+1, k, l) < J_{best}$ , 则 $J_{best} = J(i, j+1, k, l)$ , 此时,  $\theta_i(j+1, k, l) = \theta_i(j, k, l) + C(i) \frac{\Delta(i)}{\Delta(i)^T \Delta(i)}$  根据细菌的信息量 $\theta^i(j+1, k, l)$ 计算新的 $J(j+1, k, l)$ , 否则 $m = N_s$ 。

(6)重新处理下一个细菌

Step 5: 若 $j < N_c$ 返回上一步进行细菌趋向性操作。

Step6:复制: 淘汰 $S/2$ 个能量值小的细菌, 对剩下的 $S/2$ 个细菌进行复制。

Step7:若 $k < N_{re}$ , 则返回Step 3。

Step 8: 迁移, 达到一定条件后细菌以概率 $P_{ed}$ 进行重新觅食。若 $l < N_d$ 则返回Step 2, 否则结束寻优。

Step9: 循环结束条件判断, 条件满足则结束, 输出结果。

参数选取存在的问题: 细菌觅食算法中参数对模型的优化结果和性能起着至关重要的作用, 数学模型中种群的规模 $S$ 太大导致计算量增大, 太小会降低种群的多样性; 趋向性步长 $C$ 太大时, 优化值易陷入局部极值; 当太小时, 算法的计算复杂度会大幅度增加, 不利于算法收敛; 引力参数 $d_{att}$ 和 $w_{att}$ 大小决定算法的群聚性, 如果值较大会导致不按照自己的信息搜索寻找食物而过度的向中心靠 $\mathbf{L}$ , 反之太小会完全按照自身信息搜索食物导致群聚性能很弱, 斥力参数 $h_{rep}$ 和 $w_{rep}$ 与引力参数相反; 趋向性操作因子 $N_c$ 决定算法的寻优能力和收敛速度; 趋向性参数 $N_s$ 最大步长对算法的收敛速度有很大的影响; 复制操作因 $N_{re}$ 决定算法的计算复杂度和收敛速度, 并且复制操作所采取的原则计算出的适应度值只与当前位置有关, 导致最优解被淘汰掉容易陷入局部最优; 迁移操作因子执行次数 $N_{ed}$ 太小会使算法陷入局部最优, 反之计算量和复杂度增加, 迁移概率 $P_{ed}$ 太大会使算法进入循环搜索, 以致远离最优解。因此参数的合理的设置成为算法成功的关键。

## 4 总结

本文从大肠杆菌的觅食行为切入, 介绍了觅食算法的生物学基础。进一步的, 本文介绍了细菌觅食算法的工作原理、算法的基本步骤和参数对算法的影响。细菌觅食算法从提出至今, 仅十余年时间, 算法也在不断被研究与改进, 在其数学模型和理论研究上还有很大的发展空间。