Бактериальная оптимизация

Поведение бактерий обусловлено механизмом, который называется *бак- териальным хемота́ксисом* (bacterial chemotaxis) и представляет собой двигательную реакцию микроорганизмов на химический раздражитель. Данный механизм позволяет бактерии двигаться по направлениям к аттрактантам (чаще всего, питательным веществам) и от репеллентов (потенциально вредных для бактерии веществ).

Канонический алгоритм бактериальной оптимизации

Рассмотрим задачу многомерной глобальной безусловной оптимизации. Полагаем, что значения фитнес-функции $\phi(X)$ должны быть максимизированы.

Канонический алгоритм бактериальной оптимизации (Bacterial Foraging Optimization, BFO) основан на использовании трех следующих основных механизмов: хемотаксис, репродукция, ликвидация и рассеивание.

Пусть $X_{i,r,l} = X_{i,r,l}(t) - (|X| \times 1)$ -вектор текущего положения бактерии $s_i \in S$ на итерации t (на t-м шаге хемотаксиса), r-м шаге репродукции и l-м шаге ликвидации и рассеивания. Здесь $i \in [1:|S|]$, $t \in [1:\hat{t}]$, $r \in [1:\hat{t}^r]$, $l \in [1:\hat{t}^l]$, где |S| — четное число агентов в колонии бактерий; $\hat{t}, \hat{t}^r, \hat{t}^l$ — общие числа итераций (шагов хемотаксиса), шагов репродукции, а также шагов ликвидации и рассеивания. Соответствующее значение фитнес-функции обозначим $\phi_{i,r,l} = \phi_{i,r,l}(t)$.

Xемотаксис. Процедура хемотаксиса реализует в алгоритме BFO ло-кальную оптимизацию. Следующее положение $X'_{i,r,l}$ бактерии s_i (то есть положение на (t+1)-м шаге хемотаксиса) определяет формула

$$X'_{i,r,l} = X_{i,r,l} + \lambda_i \frac{V_i}{\|V_i\|_E},$$
(4.1)

где V_i — текущий направляющий ($|X| \times 1$)-вектор шага хемотаксиса бактерии, λ_i — текущая величина этого шага. При плавании бактерии на следующей итерации вектор V_i остается неизменным, то есть верно равенство $V_i' = V_i$. При кувырке бактерии вектор V_i' представляет собой случайный вектор, значения компонент которого находятся в интервале [-1; 1]. Другими словами, при кувыркании имеет место равенство $V_i' = U_{|X|}$ (-1; 1). Плавание каждой из бактерий продолжается до тех пор, пока происходит увеличение значений фитнесфункции.

Величина шага хемотаксиса в формуле (4.1) может меняться в процессе поиска, уменьшаясь по некоторому закону с ростом числа итераций t.

Репродукция (reproduction). Механизм репродукции имеет своей целью ускорение сходимости алгоритма, то есть его интенсификацию. Назовем текущим состоянием здоровья (health status) h_i бактерии s_i сумму значений фитнес-функции во всех точках ее траектории от первой до текущей итерации t:

$$h_i = \sum_{\tau=1}^{l} \varphi_{i,r,l}(\tau), i \in [1:|S|].$$

Вычислим значения всех величин h_i , отсортируем бактерии в порядке убывания состояний их здоровья и представим результат сортировки в виде линейного списка. Механизм репродукции состоит в том, что на (r+1)-м шаге репродукции вторая половина агентов (наиболее слабых) исключается из указанного списка (погибает), а каждый из агентов первой (выжившей) половины списка расщепляется на два одинаковых агента с одинаковыми координатами, равными координатам расщепленного агента.

Пусть, например, s_j , $j \in [1:|S|]$ — один из выживших агентов, положение которого определяет вектор $X_{j,r,l}$. После репродукции этого агента получаем агентов s_j , s_k , k = |S|/2 + j, положения которых равны $X_{j,r+1,l} = X_{j,r,l}$, $X_{k,r+1,l} = X_{j,r,l}$.

В результате выполнения процедуры репродукции общее число бактерий в популяции остается низменным и равным |S|. Требование четности числа бактерий в популяции обусловлено именно рассмотренной схемой репликации.

Пиквидация и рассеивание (elimination and dispersal). Рассмотренных процедур хемотаксиса и репродукции в общем случае недостаточно для отыскания глобального максимума многоэкстремальной фитнес-функции, поскольку эти процедуры не позволяют бактериям покидать найденные ими локальные минимумы указанной функции. Процедура ликвидации и рассеивания особей призвана преодолеть этот недостаток.

Механизм ликвидации и рассеивания включается после выполнения определенного числа процедур репродукции и состоит в следующем. С заданной вероятностью ξ_e случайным образом выбираем n < |S| бактерий s_i , s_i , ..., s_i , и уничтожаем их. Вместо каждой из уничтоженных бактерий в случайно выбранной точке пространства поиска создаем нового агента с тем же номером. Число бактерий в колонии в результате выполнения операции ликвидации и рассеивания остается постоянным и равным |S|.

Более строго, процедуру ликвидации и рассеивания определяет следующая последовательность шагов.

- 1) Полагаем j = 1.
- 2) Генерируем натуральное случайное число $i_j = U_1(1:|S|)$ и вещественное случайное число $u_i = U_1(0;1)$.
 - 3) Если $u_i > \xi_e$, то новые координаты бактерии s_i определяем по формуле

$$x_{i_{k},r,l,k} = U_{1}(x_{k}^{-}; x_{k}^{+}), k \in [1:|X|],$$
 (4.2)

где x_k^- , x_k^+ — константы, определяющие диапазон возможных начальных координат бактерий.

4) Полагаем j = j + 1 и продолжаем итерационный процесс до тех пор, пока не будет уничтожено n бактерий.

Инициализация популяции, то есть определение векторов начальных положений бактерий $X_{i,0,0}(0)$, $i \in [1:|S|]$, производится по формуле, аналогичной формуле (4.2).

Свободными являются следующие параметры алгоритма BFO: $\hat{t},\hat{t}^r,\hat{t}^l$ — общие числа шагов хемотаксиса, репродукции, а также ликвидации и рассеивания соответственно; λ_i , $i \in [1:|S|]$ — величины шагов хемотаксиса; ξ_e — вероятность ликвидации; n — число бактерий, уничтожаемых при выполнении процедуры ликвидации и рассеивания; x_k^- , x_k^+ , $k \in [1:|X|]$ — константы, определяющие диапазон возможных начальных координат бактерий, а также координат бактерий, создаваемых в процессе выполнения процедуры ликвидации и рассеивания.

Задание: Разработать алгоритм бактериальной оптимизации обратной сферической функции.

Целевая функция имеет вид (так называемая гиперсфера)

$$f(x_1,...,x_n) = -\sum_{i=0}^{n} x_i^2$$

Максимум такой функции находится в точке, когда все координаты равны 0.