

УДК 519.6:004.93



## МЕТОД ОПТИМИЗАЦИИ НА ОСНОВЕ МОДЕЛИРОВАНИЯ ПЕРЕМЕЩЕНИЯ БАКТЕРИЙ С ПРИМЕНЕНИЕМ ЭВОЛЮЦИОННЫХ ОПЕРАТОРОВ

А.А. Олейник<sup>1</sup>, С.А. Субботин<sup>2</sup><sup>1</sup> Запорожский национальный технический университет, г. Запорожье, Украина, olejnik@zntu.edu.ua<sup>2</sup> Запорожский национальный технический университет, г. Запорожье, Украина, subbotin@zntu.edu.ua

Исследуется метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий. Разработано расширение метода оптимизации на основе моделирования бактерий, учитывающее эволюционные процессы, протекающие в популяции бактерий. Предложено применение разработанного метода оптимизации для отбора информативных признаков.

ОПТИМИЗАЦИЯ, АГЕНТ, КОЛЛЕКТИВНЫЙ ИНТЕЛЛЕКТ, МЕТОД ОПТИМИЗАЦИИ НА ОСНОВЕ МОДЕЛИРОВАНИЯ ПЕРЕМЕЩЕНИЯ БАКТЕРИЙ, ВЫБОРКА, ПРИЗНАК

### Введение

В настоящее время активно развиваются направления искусственного интеллекта, основные идеи которых взяты из природы. К таким направлениям можно отнести: искусственные нейронные сети [1, 2], методы эволюционного поиска [3, 4], методы оптимизации, основанные на моделировании коллективного интеллекта общественных насекомых [5, 6], искусственные иммунные системы [7].

Одними из наиболее новых направлений являются мультиагентные методы интеллектуальной оптимизации. Они основаны на моделировании поведения общественных живых существ, таких, как птицы, рыбы, муравьи, пчёлы, бактерии. Таким образом, разработаны соответствующие методы оптимизации: метод оптимизации с использованием роя частиц (Particle Swarm Optimization, PSO) [8], метод муравьиных колоний (Ant Colony Optimization, ACO) [9], метод пчелиной колонии (Bee Colony Optimization, BCO) [10], метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий (Bacteria Foraging Optimization, BFO) [11]. Данные методы показали хорошие результаты при решении различных практических задач оптимизации [8–11], засвидетельствовав тем самым эффективность своего использования.

Однако, поскольку методы основаны на поведении живых существ, то модели поведения живых существ могут обладать неполнотой или могут не полностью соответствовать своим природным аналогам.

В связи с этим актуальной является разработка дополнений существующих моделей, используемых для моделирования поведения живых существ, которые обеспечивают более полное соответствие природным аналогам и лучшую эффективность работы методов оптимизации.

### 1. Постановка задачи

Метод BFO эффективно применяется для решения задач оптимизации [11]. Однако математические модели, разработанные для данного метода,

даже по мнению их разработчиков [11] являются не полными. Поэтому необходимо доработать известные математические модели BFO для более адекватного моделирования эволюционных процессов жизнедеятельности бактерий.

Целью данной работы является расширение математической модели метода BFO, учитывающей эволюционные процессы в популяции бактерий.

Основными задачами работы являются:

- исследование основных принципов поведения бактерий, которые должны учитываться при моделировании их поведения;
- анализ метода оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий;
- включение операторов эволюционного поиска в уже существующую математическую модель, применяемую в метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий.
- применение разработанного метода оптимизации для отбора информативных признаков;
- разработка программного обеспечения, реализующего предложенную математическую модель, и его тестирование.

### 2. Биологические основы поведения бактерий

Одной из наиболее изученных бактерий является бактерия *E. Coli* [12], которая живёт в кишечнике большинства млекопитающих (в том числе и в кишечнике человека). Бактерия *E. Coli* при соответствующих условиях может самовоспроизводиться (расщепляться) за 20 мин. Способность двигаться бактерии *E. Coli* обеспечивается за счёт шести или более жгутиков, которые вращаются с частотой 100–200 оборотов в секунду, каждый из которых управляется с помощью своего собственного биологического «мотора». Бактерия *E. Coli* чередует свои действия: то перемещается прямолинейно (со скоростью 10–20 мкм/сек.), то кувыркается (изменение направления). Когда жгутики вращаются по часовой стрелке (или против часовой стрелки), они работают как пропеллеры и, следовательно, *E. Coli* может плыть или кувыркаться.

Примерная схема движения бактерии выглядит следующим образом: когда «мотор» работает в одну сторону, все жгутики у бактерии складываются и вращаются вместе, и бактерия движется прямолинейно. В конце пробега бактерия останавливается, «мотор» переключается и начинает работать в другую сторону. Жгутики растопыряются и «бултыхаются» независимо друг от друга. Бактерия при этом переориентируется в пространстве случайным образом. После этого «мотор» опять переключается и начинает работать в ту сторону, в которую жгутики работают вместе, и возникает следующий отрезок прямолинейного движения.

Хемотаксис — это двигательная реакция бактерии в ответ на появление в среде аттрактанта (аттрактант — вещество, привлекающее бактерии) или репеллента (репеллент — вещество, отпугивающее бактерий) [13]. В естественных условиях аттрактантами являются вещества, полезные для бактерий, а репеллентами — те, которые бактериям вредны.

При наличии пространственных изменений концентрации аттрактантов или репеллентов частота кувырканий, а, следовательно, и длина свободного пробега бактерии изменяются. Длина свободного перемещения бактерии, плывущей в сторону возрастающей концентрации аттрактанта, увеличивается, а при движении в сторону возрастающей концентрации репеллента уменьшается.

Таким образом, можно выделить следующие хемотаксические действия бактерии *E. Coli* [13]:

- если бактерия находится в нейтральной среде, то чередуются кувырки и передвижения, за счёт чего выполняется поиск;

- если бактерия перемещается по градиенту аттрактанта, то перемещение продолжается в этом же направлении. Таким образом, обеспечивается поиск более благоприятной окружающей среды;

- если происходит перемещение в направлении, противоположном градиенту репеллента, то обеспечивается избегание неблагоприятной окружающей среды.

Таким образом, бактерия может перемещаться в областях с полезными веществами и в то же время избегать опасных веществ. Сенсоры, используемые *E. Coli* — белковые рецепторы, которые являются очень чувствительными (незначительное изменение в концентрации полезных веществ может вызвать существенное изменение в поведении бактерии). От рецепторов сигналы поступают на метилакцептирующие белки, которые собирают все сигналы от рецепторов, и результирующий сигнал выходит на «мотор» жгутика, который управляет движением бактерии в зависимости от соотношения полезных и опасных веществ в окружающей среде.

Бактерии часто умирают или растворяются, и это должно учитываться при моделировании их

деятельности. Мутации у *E. coli* происходят в нормальных условиях приблизительно  $10^{-7}$  в ген и в поколение.

*E. Coli* могут формировать сложные устойчивые пространственно-временные структуры в некоторых полутвердых полезных средах. Бактерии могут поглощать питательные вещества по их радиусу, начиная от внешней границы, заканчивая серединой, даже в случае, если бактерии были изначально размещены в центре питательных веществ. Кроме того, при определённых условиях, они могут скрывать притягивающие сигналы от клетки к клетке, за счёт чего они группируются и защищают друг друга. Таким образом, эти бактерии могут группироваться в колонии.

### 3. Метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий

Данный метод предназначен для нахождения минимума функции  $J(X)$ ,  $X \in R^p$  при неизвестном градиенте  $\nabla J(X)$ , где  $X$  — позиция бактерии в пространстве поиска  $R^p$ , а с помощью  $J(\theta)$  моделируются полезные и вредные свойства среды, то есть  $J(X)$  характеризует, где находятся аттрактанты и репелленты. Таким образом,  $J < 0$ ,  $J = 0$ ,  $J > 0$  означает, что бактерия находится в полезной, нейтральной и вредной среде соответственно.

Пусть  $P(j, k, l) = \{X^i(j, k, l), i = 1, 2, \dots, S\}$  описывает позицию каждого члена популяции  $S$  бактерий на  $j$ -ом хемотаксическом шаге,  $k$ -ом шаге воспроизведения и на  $l$ -ом событии исключения — рассеивания.

Тогда метод ВФО можно представить в виде последовательности шагов [11].

**Шаг 1.** Инициализация. Задаются параметры, влияющие на работу метода:  $S$  — количество бактерий,  $N_{re}$  — количество шагов воспроизведения,  $N_s$  — количество шагов-повторений на одном хемотаксическом шаге,  $N_c$  — количество хемотаксических шагов,  $N_{ed}$  — количество событий исключения-рассеивания;  $P_{ed}$  — вероятность рассеивания. Случайным образом распределяются начальные значения  $X^i$ ,  $i = 1, 2, \dots, S$ , по пространству поиска. Рассчитываются начальные значения целевой функции для каждой бактерии  $J^i$ .

**Шаг 2.** Установить:  $l = l + 1$ .

**Шаг 3.** Установить:  $k = k + 1$ .

**Шаг 4.** Установить:  $j = j + 1$ .

**Шаг 5.** Для каждой бактерии моделируется хемотаксис: кувыркание, перемещение и скольжение.

**Шаг 5.1.** Установить:  $i = i + 1$ .

**Шаг 5.2.** Кувыркание. Моделирование кувыркания достигается за счёт генерации вектора случайных чисел  $\varphi(j) \in R^p$ :

$$\varphi = \frac{\Delta}{\sqrt{\Delta^T \Delta}},$$

где  $\Delta$  – вектор случайных чисел в интервале  $[-1; 1]$ .

Вектор  $\varphi$  представляет собой множество длин для соответствующих измерений.

**Шаг 5.3.** Перемещение. Рассчитывается новое положение  $i$ -ой бактерии по формуле:

$$X^i(j+1, k, l) = X^i(j, k, l) + C(i)\varphi(j),$$

где  $C(i) > 0$  – размер шага в определённом направлении, позволяющий моделировать процесс кувыркания.

Для новой позиции  $X^i(j+1, k, l)$  рассчитывается соответствующее значение целевой функции  $J(i, j+1, k, l)$ .

**Шаг 5.4.** Скольжение. Если в позиции  $X^i(j+1, k, l)$  значение  $J(i, j+1, k, l)$  лучше, чем в позиции  $X^i(j, k, l)$ , то есть выполняется условие:  $J(i, j+1, k, l) < J(i, j, k, l)$ , тогда производится следующий хемотаксический шаг с тем же вектором  $\varphi$  и в том же направлении (переход к шагу 5.3), и такое повторение может происходить  $N_s$  раз. Если условие не выполняется, то переход к шагу 5.5.

**Шаг 5.5.** Если  $i < S$ , то переход к шагу 5.1, в противном случае – переход к шагу 6.

**Шаг 6.** Если  $j < N_c$ , то переход к шагу 4, в противном случае – переход к шагу 7.

**Шаг 7.** Воспроизведение. Менее здоровые бактерии умирают, а остальные, более здоровые, разделяются на две бактерии, при этом новые бактерии размещаются в ту же самую точку пространства поиска. За счёт такого подхода обеспечивается неизменность общего количества бактерий. Для этого все бактерии сортируются в соответствии с полученными значениями целевой функции, после чего худшая половина (менее здоровые бактерии) отбрасывается, а лучшая (более здоровые бактерии) – дублируется.

**Шаг 8.** Если  $k < N_{re}$ , тогда выполняется переход к шагу 3, в противном случае – переход к шагу 9.

**Шаг 9.** Исключение и рассеивание. Жизнь популяции бактерий в окружающей среде может меняться либо постепенно (например, путём потребления полезных веществ), либо внезапно в связи с некоторым другим воздействием. Может произойти так, что все бактерии в области погибнут, или колония бактерий будет рассеяна в другую часть окружающей среды. Данный эффект может мешать возможному хемотаксическому прогрессу, но в то же время этот эффект и помогает, поскольку, в случае рассеивания, бактерии могут разместиться около хороших источников с полезными веществами. Исключение и рассеивание помогают понизить вероятность стагнации, то есть заклинивания в локальном оптимуме, что часто наблюдается в традиционных градиентных методах оптимизации.

В соответствии с данным подходом каждая бактерия с вероятностью  $P_{ed}$  размещается в случайно выбранной точке пространства поиска.

Таким образом, проверяется условие:  $U^i < P_{ed}$ , где  $U^i$  – случайное число в интервале  $[0; 1]$  для  $i$ -ой бактерии.

Если данное условие выполняется, то бактерия помещается в позицию  $X^i(j, k, l)$ , полученную случайным образом.

**Шаг 10.** Если  $l < N_{ed}$ , тогда выполняется переход к шагу 2, в противном случае – к шагу 11.

**Шаг 11.** Выбирается и сохраняется лучшее решение  $J_{best}$  и соответствующая позиция  $X_{best}$ , в которой достигается лучшее решение  $J_{best}$ .

**Шаг 12.** Проверка на окончание поиска. Если были выполнены все циклы для всех бактерий, то выполняется переход к шагу 14, в противном случае выполняется перезапуск – переход к шагу 13.

**Шаг 13.** Перезапуск агентов: выбираются новые случайные позиции для каждого агента  $X^i$ ,  $i = 1, 2, \dots, S$  и рассчитываются соответствующие значения целевой функции  $J^i$ ,  $i = 1, 2, \dots, S$ . Устанавливаются счётчики циклов:  $j = 0$ ;  $k = 0$ ;  $l = 0$ .

**Шаг 14.** Останов.

Метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий применялся для решения различных задач оптимизации: нахождения оптимального потока энергии [14], динамического распределения ресурсов [15] и других [16, 17]. Результаты проведенных экспериментов по решению тестовых задач [14–17] показали, что применение метода ВФО является эффективным и перспективным, поскольку результаты, полученные с помощью данного метода, характеризовались более высокой или достаточной точностью по сравнению с традиционными методами.

Можно выделить следующие преимущества метода ВФО по сравнению с традиционными методами многомерной оптимизации:

- метод не выдвигает абсолютно никаких требований к целевой функции, то есть функция может быть мультимодальной, негладкой, обладать разрывами;

- для нахождения оптимума целевой функции не надо знать градиент целевой функции;

- метод является методом глобального поиска, в то время как традиционные методы часто являются методами локальной оптимизации;

- метод обладает достаточным количеством настраиваемых параметров, что позволяет его лучшей адаптации для решения той или иной практической задачи оптимизации;

- метод является мультиагентным методом, за счёт чего достигается снижение времени выполнения поиска, поскольку поиск выполняется некоторым количеством агентов параллельно.

- метод является хорошо расширяемым, то есть в его работу можно легко добавлять новые операторы и тем самым создавать гибридные системы. Одним из перспективных является добавление

генетических алгоритмов, которые позволяли бы моделировать более правильные эволюционные процессы, которые наблюдаются в процессе деятельности бактерий.

К недостаткам метода можно отнести:

- случайный характер скорости сходимости, хотя нахождение оптимума гарантируется;
- сильная зависимость работы метода от настраиваемых параметров;
- неполнота модели поведения бактерий, которая может быть доработана, поскольку процедуры воспроизведения и рассеивания ещё не доработаны.

#### 4. Метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий с применением генетических операторов

Как указывалось выше, одним из недостатков разработанного метода является неполнота модели поведения бактерий. Поэтому в данной работе предлагается расширение существующей модели путём внедрения генетических операторов: оператора отбора, скрещивания и мутации.

Предлагается использовать генетические операторы:

- для отбора – пропорциональный отбор;
- для скрещивания – случайный выбор родительской пары с арифметическим скрещиванием;
- для мутации – простая мутация.

Разработанный метод, дополняющий метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий с группировкой части [18] и использующий генетические операторы эволюционного поиска, можно представить в виде последовательности следующих шагов.

**Шаг 1.** Инициализация. Задаются параметры, влияющие на работу метода:  $S, N_{re}, N_s, N_c, N_{ed}; P_{ed}$ . Случайным образом распределяются начальные значения  $X^i, i = 1, 2, \dots, S$ , по пространству поиска. Рассчитываются начальные значения целевой функции для каждой бактерии  $J^i$ .

Для каждой бактерии выполняется пересчёт:  $J^i = J^i + J_{ar}(X^i)$ .  $J_{ar}(X^i)$  рассчитывается по формуле:

$$J_{ar}(X) = \exp(M - J(X)) J_{cc}(X),$$

где  $M$  – настраиваемый параметр;  $J_{cc}(X)$  рассчитывается по формуле:

$$J_{cc}(X) = \sum_{i=1}^S J_{cc}^i = \sum_{i=1}^S \left[ -d_{attract} \exp \left( -w_{attract} \sum_{j=1}^p (X_j - X_j^i)^2 \right) \right] + \sum_{i=1}^S \left[ h_{repellent} \exp \left( -w_{repellent} \sum_{j=1}^p (X_j - X_j^i)^2 \right) \right],$$

где  $d_{attract}$  – глубина аттрактанта (полезных веществ) клетки;  $w_{attract}$  – мера ширины аттрактанта;

$h_{repellent} = d_{attract}$  – высота вредного вещества (репеллент);  $w_{repellent}$  – мера ширины репеллента.

Таким образом, клетки исключают друг друга посредством локального потребления, а также за счёт того, что клетки не являются пищей друг для друга.

**Шаг 2.** Установить:  $l = l + 1$ .

**Шаг 3.** Установить:  $k = k + 1$ .

**Шаг 4.** Установить:  $j = j + 1$ .

**Шаг 5.** Моделирование хемотаксиса.

**Шаг 5.1.** Установить:  $i = i + 1$ .

**Шаг 5.2.** Кувыркание и перемещение.

Рассчитывается новое положение  $i$ -ой бактерии по формуле:

$$X^i(j+1, k, l) = X^i(j, k, l) + C(i)\phi(j).$$

Рассчитывается значение целевой функции  $J(i, j+1, k, l)$ .

Устанавливается  $J(i, j+1, k, l) = J(i, j+1, k, l) + J_{ar}(X^i(j+1, k, l))$ .

Если  $J(i, j+1, k, l) < J_{best}$ , то установить:

$$J_{best} = J(i, j+1, k, l), X_{best} = X^i(j+1, k, l).$$

**Шаг 5.3.** Скольжение. Пока выполняется условие:  $J(i, j+1, k, l) < J(i, j, k, l)$ , повторяется шаг 5.2. Такое повторение может происходить  $N_s$  раз. Если условие не выполняется, то переход к шагу 5.4.

**Шаг 5.4.** Если  $i < S$ , то переход к шагу 5.1, в противном случае – переход к шагу 6.

**Шаг 6.** Если  $j < N_c$ , то переход к шагу 4, в противном случае – переход к шагу 7.

**Шаг 7.** Воспроизведение.

**Шаг 7.1.** Отбор. Выполнить пропорциональный отбор.

**Шаг 7.1.1.** Найти среднее значение целевой функции  $J_{cp}$  популяции как среднее арифметическое значений целевых функций всех особей:

$$J_{cp} = \frac{1}{S} \sum_{i=1}^S J^i.$$

**Шаг 7.1.2.** Для каждой бактерии вычислить отношение  $P_s(i) = \frac{J^i}{J_{cp}}$ .

**Шаг 7.1.3.** В зависимости от величины  $P_s(i)$  сформировать массив бактерий, допущенных к скрещиванию. Формирование массива допущенных к скрещиванию бактерий осуществляется путём стохастического остаточного отбора: если  $P_s(i) < 1$ , тогда бактерия считается хорошо приспособленной и допускается к скрещиванию.

**Шаг 7.2.** Скрещивание. Вначале выполнить случайный выбор родительских пар.

**Шаг 7.2.1.** Для выбора пары родителей задать вероятность скрещивания  $P_c$ .  $P_c$  зависит от решаемой задачи и в общем случае лежит в интервале  $[0,6; 0,99]$ .

**Шаг 7.2.2.** Произвольным образом пронумеровать все бактерии, отобранные для скрещивания.

**Шаг 7.2.3.** Выбрать первого родителя. Для этого, начиная с первой, перебрать все бактерии популяции до тех пор, пока случайно выбираемое число из интервала  $[0; 1]$  не будет меньше  $P_c$ . Когда это случится для одной из бактерий, эта элемент станет первым родителем.

**Шаг 7.2.4.** Продолжить просмотр популяции, начиная со следующего после первого родителя решения. Просмотр продолжать до тех пор, пока опять случайно выбранное число не будет меньше  $P_c$ . Бактерия, для которой выполнится такое условие, будет вторым родителем.

Описанным способом составляются пары до тех пор, пока не выберется нужное количество пар родителей.

Далее следует выполнить арифметическое скрещивание.

При использовании арифметического скрещивания на основе решений родителей  $X^1$  и  $X^2$  создаются два потомка  $X^{1n}$  и  $X^{2n}$ , значения  $i$ -ых координат  $x^{1n}_i$  и  $x^{2n}_i$ , которых рассчитываются по формулам:

$$\begin{aligned} x^{1n}_i &= k \cdot x^1_i + (1 - k)x^2_i, \\ x^{2n}_i &= k \cdot x^2_i + (1 - k)x^1_i, \end{aligned}$$

где  $k \in [0; 1]$  – некоторый вещественный коэффициент, который выбирается случайным образом на каждой итерации.

**Шаг 7.3.** Мутация. Для всех бактерий выполнить простую мутацию.

**Шаг 7.3.1.** Выбрать случайным образом мутирующую координату.

**Шаг 7.3.2.** В заданном интервале допустимых значений координаты выбрать новое значение координаты, не равное текущему.

**Шаг 8.** Если  $k < N_{re}$ , то выполняется переход к шагу 3, в противном случае – переход к шагу 9.

**Шаг 9.** Исключение и рассеивание.

Проверяется условие:  $U^i < P_{ed}$ . Если данное условие выполняется, то бактерия помещается в позицию  $X^i(j, k, l)$ , полученную случайным образом.

**Шаг 10.** Если  $l < N_{ed}$ , то выполняется переход к шагу 2, в противном случае – к шагу 11.

**Шаг 11.** Выбирается и сохраняется лучшее решение  $J_{best}$  и соответствующая позиция  $X_{best}$ .

**Шаг 12.** Проверка на окончание поиска. Если были выполнены все циклы для всех бактерий, то выполняется переход к шагу 14, в противном случае выполняется перезапуск – переход к шагу 13.

**Шаг 13.** Перезапуск агентов: выбираются новые случайные позиции для каждого агента  $X^i$ ,  $i = 1, 2, \dots, S$ , рассчитываются соответствующие значения целевой функции  $J^i$ ,  $i = 1, 2, \dots, S$ . Счётчики циклов сбрасываются в 0:  $j = 0$ ;  $k = 0$ ;  $l = 0$ .

**Шаг 14.** Останов.

## 5. Отбор информативных признаков на основе моделирования перемещения бактерий

Задача отбора информативных признаков заключается в выборе набора признаков, которые наиболее полно характеризуют изучаемый сложный объект или процесс.

Для решения задачи отбора информативных признаков на основе метода ВФО бактерии должны осуществлять оптимизацию в пространстве поиска  $X = (x_1, x_2, \dots, x_N)$ ,  $x_i = \{0, 1\}$ , где  $N$  – общее количество признаков, характеризующих выборку. Таким образом, каждая точка пространства поиска представляет собой битовую строку, координаты которой позволяют определить, считается ли признак информативным: информативным считается признак, если соответствующая координата равна 1, в противном случае – признак считается неинформативным. В качестве целевой функции  $J(X)$  предлагается использовать ошибку модели, построенной на основе признаков, которые являются информативными для данной точки пространства поиска.

При выполнении перемещения по такому пространству поиска необходимо учитывать особенности этого пространства поиска, то есть при получении новой позиции она не должна выходить за пределы пространства поиска. Поэтому новое положение  $i$ -ой бактерии предлагается рассчитывать по следующей формуле (3.1):

$$X^i(j+1, k, l) = \begin{cases} 1, & \text{если } X^i(j, k, l) + C(i) \cdot \varphi(j) \geq 1; \\ \text{round}(X^i(j, k, l) + C(i) \cdot \varphi(j)), & \text{если } 0 < X^i(j, k, l) + C(i) \cdot \varphi(j) < 1; \\ 0, & \text{если } X^i(j, k, l) + C(i) \cdot \varphi(j) \leq 0, \end{cases}$$

где  $X^i(j, k, l)$  – позиция  $i$ -ой бактерии на  $j$ -ом хемотаксическом шаге,  $k$ -ом шаге воспроизведения и на  $l$ -ом событии исключения-рассеивания;  $\varphi$  – представляет собой множество длин для соответствующих измерений;  $C(i) > 0$  – размер шага в определённом направлении, позволяющий моделировать процесс кувыркания.

Тогда величины, определяющие процесс движения в пространстве поиска, должны принимать следующие значения:

– переменные, определяющие размер шага в определённом направлении, для  $i$ -ой бактерии:  $C(i) \in (0; 1)$ ;

– вектор случайных чисел на  $j$ -ом шаге хемотаксиса:  $\varphi(j) = \{-1, 0, +1\}$ .

Пример перемещения по пространству поиска из трёх признаков, если бактерия в начале поиска находилась в точке  $(0; 0; 0)$ , вектор размера шага для данной бактерии  $C = (1; 1; 1)$ , вектор случайных чисел на 1-ом шаге хемотаксиса  $\varphi(1) = (1; 0; +1)$ , а на 2-ом шаге  $\varphi(2) = (-1; +1; 0)$ , приведен на рис. 1.

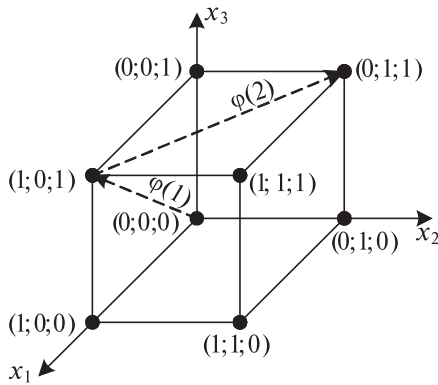


Рис. 1. Пример перемещения в пространстве поиска из трёх признаков

Разработанный метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий для сокращения размерности набора исследуемых признаков позволяет получить распознающие модели, использующие набор наиболее информативных признаков.

### 6. Эксперименты и результаты

Для проверки эффективности предложенных изменений в методе оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий было разработано программное обеспечение, реализующее предложенный и традиционный методы. Программное обеспечение разрабатывалось при помощи среды разработки пакета Matlab 7.0.

С помощью разработанного программного обеспечения решалась задача нахождения оптимума следующих тестовых функций:

$$f_1 = 5 \cdot e^{-0,1 \cdot ((x_1 - 15)^2 + (x_2 - 20)^2)} - 2 \cdot e^{-0,08 \cdot ((x_1 - 20)^2 + (x_2 - 15)^2)} + 3 \cdot e^{-0,08 \cdot ((x_1 - 25)^2 + (x_2 - 10)^2)} + 2 \cdot e^{-0,1 \cdot ((x_1 - 15)^2 + (x_2 - 20)^2)} - 2 \cdot e^{-0,5 \cdot ((x_1 - 5)^2 + (x_2 - 10)^2)} - 4 \cdot e^{-0,1 \cdot ((x_1 - 15)^2 + (x_2 - 5)^2)} - 2 \cdot e^{-0,5 \cdot ((x_1 - 21)^2 + (x_2 - 25)^2)} + 2 \cdot e^{-0,5 \cdot ((x_1 - 25)^2 + (x_2 - 16)^2)} + 2 \cdot e^{-0,5 \cdot ((x_1 - 5)^2 + (x_2 - 14)^2)}.$$

$$0 \leq x_1 \leq 30;$$

$$0 \leq x_2 \leq 30.$$

$$f_2 = 20 + e - 20 \exp\left(-0,2 \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i^2}\right) - \exp\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \cos(2\pi x_i)\right),$$

$$n = 2$$

$$-5 \leq x_1 \leq 5;$$

$$-5 \leq x_2 \leq 5.$$

$$f_3 = \sum_{i=1}^n |x_i \cdot \sin(x_i) + 0,1 \cdot x_i|,$$

$$n = 2$$

$$-5 \leq x_1 \leq 5;$$

$$-5 \leq x_2 \leq 5.$$

Графики тестовых функций приведены на рис. 2–4.

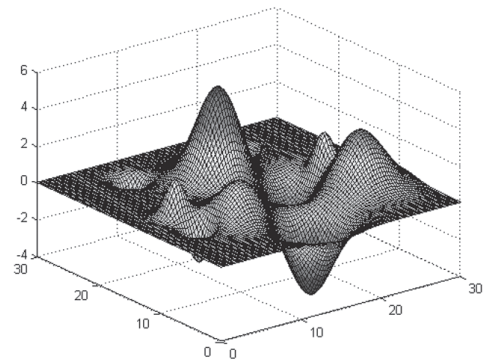


Рис. 2. График тестовой функции  $f_1$

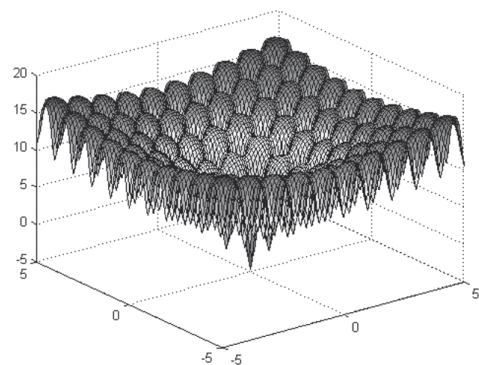


Рис. 3. График тестовой функции  $f_2$

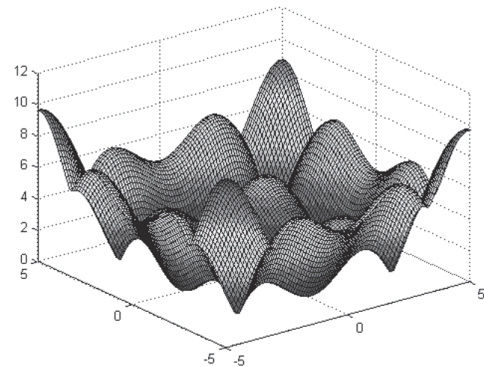


Рис. 4. График тестовой функции  $f_3$

Каждый метод запускался по 10 раз для нахождения оптимума каждой функции. Использовались следующие значения настраиваемых параметров:  $S = 20$ ;  $N_{re} = 6$ ;  $N_s = 4$ ;  $N_c = 20$ ;  $N_{ed} = 2$ ;  $P_{ed} = 0,25$ ;  $d_{attract} = 0,1$ ;  $w_{attract} = 0,2$ ;  $h_{repellant} = d_{attract}$ ;  $w_{repellant} = 10$ .

В процессе проведения экспериментов рассчитывались следующие показатели:  $f$  – лучший полученный оптимум;  $\Delta f$  – отклонение полученного оптимума от реального;  $c_f$  – количество вычислений целевой функции;  $i^*$  – номер хемотаксического шага, на котором было впервые найдено результирующее лучшее решение;  $\bar{f}$  – среднее значение полученных оптимумов функции для всех запусков метода;  $D(f)$  – дисперсия полученных значений оптимумов.

Полученные в ходе выполнения эксперименты значения показателей для традиционного метода оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий приведены в табл. 1.

Таблица 1

Результаты экспериментов для метода BFO

|       | $f^*$   | $f$     | $\Delta f$ | $c_f$ | $i^*$ | $\bar{f}$ | $D(f)$ |
|-------|---------|---------|------------|-------|-------|-----------|--------|
| $f_1$ | -3,9865 | -3,9863 | 0,0002     | 9252  | 48    | -3,7868   | 0,6317 |
| $f_2$ | 0       | 0,0065  | 0,0065     | 8626  | 207   | 0,0657    | 0,0434 |
| $f_3$ | 0       | 0,0004  | 0,0004     | 9721  | 76    | 0,0037    | 0,0045 |

Значения показателей, полученных в ходе экспериментов, для метода оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий с использованием генетических операторов представлены в табл. 2.

Таблица 2

Результаты экспериментов для метода BFO-GA

|       | $f^*$   | $f$     | $\Delta f$ | $c_f$ | $i^*$ | $\bar{f}$ | $D(f)$ |
|-------|---------|---------|------------|-------|-------|-----------|--------|
| $f_1$ | -3,9865 | -3,9864 | 0,0001     | 5982  | 88    | -3,9821   | 0,0052 |
| $f_2$ | 0       | 0,0018  | 0,0018     | 6527  | 228   | 0,0278    | 0,0198 |
| $f_3$ | 0       | 0,0002  | 0,0002     | 5790  | 62    | 0,0025    | 0,0040 |

Графики работы методов в процессе нахождения оптимальных значений функций представлены на рис. 5–7.

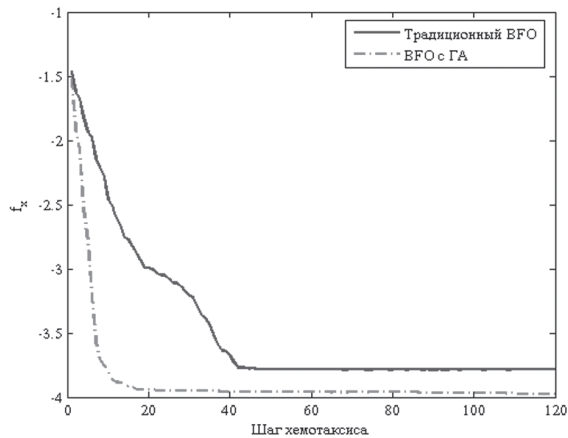


Рис. 5. Процесс оптимизации тестовой функции  $f_1$

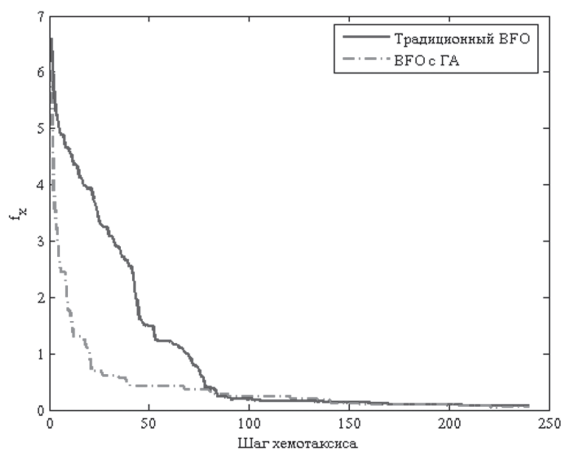


Рис. 6. Процесс оптимизации тестовой функции  $f_2$

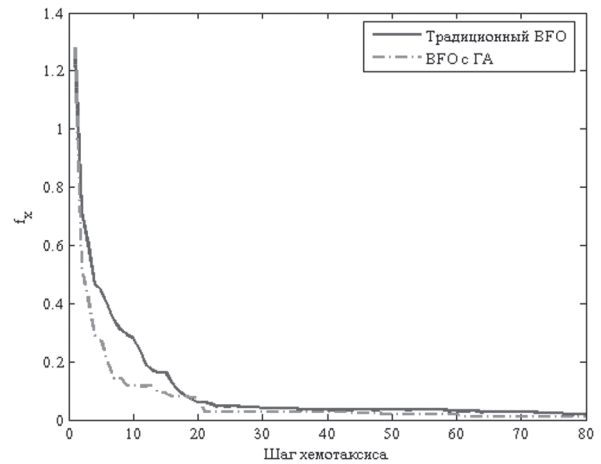


Рис. 7. Процесс оптимизации тестовой функции  $f_3$

На основании полученных результатов экспериментов можно сделать вывод, что предложенный метод характеризуется большей точностью полученных результатов, лучшей стабильностью получаемых решений, о чём свидетельствуют значения средних значений и дисперсий, полученных вследствие 10 запусков каждого из методов. При этом можно отметить, что оптимальные результаты предложенный метод находит на более поздних этапах своей работы, что в свою очередь способствует получению более оптимальных решений. Также преимуществом предложенного метода является то, что выполняется меньшее количество расчётов оптимизируемой функции.

Таким образом, предложенные дополнения к методу оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий способствуют повышению эффективности оптимизационного процесса в целом.

### Выводы

В работе получил дальнейшее развитие метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий.

Вследствие изучения биологических основ метода и существующей математической модели, используемой в методе BFO, был сделан вывод, что данный метод может расширяться, и что используемая математическая модель не является полной. В связи с этим в данной работе было предложено применение генетических операторов отбора, скрещивания и мутации в процессе моделирования перемещения бактерий. Также разработаны подходы, позволяющие применять метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий для решения задачи отбора информативных признаков. Таким образом, был расширен сам метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий, и была расширена область его применения.

На основе результатов проведенных экспериментов можно сделать вывод, что предложенные расширения повышают эффективность оптимизационного процесса, что проявляется в: получении более оптимальных значений целевой функции, большей стабильности результатов, меньшем количестве вычислений целевой функции. Таким образом, предложенный метод может быть рекомендован к применению в процессе решения практических задач оптимизации.

**Список литературы:** 1. Хайкин С. Нейронные сети: полный курс. — СПб: Изд. дом «Вильямс», 2005. — 1104 с. 2. Руденко О.Г., Бодянский Е.В. Штучні нейронні мережі. — Харків: Компанія СМІТ, 2006. — 404 с. 3. Gen M., Cheng R. Genetic algorithms and engineering design. — New Jersey: John Wiley & Sons, 1997. — 352 p. 4. The Practical Handbook of Genetic Algorithms. Applications / Ed. L.D. Chambers. — Florida: CRC Press, 2000. — Vol. I. — 520 p. 5. Beni G., Wang J. Swarm Intelligence // Annual Meeting of the Robotics Society: Proceedings of Seventh International Conference. — Tokyo: RSJ Press, 1989. — P. 425-428. 6. Bonabeau E., Dorigo M., Theraulaz G. Swarm Intelligence: From Natural to Artificial Systems. — New York: Oxford University Press, 1999. — 320 p. 7. De Castro L.N., Von Zuben F.J. Artificial Immune Systems. Part I. Basic Theory And Applications. — Technical Report No. Rt Dca 01/99. — Brazil: Feec/Unicamp, 1999. — 95 p. 8. De Castro L.N., Von Zuben F.J. Artificial Immune Systems. Part I. Basic Theory And Applications. — Technical Report No. Rt Dca 01/99. — Brazil: Feec/Unicamp, 1999. — 95 p. 9. Dorigo M., Maniezzo V., Colorni A. The Ant System: Optimization by a colony of cooperating agents // IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics. — 1996. — Part B, №26(1). — P. 29-41. 10. Sumpter D.J.T., Broomhead D.S. Formalising the Link between Worker and Society in Honey Bee Colonies // Lecture Notes In Computer Science: Proceedings of the First International Workshop on Multi-Agent Systems and Agent-Based Simulation. — MABS '98 LNAI, 1998. — P. 95-110. 11. Passino K.M. Biomimicry of bacterial foraging for distributed optimization and control // IEEE Control System Magazine, 2002. — №3 (22). — P. 52-67. 12. Madigam M.T., Martinko J.M., Parker J. Biology of Microorganisms. — New Jersey: Prentice Hall, 1997. — 1036 p. 13. Berg H.C. Random

Walks in Biology. — Princeton: Princeton University Press, 1993. — 164 p. 14. Tripathy M., Mishra S., Lai L.L., Zhang Q.P. Transmission Loss Reduction Based on FACTS and Bacteria Foraging Algorithm // Proceedings of 9th International Conference of Parallel Problem Solving from Nature. — Heidelberg: Springer, 2006. — P. 222 – 231. 15. Analysis And Design Of Intelligent Systems Using Soft Computing Techniques / Ed. Melin P., Castillo O.R., Ramirez E.G., Kacprzyk J. — Heidelberg: Springer, 2007. — 855 p. 16. Mishra S. A hybrid least square-fuzzy bacterial foraging strategy for harmonic estimation // IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2005. — №1(9). — P. 61-73. 17. Kim D.H., Cho C.H. Bacterial Foraging Based Neural Network Fuzzy Learning // Proceedings of the 2nd Indian International Conference on Artificial Intelligence (IIAI-2005). — Pune: IIAI, 2005. — P. 2030-2036. 18. Biswas A., Dasgupta S., Das S., Abraham A. Synergy of PSO and Bacterial Foraging Optimization: A Comparative Study on Numerical Benchmarks // Proceedings of the Second International Workshop on Hybrid Artificial Intelligent Systems (HAIS 2007). — Salamanca: Springer, 2007. — P. 255-263.

Поступила в редколлегию 14.10.2008

УДК 519.6:004.93

**Метод оптимізації на основі моделювання переміщення бактерій з використанням еволюційних операторів /** О.О. Олійник, С.О. Субботін // Біоніка інтелекту: наук.-техн. журнал — 2008. — № 2 (69). — С. 137-144.

У статті досліджується метод оптимізації на основі мультиагентної оптимізації. Запропоновано удосконалення методу шляхом впровадження в його роботу еволюційних операторів відбору, схрещування та мутації. Також розглянуто можливість його використання до вирішення задачі відбору інформативних ознак.

Табл. 2. Л. 7. Бібліогр.: 18 найм.

UDC 519.6:004.93

**Bacteria foraging optimization with evolutionary operators /** A.A. Oleynik, S.A. Subbotin // Bionics of Intelligence: Sci. Mag. — 2008. — № 2 (69). — P. 137-144.

The bacteria foraging optimization is analyzed in the paper. The using of evolutionary operators for bacteria foraging optimization is proposed. Application of proposed method for feature selection is offered.

Tab. 2. Fig. 7. Ref.: 18 items.