

САМОАДАПТАЦИЯ В АЛГОРИТМАХ БАКТЕРИАЛЬНОГО ПОИСКА

Полуян Сергей Владимирович

Студент

Международный университет природы, общества и человека «Дубна»,

Факультет естественных и инженерных наук, Дубна, Россия

E-mail: svpoluyan@gmail.com

В основе работы практически всех алгоритмов роевой оптимизации лежит, как правило, достаточно простая идея. Однако эта простая идея при реализации обрастает разнообразными вспомогательными правилами (эвристиками), каждое из которых управляется одним или несколькими параметрами. Это приводит к тому, что конечный алгоритм оказывается зависимым от большого числа параметров, которые влияют на эффективность этого алгоритма (например, на скорость сходимости). К сожалению, настроить такие параметры универсальным образом чаще всего не удается. Это значит, что для каждого отдельного набора входных данных оказывается невозможным подобрать такую комбинацию параметров, которая обеспечит лучшую сходимость алгоритма. Настоящая работа посвящена описанию подхода к построению самоадаптивных алгоритмов роевой оптимизации, в которых происходит автоматическая настройка части параметров алгоритма в процессе его эволюции. Рассматривается работа предложенной схемы самоадаптации на примере алгоритма бактериального поиска [1].

Основная идея построения самоадаптивного алгоритма заключается в том, что на фоне основного алгоритма запускается вспомогательный генетический алгоритм [2]. Через несколько итераций основного алгоритма производится одна итерация генетического алгоритма, включающая в себя три шага – турнирный отбор, арифметическое скрещивание и мутацию. Целью работы генетического алгоритма является настройка параметров базового алгоритма, обеспечивающая максимально возможную скорость его сходимости. Отметим, что такой алгоритм не является гибридным, так как только базовая его часть отвечает собственно за оптимизацию целевой функции.

В данной работе рассматривались различные модификации бактериального поиска. Например, для увеличения скорости сходимости шаг бактерии (особи популяции) в области поиска изменяется аналогично методу R-propagation [3]. Также для увеличения скоро-

сти сходимости рассматривался модифицированный способ вычисления здоровья бактерии (этап репродукции) – используется значение функции качества в текущей позиции бактерии. Проведена модификация алгоритма бактериального поиска с использованием идей алгоритма адаптации матрицей ковариаций [4].

Для тестирования алгоритмов бактериального поиска (классического, самоадаптивного и различных модификаций), было принято решение использовать тестовые функции, которые поставляются крупнейшими и наиболее важными конференциями в сфере глобальной оптимизации CEC (Congress of Evolutionary Computing) в рамках IEEE WCCI (World Congress on Computational Intelligence). Проведено численное исследование работы алгоритмов на тестовых функциях [5] различного вида и размерности. Представлены результаты, показывающие эффективность предложенной схемы самоадаптации.

Литература

1. Passino K. M. Biomimicry of bacterial foraging for distributed optimization and control // IEEE Control Systems Magazine, Volume 22, Issue 3, 2002, P. 52–67.
2. Whitley D. A Genetic Algorithm Tutorial // Statistics and Computing, Volume 4, Issue 2, 1994, P. 65–85.
3. Riedmiller M., Braun H. A direct adaptive method for faster back-propagation learning // International Conference on Neural Networks, 1993, P. 586–591.
4. Hansen N., Ostermeier A. Adapting arbitrary normal mutation distributions in evolution strategies: The covariance matrix adaptation // Proceedings of the 1996 IEEE International Conference on Evolutionary Computation, 1996, P. 312–317.
5. Tang K., Yao X. Benchmark Functions for the CEC'2008 Special Session and Competition on Large Scale Global Optimization, Technical Report, Nature Inspired Computation and Applications Laboratory, USTC, China, 2007.