

УДК 00

Глобальная оптимизация на основе искусственных иммунных систем

09, сентябрь 2012

Бабичева Н.О.

Научный руководитель: д.т.н., профессор, Карпенко А.П.
МГТУ им. Н.Э.Баумана, Москва, Россия

МГТУ им. Н.Э. Баумана
bauman@bmstu.ru

Введение

Искусственные иммунные системы (*artificial immune system, AIS*) или иммунологические вычисления (*immunological calculations*) представляют собой относительно новую область исследований. Для решения прикладных задач с помощью парадигмы ИИС используют различные модели. При решении задач оптимизации чаще всего применяют модели иммунной сети и клонального отбора. В данной работе рассмотрен алгоритм на основе модели клонального отбора для решения задач глобальной безусловной оптимизации [1].

Постановка задачи и схема алгоритма

Рассматриваем задачу многомерной глобальной безусловной оптимизации

$$\min_{X \in R^N} \Phi(X) = \Phi(X^*) = \Phi^*,$$

где N - размерность вектора варьируемых параметров X , а R^N - N -мерное арифметическое пространство.

Алгоритм клонального отбора разработан на основе теории клонального отбора [2], в соответствии с которой B - и T -клетки адаптируются для борьбы с чужеродными клетками. Схема алгоритма имеет следующий вид [3].

Случайным образом создаем множество P решений или антител, состоящее из клеток памяти M и остальных клеток P_r , так что $P = M \cup P_r$.

Выбираем n лучших антител из множества P по их аффинности и обозначаем полученный набор P_n .

Клонируем антитела набора P_n пропорционально их аффинности с коэффициентом клонирования B . Полученное временное множество клонов обозначаем C .

Применяем операцию мутации к клонам множества C , степень которой обратно пропорциональна аффинности клонов. Модифицированное множество C обозначаем C^* .

Выбираем лучшие элементы из множества C^* и помещаем их во множество M . Также заменяем некоторые элементы множества P улучшенными элементами из множества C^* .

Для повышения разнообразия популяции заменим d антител множества P_r оригинальными (N_d), то есть случайно сгенерированными антителами. Вероятность замены антитела полагаем обратно пропорциональной его аффинности.

Общее число антител в популяции (число рассматриваемых векторов X) обозначаем N_{ab} (*number antibodies*). Рекомендованное значение N_{ab} лежит в диапазоне $[10; 100]$. Рекомендуемые значения параметра n принадлежат интервалу $[1; N_{ab}]$, а параметра B - интервалу $[1; 6]$.

Вычислительный эксперимент

Реализация алгоритма выполнена в системе MATLAB. В качестве тестовых рассмотрены функции Розенброка (одно экстремальная овражная функция), Химмельблау (четырёх экстремальная функция) и Растргина (многоэкстремальная функция). Исследование проведено для размерности вектора варьируемых параметров, равной 2, 4, 8, 16.

Сходимость алгоритма для различных тестовых функций иллюстрируют рисунки 1-3, на которых t – номер итерации.

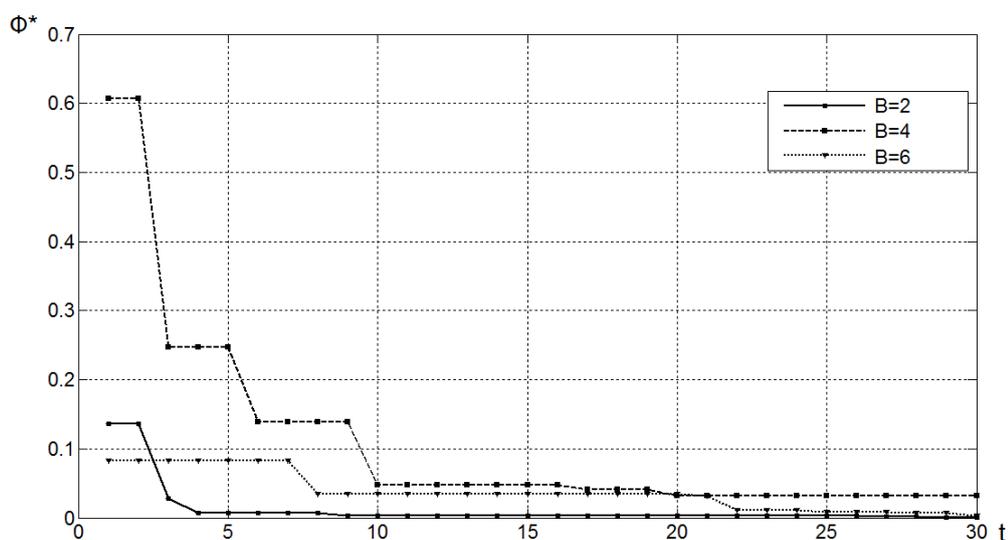


Рис. 1 Сходимость алгоритма в функции параметра B : функция Розенброка; $N=2$

Рисунок 1 показывает, что максимальную скорость сходимости обеспечивает значение коэффициента клонирования B , равное двум. Таким образом, для функции Розенброка оказывается нецелесообразной большая мощность временного множества клонов S .

Из рисунка 2 следует, что, как и следовало ожидать, с увеличением размера популяции для функции Химмельблау скорость сходимости алгоритма повышается. Однако при этом может возрасти суммарное число испытаний (вычислений значений целевой функции).

Рисунок 3 иллюстрирует тот ожидаемый факт, что для функции Растргина увеличение числа лучших антител n повышает скорость сходимости алгоритма. Как и в предыдущем случае при этом может возрасти число испытаний.

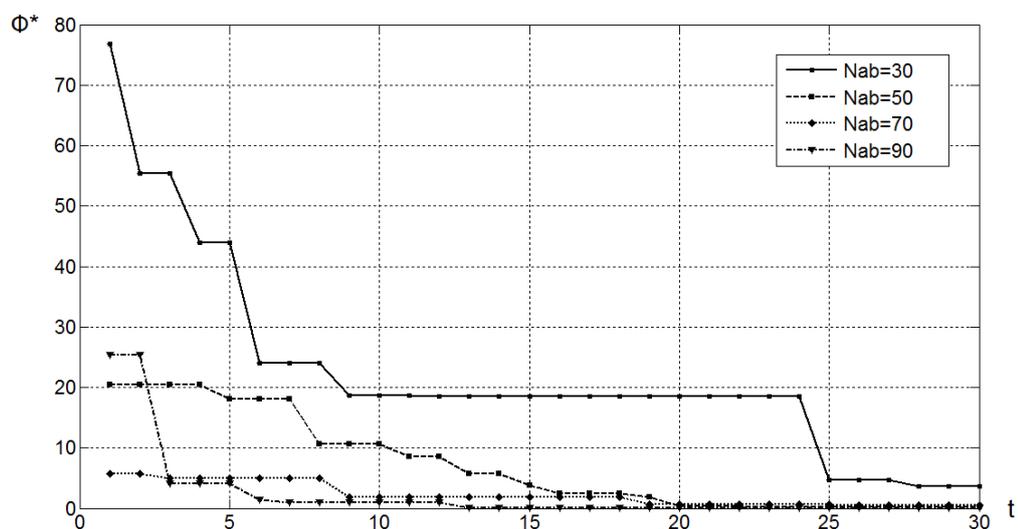


Рис. 2 Сходимость алгоритма в функции параметра N_{ab} : функция Химмельблау; $N=2$

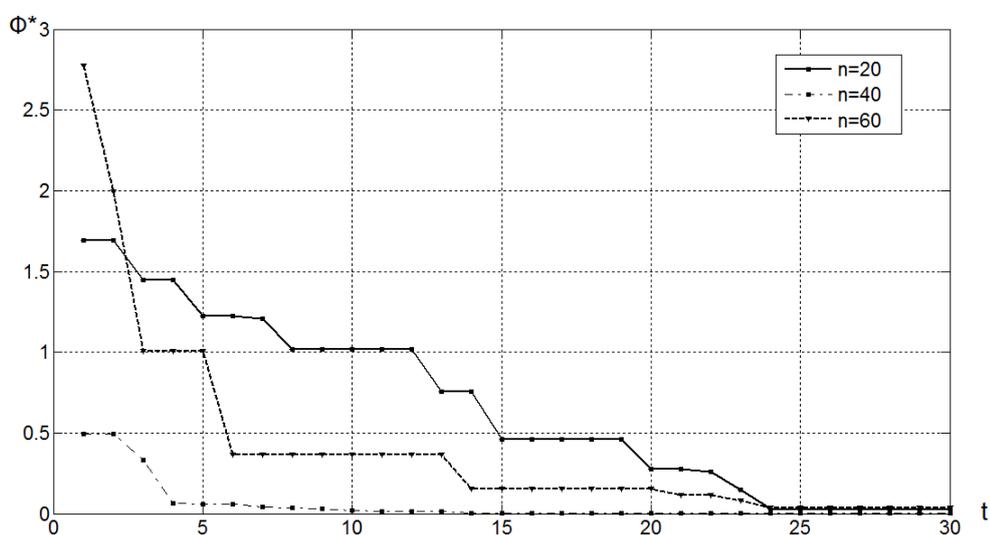


Рис. 3 Сходимость алгоритма в функции параметра n : функция Растригина; $N=2$

Аналогичные выводы относительно значений величин B, N_{ab}, n сделаны относительно других указанных выше тестовых функций.

Результаты исследования сходимости алгоритма выявили необходимость его модификации, направленной на повышение скорости сходимости. В работе предложена такая модификация, заключающаяся в использовании на различных стадиях поиска различной степени мутации.

Некоторые результаты сравнения сходимости исходного и модифицированного алгоритмов представлены на рисунке 4 (функция Химмельблау). Рисунок показывает, что модифицированный алгоритм имеет существенно более высокую скорость сходимости. Остается открытым вопрос об оптимальной стратегии изменения степени мутации в процессе итераций.

В целом, результаты исследования показывают сильную зависимость эффективности алгоритма от значений его свободных параметров (что является характерным для всех популяционных алгоритмов). Поэтому актуальной является задача поиска оптимальных значений этих параметров, т.е. задача метаоптимизации алгоритма ИИС.

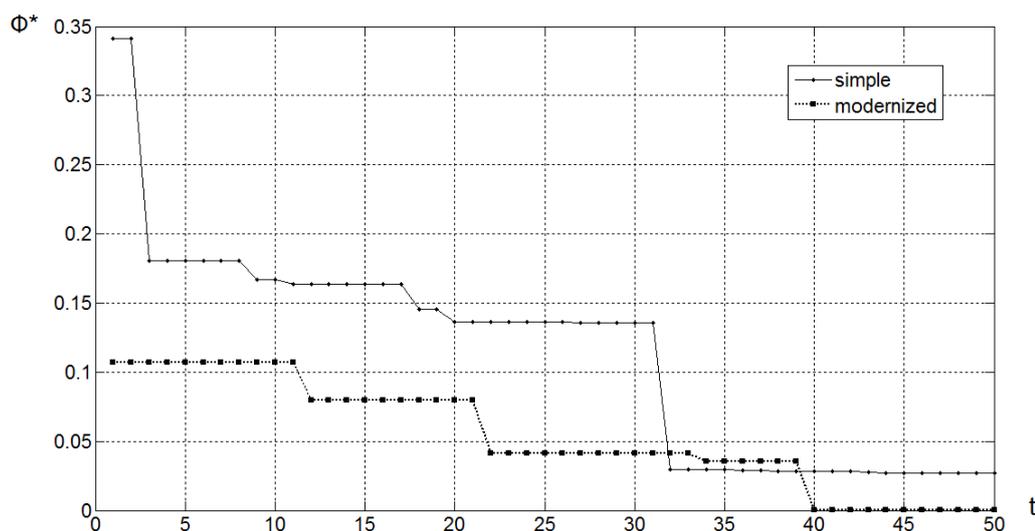


Рис. 4 Сравнение базового и модернизированного алгоритмов

В связи с высокой вычислительной сложностью целевых функций во многих практически значимых задачах, актуальными являются разработка и исследование параллельных методов и алгоритмов ИИС.

Заключение

В работе выполнена реализация и исследование эффективности алгоритма глобальной безусловной оптимизации на основе ИИС. Результаты исследования показали высокую эффективность алгоритм при оптимизации сложных овражных и многоэкстремальных функций. Вместе с тем, эти результаты выявили недостаток алгоритма, заключающийся в большом числе требуемых оценок целевой функции.

На этой основе в работе предложена модификация алгоритма, предполагающая использование различных операторов мутации на различных стадиях функционирования алгоритма. Выполнена реализация модифицированного алгоритма и исследование его эффективности. Показано, что модифицированный метод обеспечивает более высокую эффективность при оптимизации, как унимодальных, так и многоэкстремальных тестовых функций, по сравнению с исходным алгоритмом. При этом число оценок целевой функции оказывается приемлемым.

Кроме того, в работе выполнен поиск оптимальных значений свободных параметров алгоритма - общего числа антител в популяции, числа антител подлежащих клонированию, а также коэффициента клонирования.

Литература

1. Gelbukh A., Sidorov G., Lara-Reyes D., Chanona-Hernandez L. Division of Spanish Words into Morphemes with a Genetic Algorithm // Lecture Notes in Computer Science, 2008, V. 5039, pp. 19-26.
2. Nunes de Castro L., Von Zuben F. J. Learning and optimization using the clonal selection principle // IEEE Transactions Evolution Computation, 2002, Vol. 6, No. 3, pp. 239-251.
3. Herrera-Lozada J. C., Calvo H., Taud H. A Micro Artificial Immune System // Polibits, 2011, Vol. 43, pp.107-111.