



Πανεπιστήμιο Πειραιώς – Τμήμα Πληροφορικής  
Πρόγραμμα Μεταπτυχιακών Σπουδών  
«Πληροφορική»

Μεταπτυχιακή Διατριβή

**ΒΙΟΜΙΜΗΣΗ ΤΗΣ ΑΝΑΖΗΤΗΣΗΣ ΤΡΟΦΗΣ ΑΠΟ  
ΤΟ ΒΑΚΤΗΡΙΟ Escherichia Coli  
ΚΑΙ ΕΦΑΡΜΟΓΕΣ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗΣ**

Του  
Θεόδωρου Τσίγκρηλα  
του Βασιλείου  
ΜΠΠΛ 07029

Επιβλέπων **Άγγελος Πικράκης,**  
**Λέκτορας Πανεπιστημίου Πειραιώς**

Ημερομηνία Παράδοσης

Πειραιάς, Νοέμβριος 2011

**Τριμελής Εξεταστική Επιτροπή**

(υπογραφή)

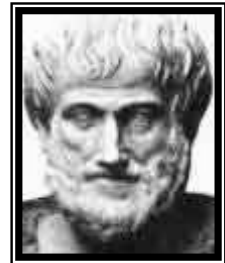
(υπογραφή)

(υπογραφή)

**Άγγελος Πικράκης**  
Λέκτορας

**Γεώργιος Τσιχριντζής**  
Καθηγητής

**Ευάγγελος Φούντας**  
Καθηγητής



***«Η φύσις μηδέν μήτε ατελές ποιεί μήτε μάτην»,  
Αριστοτέλης, 384-322 π.Χ.***





## Περίληψη

Ο Αλγόριθμος Βελτιστοποίησης Αναζήτησης Τροφής των Βακτηρίων (Bacterial Foraging Optimization Algorithm - BFOA), έχει γίνει αποδεκτός από τους ερευνητές εδώ και μια δεκαετία σαν ένας μεγάλου ενδιαφέροντος εξελικτικός αλγόριθμος βελτιστοποίησης λόγω της αποτελεσματικότητας στην επίλυση των πραγματικών προβλημάτων βελτιστοποίησης που προκύπτουν σε διάφορα πεδία εφαρμογών. Ένα από τα σημαντικότερα στοιχεία του BFOA είναι το φαινόμενο προσομοίωσης κίνησης των εικονικών βακτηρίων, σε καθένα από τα οποία το μοντέλο αποδίδει μια δοκιμαστική λύση του προβλήματος βελτιστοποίησης. Κατά τη διάρκεια της αναπαραγωγής, τα λιγότερο υγιή βακτήρια (με συσσωρευμένη χαμηλότερη τιμή της αντικειμενικής συνάρτησης στη χημειοτακτική διάρκεια ζωής) πεθαίνουν και το κάθε ένα από τα άλλα υγιέστερα βακτήρια χωρίζεται σε δύο, τα οποία στη συνέχεια αρχίζουν να διερευνούν την περιοχή των θρεπτικών συστατικών με συνέπεια την ταχεία σύγκλιση του βακτηριακού πληθυσμού κοντά στα βέλτιστα (τοπικά / ολικά). Αυτό το φαινόμενο είναι ευθέως ανάλογο με το μηχανισμό επιλογής στους κλασικούς εξελικτικούς αλγόριθμους. Λαμβάνοντας υπόψη τις πολυάριθμες προηγούμενες αναλύσεις, σε αυτή την εργασία μελετούμε την κοινωνική αναζήτηση τροφής στη φύση, ενώ η υποκείμενη βιολογία πίσω από τη στρατηγική αναζήτησης τροφής του βακτηρίου *E. coli* προσομοιώνεται με έναν εξαιρετικό τρόπο. Χρησιμοποιείται σαν ένας νέος αλγόριθμος βελτιστοποίησης και αποδίδεται σε ψευδοκώδικα και σε πρόγραμμα. Με αυτό εξετάζουμε πειραματικά δώδεκα μαθηματικές συναρτήσεις. Ολοκληρώνουμε με τις προοπτικές του αλγόριθμου BFOA και με περιγραφή από τις πιο σημαντικές εφαρμογές του BFOA μέχρι σήμερα.

## Λέξεις κλειδιά

BFOA (Αλγόριθμος Βελτιστοποίησης Βακτηριδιακής Αναζήτησης Τροφής), *E.Coli*, χημειοτακτισμός, συνάθροιση, προσαρμοστικός έλεγχος.

## Abstract

During the last decade Bacterial Foraging Optimization Algorithm - BFOA, has been accepted by researchers as a high interest evolutionary optimization algorithm due to the effectiveness in solving optimization problems in various application domains of real world. One of the major driving forces in BFOA is the movement simulation of virtual bacteria, where the model gives on each bacterium a test solution of the optimization problem. During reproduction, the least healthier bacteria (with a lower accumulated value of the objective function in one chemotactic lifetime) die and the other healthier bacteria each split into two, which then starts exploring the search place from the same location resulting in rapid convergence of the bacterial population near optima (local / global). This phenomenon is directly proportional to the mechanism selection in classical evolutionary algorithms. Considering many previous works in this paper we study the social foraging in nature, while the underlying biology behind the foraging strategy of *E. coli* bacterium is simulated with an excellent manner. It is also used as a new optimization algorithm and attributed to pseudocode and program. We examine experimentally twelve mathematical functions. We conclude with the prospects of BFOA algorithm and a description of the most important applications of BFOA today.

## Key Words

BFOA (Bacterial Foraging Optimization algorithm), *E.Coli*, chemotaxis, Swarming, Adaptive Control.



## ΕΥΧΑΡΙΣΤΙΕΣ

Θα ήθελα να εκφράσω τις ευχαριστίες μου στον επιβλέποντα καθηγητή μου κ. Άγγελο Πικράκη, του οποίου η καθοδήγηση ήταν καθοριστική για την ολοκλήρωση της παρούσας εργασίας.

Επιπλέον ένα ιδιαίτερο ευχαριστώ οφείλω στη φίλη και συνάδελφο μου στην Η.ΔΙ.Κ.Α. Α.Ε., Χρύσα Κοντογεώργου, Μηχανικό Η/Υ, για τις υποδείξεις και την πολύτιμη βοήθεια που μου παρείχε κατά την εκπόνηση της παρούσας διατριβής, καθώς και στο εκλεκτό φίλο Θανάση Παυλίδη, Βιοχημικό, για τη σημαντική συμβολή του στην κατανόηση των βιολογικών φαινομένων που περιγράφονται στην εργασία.

Τέλος, οφείλω να ευχαριστήσω την οικογένειά μου που με στήριξε και με στηρίζει όλα αυτά τα χρόνια και που χωρίς τη πολύτιμη παρουσία της δε θα ήταν δυνατό ό,τι έχω καταφέρει να κάνω ως σήμερα.

Αθήνα, Νοέμβριος 2011  
Θοδωρής Τσίγκρηλας



## ΠΕΡΙΕΧΟΜΕΝΑ

ΠΕΡΙΛΗΨΗ .....	5
ΛΕΞΕΙΣ ΚΛΕΙΔΙΑ .....	5
ABSTRACT .....	5
KEY WORDS .....	5
ΕΥΧΑΡΙΣΤΙΕΣ .....	7
ΠΕΡΙΕΧΟΜΕΝΑ.....	9
ΕΙΣΑΓΩΓΗ .....	11
<b>1. ΘΕΩΡΙΑ ΑΝΑΖΗΤΗΣΗΣ ΤΡΟΦΗΣ.....</b>	<b>14</b>
1.1 ΣΤΡΑΤΗΓΙΚΕΣ ΑΝΑΖΗΤΗΣΗΣ ΤΡΟΦΗΣ ΣΤΗ ΦΥΣΗ.....	14
1.2 Η ΑΝΑΖΗΤΗΣΗ ΤΡΟΦΗΣ ΩΣ ΠΡΟΒΛΗΜΑ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗΣ .....	16
1.3 ΝΟΗΜΟΣΥΝΗ ΣΜΗΝΟΥΣ ΣΤΗΝ ΥΠΗΡΕΣΙΑ ΤΗΣ ΑΝΑΖΗΤΗΣΗΣ ΤΡΟΦΗΣ .....	17
<b>2. ΑΝΑΖΗΤΗΣΗ ΤΡΟΦΗΣ ΑΠΟ ΤΟ ΒΑΚΤΗΡΙΟ ESCHERICHIA COLI .....</b>	<b>20</b>
2.1 ΒΙΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΒΑΚΤΗΡΙΟΥ .....	20
2.2 ΚΙΝΗΤΗΡΙΟΣ ΜΗΧΑΝΙΣΜΟΣ ΜΕΣΩ ΜΑΣΤΙΓΙΩΝ.....	23
2.3 ΔΙΑΣΧΙΖΟΝΤΑΣ ΤΑ ΘΡΕΠΤΙΚΑ ΣΥΣΤΑΤΙΚΑ .....	26
2.4 ΜΗΧΑΝΙΣΜΟΣ ΑΙΣΘΗΣΗΣ ΚΑΙ ΛΗΨΗΣ ΑΠΟΦΑΣΕΩΝ.....	29
2.5 ΓΕΓΟΝΟΤΑ ΑΠΟΒΟΛΗΣ / ΔΙΑΣΠΟΡΑΣ .....	31
2.6 ΒΑΚΤΗΡΙΔΙΑΚΗ ΚΙΝΗΤΙΚΟΤΗΤΑ ΚΑΙ ΟΜΑΔΙΚΗ ΣΥΜΠΕΡΙΦΟΡΑ.....	31
<b>3. Ο ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗΣ ΒΑΣΙΣΜΕΝΟΣ ΣΤΗΝ ΑΝΑΖΗΤΗΣΗ ΤΡΟΦΗΣ ΑΠΟ ΤΟ E.COLI .....</b>	<b>34</b>
3.1 ΒΑΣΙΚΗ ΜΕΘΟΔΟΣ .....	34
3.2 ΧΗΜΕΙΟΤΑΚΤΙΣΜΟΣ, ΔΗΜΙΟΥΡΓΙΑ ΣΜΗΝΟΥΣ, ΑΝΑΠΑΡΑΓΩΓΗ, ΑΠΟΒΟΛΗ ΚΑΙ ΔΙΑΣΠΟΡΑ .....	34
3.3 ΠΑΡΟΥΣΙΑΣΗ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ ΒΦΟΑ (BACTERIAL FORAGING OPTIMIZATION ALGORITHM) ΣΕ ΨΕΥΔΟΚΩΔΙΚΑ .....	39
<b>4. ΠΡΟΟΠΤΙΚΕΣ ΕΞΕΛΙΞΗΣ ΤΟΥ ΒΦΟΑ .....</b>	<b>41</b>
4.1 ΣΥΝΔΕΣΗ ΜΕ ΑΛΛΕΣ ΜΕΘΟΔΟΥΣ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗΣ .....	41
4.2 ΑΠΛΟΠΟΙΩΝΤΑΣ ΤΟΝ ΑΡΧΙΚΟ ΑΛΓΟΡΙΘΜΟ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗΣ ΤΗΣ ΒΑΚΤΗΡΙΔΙΑΚΗΣ ΑΝΑΖΗΤΗΣΗΣ ΤΡΟΦΗΣ.....	42
4.3 ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ ΒΦΟ-LDC .....	43
4.4 ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ ΒΦ-PSO .....	44
<b>5. ΕΦΑΡΜΟΓΕΣ ΤΟΥ ΒΦΟΑ.....</b>	<b>45</b>
5.1 Έλεγχος της σταθμής δεξαμενής πληρώσης .....	45
5.2 Καθοδήγηση Αυτονομών Οχημάτων .....	47
5.3 Βιομιμνήση της αναζήτησης τροφής για έλεγχο, κατεύθυνσεις και προκλήσεις για περαιτέρω μελέτη.....	48
<b>6. ΠΕΙΡΑΜΑΤΙΚΑ ΔΕΔΟΜΕΝΑ ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗΣ ΒΦΟΑ .....</b>	<b>49</b>
6.1 ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗ ΣΥΝΑΡΤΗΣΕΩΝ -ΜΕΘΟΔΟΣ .....	49
6.2 ΠΑΡΑΔΟΧΕΣ (ΠΑΡΑΜΕΤΡΟΙ ΜΕΤΡΗΣΕΩΝ) .....	51
6.3 ΑΝΑΛΥΣΗ ΠΕΡΙΠΤΩΣΕΩΝ .....	52
6.3.1 Εκτέλεση ΒΦΟΑ και γραφική απεικόνιση συναρτήσεων.....	52
6.3.2 Μεθοδολογία στατιστικού προσδιορισμού των βέλτιστων σημείων .....	68

6.4 ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ - ΠΕΡΙΛΗΨΗ.....	87
<b>ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ .....</b>	<b>91</b>
<b>ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ.....</b>	<b>95</b>
ΠΡΟΓΡΑΜΜΑΤΙΣΤΙΚΟΣ ΚΩΔΙΚΑΣ ΣΕ MATLAB.....	95
Αλγόριθμος BFOA .....	95
Συνάρτηση Βακτηριδιακής προσέλκυσης κυτάρου-προς- κύτταρο .....	104
Υπόδειγμα συνάρτησης προς βελτιστοποίηση .....	105

## ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Η **Βιομίμηση (Biomimicry)**, από το *βιο* = *ζωή* και *μίμηση* = *αντιγραφή*, είναι μια σχετικά νέα κατεύθυνση στην επιστήμη, η οποία μελετά τις καλύτερες ιδέες της φύσης, τους καλύτερους και ευφύεστερους οργανισμούς στο φυσικό μας περιβάλλον και στη συνέχεια μιμείται τα σχέδια και τις διαδικασίες για να δώσει λύσεις σε ανθρώπινα προβλήματα. Σκεφτείτε το ως "**καινοτομία εμπνευσμένη απ' τη φύση**". Σαφώς όμως η ιδέα ότι ο άνθρωπος μπορεί να εμπνευστεί από τα φυσικά εξελικτικά μοντέλα δεν είναι καθόλου καινούργια. Περισσότερο από 400 χρόνια πριν, ο Leonardo da Vinci μελετούσε και αντλούσε την έμπνευσή του από τα πουλιά για να κατασκευάσει τις πτητικές μηχανές του Μπορούμε, δηλαδή, να μάθουμε από τη φύση και όχι μόνο να μάθουμε για αυτήν. Η ιδέα είναι πως η φύση, ευρηματική από ανάγκη, έχει ήδη λύσει πολλά απ' τα προβλήματα, με τα οποία εμείς οι άνθρωποι ερχόμαστε αντιμέτωποι καθημερινά. Τα ζώα, τα φυτά και τα μικρόβια είναι οι τέλει μηχανικοί, γιατί έχουν βρει τι δουλεύει, τι είναι χρήσιμο, και τι διαρκεί εδώ και πολλούς αιώνες στη γη.

Η δεύτερη έννοια που θα συναντήσουμε στην παρούσα εργασία, είναι αυτήν της **Βελτιστοποίησης (Optimization)**, η διαδικασία δηλαδή απόκτησης του βέλτιστου αποτελέσματος κάτω από δεδομένες καταστάσεις [37], ή η διαδικασία επίλυσης ενός προβλήματος όπου με διάφορες μεθόδους εντοπίζουμε την καλύτερη λύση, όταν υπάρχει η δυνατότητα εναλλακτικών λύσεων οι οποίες αντιστοιχούν σε κάποιο κόστος (όπου τις λέξεις «καλύτερη» και «κόστος» τις αντιμετωπίζουμε κάτω από ένα πολύ γενικό πρίσμα [34]). Στα μαθηματικά, κάθε περιγραφή προβλήματος βελτιστοποίησης αποτελεί ουσιαστικά απλούστευση του πραγματικού προβλήματος επιλογής της καλύτερης λύσης από ένα σύνολο πιθανών λύσεων. Έτσι η επίλυση ενός προβλήματος βελτιστοποίησης ισοδυναμεί με την εύρεση εκείνης της λύσης που οδηγεί στο ελάχιστο (ή μέγιστο αν ζητάμε κάτι τέτοιο) κόστος, σε σχέση με όλες τις πιθανές λύσεις που ικανοποιούν τους περιορισμούς που θέτει το πρόβλημα [41].

Γενικά σε ένα πρόβλημα βελτιστοποίησης, ο σκοπός μας να προσδιορίσουμε ένα διάλυμα λύσεων  $x^* \in S$  το οποίο θα ικανοποιεί μια συνάρτηση κόστους ή ένα αντικειμενικό κριτήριο  $\phi: S \rightarrow \mathcal{R}$  για το οποίο θα ισχύει  $\forall x \in S: \phi(x^*) \leq \phi(x)$  (πρόβλημα ελαχιστοποίησης) ή  $\forall x \in S: \phi(x^*) \geq \phi(x)$  (πρόβλημα μεγιστοποίησης).

Τα προβλήματα που εμφανίζονται στη φύση μπορεί να είναι δύσκολα Συνδυαστικά Προβλήματα Βελτιστοποίησης (hard Combinatorial Optimization Problems – COP) ή να μοντελοποιούνται από συνεχείς συναρτήσεις που εμφανίζουν ένα μεγάλο πλήθος τοπικά βέλτιστων λύσεων κάνοντας κατά αυτόν τον τρόπο δύσκολη, αν όχι αδύνατη, την επίλυσή τους με χρήση κλασικών αιτιοκρατικών μεθόδων. Για το λόγο αυτό η έρευνα κατευθύνθηκε προς τους εξελικτικούς αλγόριθμους (που είναι μη αιτιοκρατικοί, άρα στοχαστικοί) και ειδικότερα σε αυτούς που εμπνέονται από φυσικά βιολογικά φαινόμενα. Οι αλγόριθμοι αυτοί έχουν την ιδιότητα να μην εγκλωβίζονται σε τοπικά βέλτιστες λύσεις και μάλιστα μπορούν να εντοπίσουν την περιοχή της ολικά βέλτιστης λύσης συνήθως μετά από ένα μεγάλο αριθμό εκτιμήσεων της αντικειμενικής συνάρτησης.

Όταν χρησιμοποιούμε τον όρο **Αλγόριθμος**, όπως κάναμε πιο πριν, θα δίνουμε τον ορισμό ότι εννοούμε «μια ακολουθία ξεκάθαρων, ρητών εντολών για την επίλυση ενός προβλήματος, δηλαδή για την παραγωγή της απαιτούμενης εξόδου για κάθε αποδεκτή είσοδο, σε πεπερασμένο χρόνο πάντα» [12].

Μια ιδιαίτερα σημαντική κατηγορία αλγορίθμων που βασίζονται στην προσομοίωση της φυσικής εξέλιξης, είναι και οι **Εξελικτικοί Αλγόριθμοι** (Evolutionary Algorithms). Χρησιμοποιούν δηλαδή μηχανισμούς εμπνευσμένους από την εξέλιξη με τη βιολογική έννοια, ήτοι *αναπαραγωγή*, *μετάλλαξη*, *επανασυνδυασμός* και *φυσική επιλογή*. Συνδυάζουν την επιβίωση του ικανότερου με μία οργανωμένη ανταλλαγή πληροφοριών, με στόχο την διαμόρφωση ενός αλγόριθμου ανίχνευσης που να διαθέτει -όσο μπορεί να είναι κάτι τέτοιο- επιβίωση τη διαίσηση της ανθρώπινης ανίχνευσης. Οι Εξελικτικοί

Αλγόριθμοι μιμούνται τις διαδικασίες βιολογικής εξέλιξης με την υλοποίηση των ιδεών της φυσικής επιλογής και της επικράτησης του ισχυρότερου, έτσι ώστε να παρέχουν αποτελεσματικές λύσεις σε προβλήματα βελτιστοποίησης.

Έχουν ως υπόβαθρο την εξέλιξη ενός **πληθυσμού** (population) εφικτών σημείων (μεμονωμένων individuals), τον οποίο εξελίσσουν μέσω υπολογιστικών διαδικασιών εμπνευσμένων από τη *φυσική επιλογή* (selection rules), την *αναπαραγωγή*, *ανασυνδυασμό* (recombination) και *μετάλλαξη* (mutation). Ο αρχικός πληθυσμός ενός Εξελικτικού Αλγόριθμου συνήθως αρχικοποιείται σε τυχαίες τιμές και εξελίσσεται προς διαδοχικά καλύτερες περιοχές του χώρου αναζήτησης. Η πιθανότητα επιβίωσης κάθε ατόμου εξαρτάται από το βαθμό καταλληλότητας του (fitness rate), η τιμή δηλαδή της συνάρτησης καταλληλότητας (fitness function). Το περιβάλλον αποδίδει πληροφορίες σχετικά με την ποιότητα (fitness value) των νέων σημείων αναζήτησης, και η διαδικασία επιλογής ευνοεί τα άτομα με καλύτερη ποιότητα να αναπαράγονται συχνότερα από τα άλλα άτομα του πληθυσμού. Η παραγωγική διαδικασία επηρεάζεται από *γενετικούς τελεστές και εξασφαλίζει βελτίωση της μέσης ποιότητας του πληθυσμού σε κάθε γενιά* (generation), *άρα και σύγκλιση τελικά στο ολικό βέλτιστο*, όπως φαίνεται και στην Εικόνα 1. Σχηματική απεικόνιση Εξελικτικού Αλγόριθμου Εικόνα 1 [35].

Στη γενική κατηγορία των εξελικτικών αλγόριθμων ανήκουν για παράδειγμα οι **Γενετικοί Αλγόριθμοι** (genetic algorithms GA - Holland 1975), οποίοι βασίζονται στη θεωρία εξέλιξης των ειδών του Δαρβίνου. Σύμφωνα με τη θεωρία του Δαρβίνου, η φυσική εξέλιξη των ατόμων ενός πληθυσμού βασίζεται στη φυσική διαλογή (σε όλα τα είδη των ζώων πιθανότερο είναι να επιβιώσουν τα πιο ικανά, γρήγορα κτλ), την αναπαραγωγή (τα ζώα αναπαράγονται μεταφέροντας τα γονιδιά τους στα παιδιά τους) και τη μετάλλαξη (κατά το πέρασμα των αιώνων όλα τα είδη των ζώων υφίστανται μεταλλάξεις που διαφοροποιούν ορισμένα χαρακτηριστικά τους όχι πάντοτε προς το καλύτερο). Όμοια με το βιολογικό ανάλογο, οι Γενετικοί Αλγόριθμοι βασίζονται στην ύπαρξη ενός πληθυσμού ατόμων, του οποίου κάθε άτομο αντιπροσωπεύει μια υποψήφια λύση του προβλήματος. Βασισμένοι στην ικανότητά τους να επιτυγχάνουν λύσεις κοντά στο βέλτιστο σε μεγάλα προβλήματα, η τεχνική των ΓΑ έχει χρησιμοποιηθεί σε πολλά προβλήματα στην επιστήμη και στη μηχανική (ασαφής λογική κλπ).

Παρά τα οφέλη τους, οι Γενετικοί Αλγόριθμοι μπορεί ν' απαιτήσουν μεγάλο χρόνο επεξεργασίας για να εξελιχθεί μια λύση κοντά στο βέλτιστο. Σε μια προσπάθεια να μειωθεί ο χρόνος επεξεργασίας και να βελτιωθεί η ποιότητα των λύσεων, ειδικά της αποφυγής να παγιδευτούν οι αλγόριθμοι κοντά στα τοπικά βέλτιστα, άλλοι εξελικτικοί αλγόριθμοι (EA) έχουν εισαχθεί τα τελευταία 10 χρόνια. Οι πρόσφατες εξελίξεις στους EAs συμπεριλαμβάνουν δύο άλλες τεχνικές εμπνευσμένες από διαφορετικές φυσικές διαδικασίες: **Βελτιστοποίηση Σμήνους Σωματιδίων** (Particle Swarm Optimization PSO) και **Αλγόριθμος Βελτιστοποίησης Βακτηριαδικής Αναζήτησης τροφής** (BFOA – Bacterial Foraging Optimization Algorithm).

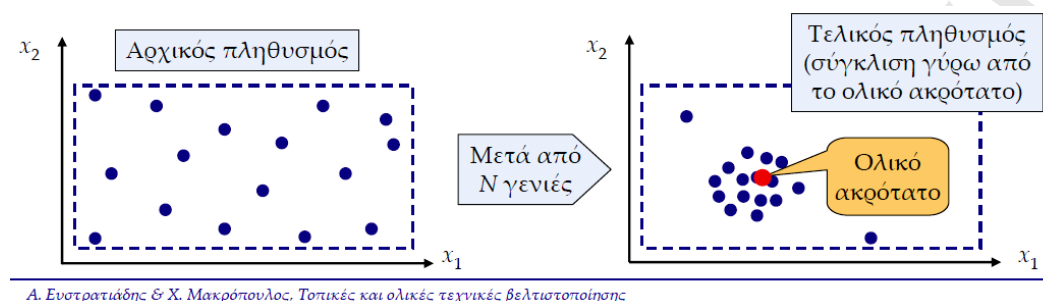
Ο αλγόριθμος PSO προσομοιώνει την κοινωνική συμπεριφορά οργανισμών, όπως πουλιών σε ένα σμήνος και τα ψαριών σε ένα κοπάδι. Αυτή η συμπεριφορά μπορεί να περιγραφεί σαν ένα σύστημα αυτόματα και επαναληπτικά ενημερωμένο. Μέχρι τώρα, ο PSO έχει επιτυχώς εφαρμοστεί σε προβλήματα του πραγματικού κόσμου επιτυχώς.

Από την άλλη πλευρά, η φυσική επιλογή τείνει να εξαλείψει τα ζώα με φτωχές στρατηγικές αναζήτησης τροφής με μεθόδους για εντοπισμό, χειρισμό, και κατανάλωση τροφίμων, και ευνοεί τον πολλαπλασιασμό των γονιδίων αυτών των ζώων που έχουν επιτυχείς μεθόδους εξεύρεσης τροφής. Με βάση αυτή τη αντίληψη, ο **Kevin Passino**<sup>1</sup> πρότεινε μια τεχνική βελτιστοποίησης γνωστή ως **BFOA** που βασίζεται στη μίμηση μιας αντίστοιχης φυσικής διαδικασίας, της στρατηγικής αναζήτησης τροφής (Foraging strategy), ενώ ταυτόχρονα διατηρεί όλα τα χαρακτηριστικά ενός κλασικού εξελικτικού αλγόριθμου, (όπως αρχικό πληθυσμό, αναπαραγωγή, μετάλλαξη, διασταύρωση). Η

<sup>1</sup> Πρόκειται για τον καθηγητή στο Τμήμα Ηλεκτρ. Μηχαν.& Μηχαν. Η/Υ στο Πολιτειακό Πανεπιστήμιο του Οχάιο ο οποίος εισήγαγε την ιδέα του **BFOA** το 2000 [22] και έκτοτε δημοσίευσε και άλλες σχετικές μελέτες πάνω στο ίδιο θέμα [8] [23] και [24].



μελέτη βασίστηκε στο βιολογικό ανάλογο της αναζήτησης τροφής από μεμονωμένα άτομα ή σμήνη εντεροβακτηρίων του *Escherichia Coli*, και αποτελεί το αντικείμενο μελέτης της παρούσας εργασίας, όπως θα δούμε αναλυτικά στη συνέχεια.



**Εικόνα 1. Σχηματική απεικόνιση Εξελικτικού Αλγόριθμου**

Στο **1<sup>ο</sup> κεφάλαιο** αναφερόμαστε στις στρατηγικές αναζήτησης τροφής στη φύση και στο πώς η αναζήτηση τροφής (είτε μεμονωμένα, είτε σε ομάδες) αποτελεί ένα δύσκολο προς επίλυση πρόβλημα βελτιστοποίησης.

Στο **2<sup>ο</sup> κεφάλαιο** κάνουμε μια διεξοδική παρουσίαση της βιολογικής συμπεριφοράς του βακτηρίου *E.coli*, στην προσπάθειά του να κινηθεί στο χώρο αναζήτησης θρεπτικών συστατικών με τη βοήθεια μαστιγίων, στους μηχανισμούς λήψης αποφάσεων καθώς και επίδειξης ομαδικής συμπεριφοράς κατά την αναζήτηση τροφής.

Στο **3<sup>ο</sup> κεφάλαιο** προσομοιώνουμε τη διαδικασία αναζήτησης τροφής και τις παραμέτρους που την επηρεάζουν στο *E.coli* προκειμένου να κατανοήσουμε την εφαρμογή τους στην κατασκευή του αλγόριθμου BFOA, όπου παρατίθεται και σε ψευδοκώδικα.

Οι προοπτικές εξέλιξης ενός πρόσφατα εμπνευσμένου αλγόριθμου (2000) που δεν θα μπορούσαν παρά να είναι ελπιδοφόρες, και μια σύνδεση με άλλες μεθόδους βελτιστοποίησης. παρουσιάζονται στο **4<sup>ο</sup> κεφάλαιο**, με τη μορφή 3 παραλλαγών του που έχουν προταθεί από τους ερευνητές.

**Το κεφάλαιο 5**, παραθέτει κάποιες από τις εφαρμογές του BFOA σε διάφορα πεδία από τα αυτόνομα οχήματα έως την οικονομία και τη μηχανική μάθηση.

Τέλος, στο **6<sup>ο</sup> κεφάλαιο** ένα πρόγραμμα σε υπολογιστή προσομοιώνει την κατανομημένη βελτιστοποιημένη διαδικασία όπως αναπαρίσταται από την κοινωνική αναζήτηση τροφής των βακτηρίων. Για να διαφωτίσουμε αυτή τη διαδικασία, την εφαρμόζουμε σε προβλήματα βελτιστοποίησης συναρτήσεων με πολλά ακρότατα και επιχειρούμε να καταγράψουμε την αποτελεσματικότητα του BFOA στην εύρεση των βέλτιστων (τοπικών ή ολικών).

Στα συμπεράσματα, ανακεφαλαιώνουμε τις βασικές ιδέες και καλούμε τον αναγνώστη να διερευνήσει περισσότερο τις σκέψεις αυτές στην κατεύθυνση της βιομimesis της βελτιστοποιημένης διαδικασίας που εμπνέεται από την αναζήτηση τροφής στα βακτήρια, το μικρότερο βιολογικό οργανισμό που έχει επιδείξει τέτοια αξιοθαύμαστη στρατηγική στην αναζήτηση τροφής και αποτελεί και έναν από τις καλύτερα μελετημένες κατώτερες μορφές ζωής με επίδειξη «κοινωνικών» χαρακτηριστικών.

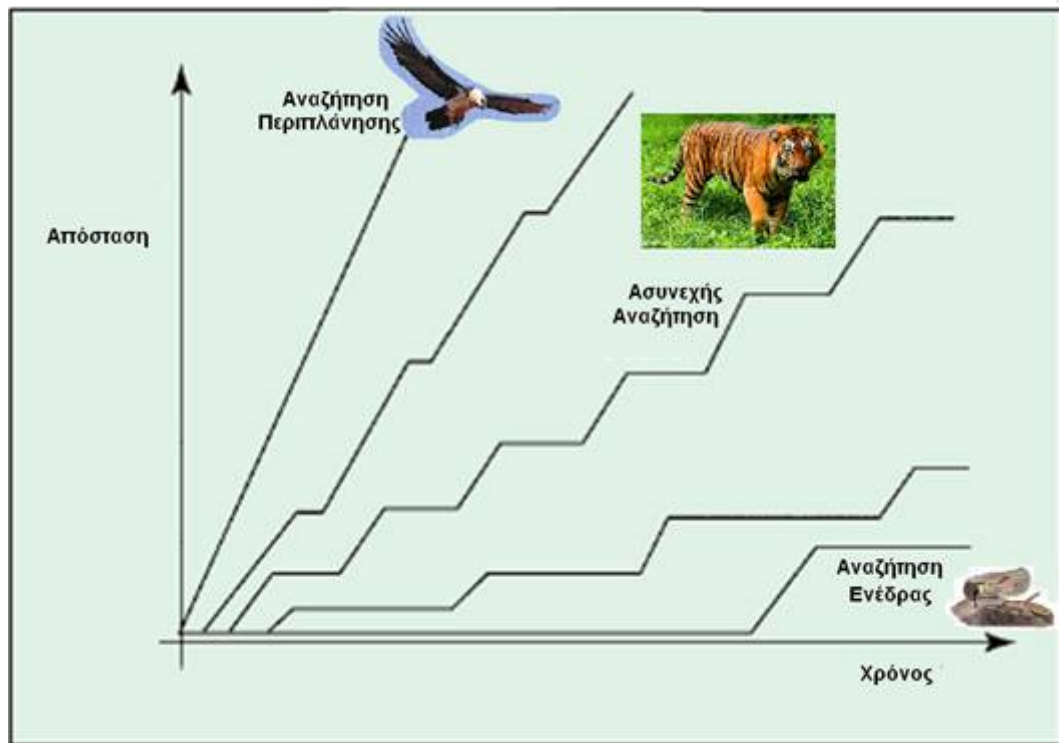
## 1. ΘΕΩΡΙΑ ΑΝΑΖΗΤΗΣΗΣ ΤΡΟΦΗΣ

### 1.1 Στρατηγικές αναζήτησης τροφής στη φύση

Η φυσική επιλογή τείνει να εξαλείψει τα ζώα με φτωχές **"στρατηγικές για αναζήτηση τροφής"** - **"Foraging strategies"**- (μέθοδοι για τον εντοπισμό, το χειρισμό, και την πρόσληψη τροφίμων) και ευνοεί τη εξάπλωση (επιβίωση/ διάδοση) των γονιδίων από εκείνα τα ζώα που έχουν επιτυχείς στρατηγικές αναζήτησης τροφής, ούτως ώστε να είναι πιο πιθανό να αναπαραχθούν επιτυχώς (επειδή βρίσκουν αρκετή τροφή που τους επιτρέπει να αναπαραχθούν). Έπειτα από αρκετές γενιές, φτωχές / αναποτελεσματικές στρατηγικές αναζήτησης τροφής είτε εξαλείφονται, είτε μετασχηματίζονται σε καλές. Λογικά, τέτοιες εξελικτικές αρχές οδήγησαν τους επιστήμονες στο πεδίο της θεωρίας αναζήτησης τροφής **"Foraging Theory"**, να υποθέσουν ότι είναι σκόπιμο να μοντελοποιήσουν τη δραστηριότητα της αναζήτησης τροφής ως μια διαδικασία βελτιστοποίησης: **Μια αναζήτηση τροφής ενός ζώου λαμβάνει δράση να μεγιστοποιήσει την προσλαμβάνουσα ενέργεια ανά μονάδα χρόνου που ξοδεύει για αναζήτηση τροφής, ενόψει των περιορισμών που υποβάλλονται από τη δική του φυσιολογία (π.χ. αισθήσεις και τις γνωστικές ικανότητες) και περιβαλλοντικών (π.χ., πυκνότητα της λείας, κινδύνων από τα αρπακτικά ζώα, φυσικά χαρακτηριστικά από την περιοχή που διερευνάται).** Η εξέλιξη έχει ισορροπήσει αυτούς τους περιορισμούς και ουσιαστικά «προγραμματίζει» αυτό που μερικές φορές αναφέρεται «βελτιστοποιημένη μέθοδος αναζήτησης τροφής» (**"Optimal foraging policy"**), (σαν ορολογία που δικαιολογείται, ιδίως σε περιπτώσεις όπου πρότυπα και πολιτικές που ισχύουν και από οικολογικής άποψης). Μοντέλα βελτιστοποίησης ισχύουν επίσης για την «κοινωνική αναζήτηση τροφής» (**Social foraging**), όπου ομάδες ζώων συνεργάζονται για αναζήτηση τροφής.

Σε μια προσέγγιση για τη μελέτη των στρατηγικών αναζήτησης τροφής [2019], η θήρευση (το κυνήγι) διαιρείται σε τύπους συμπεριφοράς που είναι παρόμοιες για πολλά ζώα. Καταρχήν, τα αρπακτικά ζώα πρέπει να αναζητούν και να εντοπίζουν το θήραμα. Στη συνέχεια, επιδιώκουν να του επιτεθούν. Τέλος, να δαγκώσουν και καταπιούν το θήραμα. Η σημασία των διαφορών στις διαφορετικές συνιστώσες της συμπεριφοράς της αναζήτησης τροφής εξαρτάται από τη σχέση μεταξύ των θηρευτών και των θηραμάτων. Εάν το θήραμα είναι μεγαλύτερο από το αρπακτικό, στη συνέχεια, η άσκηση, η επίθεση, και ο χειρισμός μπορεί να είναι τα πιο σημαντικά. Το μικρό μέγεθος μπορεί να είναι ένα πλεονέκτημα για το θήραμα. Εάν το θήραμα συχνά είναι μικρότερο από τους θηρευτές, σε πολλά ζώα, θα πρέπει να καταναλώνονται συχνά και σε μεγάλους αριθμούς, οπότε αυτό κάνει το χρόνο αναζήτησης ένα όριο σε κάποιες συνιστώσες του κύκλου θήρευσης. Σε αυτό το άρθρο, θεωρούμε περιπτώσεις όπου η συμπεριφορά αναζήτησης είναι ο κυριαρχικός παράγοντας στην αναζήτηση τροφής. Αυτό ισχύει για πολλά πουλιά, ψάρια, σαύρες και έντομα.

Μερικά ζώα κάνουν **περιπλάνηση** ή στήνουν **ενέδρα** στην αναζήτηση. Για την προσέγγιση της **περιπλάνησης** ο κυνηγός κινείται συνεχώς μέσα στο περιβάλλον, ψάχνοντας σταθερά για θήραμα στα όρια της περιοχής που κινείται (π.χ το ψάρι ο τόνος και το γεράκι είναι σε αυτή την κατηγορία). Στην αναζήτηση μέσω ενέδρας, ο θηρευτής (π.χ. ο κροταλίας) παραμένει ακίνητος και περιμένει για το θήραμα να διασχίσει στην περιοχή της ακτίνας δράσης του. Οι στρατηγικές αναζήτησης είναι ανάμεσα στην περιπλάνηση και την ενέδρα στα περισσότερα είδη. Ειδικότερα, σε στρατηγικές «ασυνεχούς αναζήτησης», ένα ζώο περιοδικά περιηγείται και κάθεται και περιμένει, πιθανότατα αλλάζοντας κατεύθυνση σε διάφορες χρονικές στιγμές όταν σταματάει και πιθανότατα ενώ κινείται. Για να φανταστούμε αυτή τη στρατηγική, θεωρούμε την εικόνα 2, όπου η διανυόμενη απόσταση για αναζήτηση παριστάνεται σε συνάρτηση με το χρόνο.



Εικόνα 2 Στρατηγικές αναζήτησης τροφής στο ζωικό βασίλειο [20]

Στην αναζήτηση «περιπλάνησης», η απόσταση αυξάνεται με σταθερό ρυθμό εξαρτώμενη από το πόσο γρήγορα θα κινείται ζώο. Στο άλλο άκρο, αυτό που κάνει την ενέδρα κάθετη και περιμένει για μεγάλο χρονικό διάστημα και στη συνέχεια, κάνει μια κίνηση για να προσπαθήσει να εξασφαλίσει ένα θήραμα. Στο μεταξύ υπάρχουν πολλές πιθανές στρατηγικές «ασυνεχούς» αναζήτησης που βασίζονται σε εναλλασσόμενη ακολουθία περιπλάνησης και αναμονής. Οι στρατηγικές αναζήτησης τροφής πολλών ζώων φαίνεται να εντάσσονται κάπου μεταξύ ενέδρας και περιπλάνησης και ως εκ τούτου είναι ασυνεχείς στρατηγικές αναζήτησης.

Η ασυνεχής αναζήτηση μπορεί να ρυθμιστεί ώστε να ταιριάζει στο περιβάλλον με την αλλαγή των ρυθμών κίνησης κατά τη διάρκεια των περιπλανήσεων και τις διάρκειες των περιπλανήσεων και ενεδρών. Για παράδειγμα, ορισμένα ψάρια είναι γνωστά ότι σταματούν πιο σύντομα και κολυμπούν μακρύτερα και γρηγορότερα κατά τη διάρκεια της επανατοποθέτησης, όταν ψάχνουν για μεγάλα θηράματα, σε σύγκριση με μικρότερα. Αυτό συνάδει με τη θεωρία αναζήτησης τροφής στο ότι το ψάρι είναι πρόθυμο να καταβάλει μεγαλύτερη προσπάθεια για την απόκτηση περισσότερης ενέργειας. Σε πολλά είδη, οι παύσεις χρησιμοποιούνται για τον προσανατολισμό του ζώου προς το θήραμα, δηλαδή, να σταματήσουν και αλλάξουν την κατεύθυνσή τους με βάση τις πληροφορίες που έχουν συλλέξει. Στη συνέχεια, για παράδειγμα, αν δεν υπάρχει αφθονία του θηράματος, σε ορισμένα είδη ψαριών ακολουθούν παύσεις σε λιγότερες καταδιώξεις. Επίσης σε μερικά ψάρια η διάρκεια του σταματήματος και της αναμονής γενικά μειώνεται όταν αναζητούν για μεγάλα εύκολα εντοπίσιμα θηράματα. Έτσι σε περιβάλλοντα με λίγα θηράματα, τα ψάρια ψάχνουν με επιμονή.

## 1.2 Η αναζήτηση τροφής ως πρόβλημα βελτιστοποίησης

Η θεωρία της αναζήτησης τροφής βασίζεται στην υπόθεση ότι τα ζώα αναζητούν και αποκομίζουν τα θρεπτικά συστατικά κατά τον τρόπο που μεγιστοποιεί την ενέργεια τους  $E$  ανά μονάδα χρόνου  $T$  που ξοδεύεται για την αναζήτηση τροφής:

$$\frac{E}{T}$$

(ή αλλιώς όπως λέμε μεγιστοποιούν την μακροπρόθεσμη μέση τιμή της ενεργειακής εισόδου). Η μεγιστοποίηση μιας τέτοιας συνάρτησης παρέχει θρεπτικές πηγές για επιβίωση και επιπρόσθετο χρόνο για άλλες σημαντικές δραστηριότητες, (π.χ. σύγκρουση, φυγή, ζευγάρωμα, αναπαραγωγή, ξεκούραση, ή κατασκευή καφυγίου). Η κατασκευή καταφυγίου και το ζευγάρωμα έχουν ομοιότητα με την αναζήτηση τροφής. Ξεκάθαρα, η αναζήτηση τροφής είναι πολύ διαφορετική για διάφορα είδη. Τα φυτοφάγα βρίσκουν εύκολα τροφή αλλά πρέπει να τρώνε πολύ. Τα σαρκοφάγα γενικά είναι δύσκολο να εντοπίσουν την τροφή αλλά δεν τρώνε πολύ, αν δεν είναι η τροφή τους υψηλής ενεργειακής απόδοσης (στάθμης). Το περιβάλλον ορίζει το πρότυπο των διαθέσιμων θρεπτικών στοιχείων (για παράδειγμα, δια μέσου ποιών άλλων οργανισμών είναι διαθέσιμα τα θρεπτικά συστατικά, γεωλογικοί περιορισμοί, όπως ποτάμια και βουνά, και καιρικά μοντέλα), και θέτει περιορισμούς στην εξασφάλιση τροφής (π.χ. μικρές ποσότητες τροφής μπορεί να είναι διασκορπισμένες σε μεγάλες αποστάσεις). Κατά τη διάρκεια της αναζήτησης τροφής μπορεί να υπάρχουν κίνδυνοι, λόγω των αρπακτικών, το θήραμα πρέπει να κινείται τόσο ώστε να μπορεί να θηρευτεί, και τα φυσιολογικά χαρακτηριστικά του θηρευτή περιορίζουν τις ικανότητες και την απόλυτη επιτυχία.

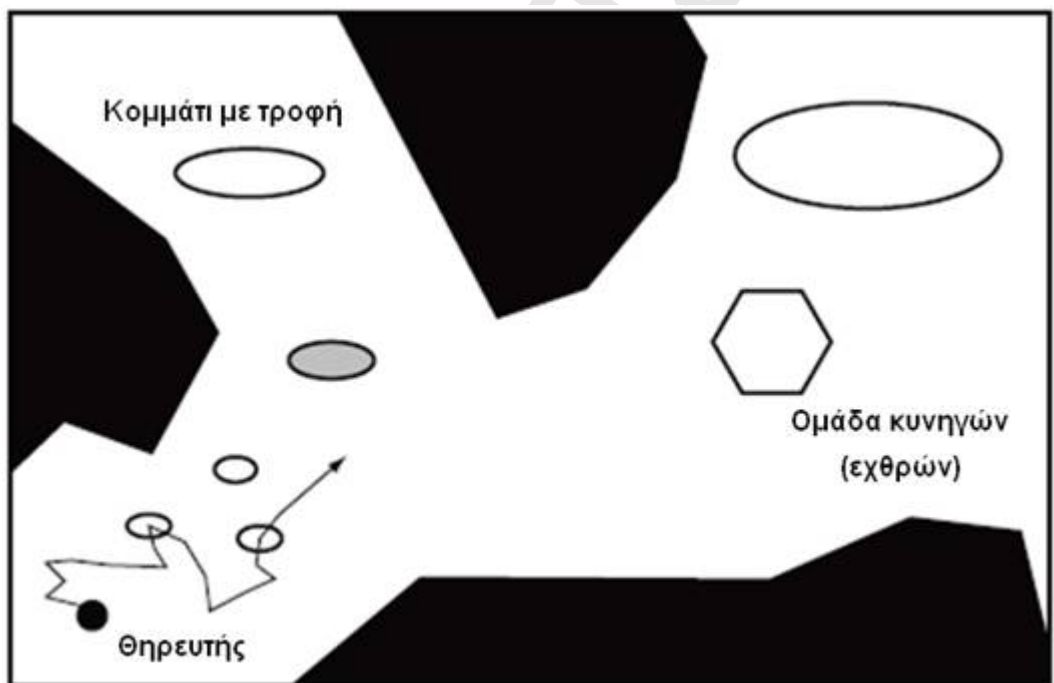
Για πολλά ζώα, τα θρεπτικά συστατικά διανέμονται σε τμήματα/κομμάτια (patches π.χ., μια λίμνη, ένα λιβάδι, ένας θάμνος με μούρα, μια ομάδα από δέντρα με φρούτα). Η συλλογή τροφής συνεπάγεται την εξεύρεση τέτοιων τμημάτων, αποφασίζοντας πότε να μπει σε ένα τέτοιο τμήμα και ν' αναζητήσει τροφή και πότε να συνεχίσει την αναζήτηση στο ίδιο ή να φύγει ελπίζοντας να βρει υψηλότερη ποσότητα και ποιότητα από θρεπτικά συστατικά από το τρέχον. Τα τμήματα γενικά συναντώνται διαδοχικά, και μερικές φορές χρειάζεται μεγάλο ρίσκο και προσπάθεια για να το ταξίδι από το ένα τμήμα στο άλλο [Εικόνα 3.].

Γενικά, αν ένα ζώο συναντά ένα φτωχό σε θρεπτικά συστατικά patch, αλλά με βάση την προηγούμενη εμπειρία αναμένει ότι θα πρέπει να υπάρχει ένα καλύτερο αλλού, τότε θα σταθμίσει τους κινδύνους και τις προσπάθειες και αν το βρει αποδεκτό θα επιδιώξει ένα ακόμα. Επίσης, αν ένα ζώο έχει μείνει σε ένα τμήμα για αρκετή ώρα, μπορεί ν' αρχίσει να καταστρέφει τους πόρους του, έτσι θα πρέπει να βρει την καλύτερη στιγμή για να το εγκαταλείψει και να βγει έξω για να προσπαθήσει να βρει ένα πλούσιο. Δεν θέλει να ξοδέψει πόρους που διατίθενται εύκολα, αλλά δεν θέλει επίσης να ξοδέψει χρόνο για την αντιμετώπιση της φθίνουσας ενεργειακής απόδοσης.

Η θεωρία της βελτιστοποίησης διατυπώνει το πρόβλημα της συλλογής τροφής σαν ένα πρόβλημα βελτιστοποίησης και δια μέσου υπολογιστικών ή αναλυτικών μεθόδων μπορεί να παράσχει μια βέλτιστη πολιτική που καθορίζει πως φτιάχνονται οι αποφάσεις αναζήτησης τροφής (παραδοσιακά έχουν χρησιμοποιηθεί υπολογισμοί δυναμικού προγραμματισμού<sup>2</sup>). Υπάρχουν ποσοτικοποιήσεις σχετικά με τι είδους αποφάσεις για συλλογή τροφής πρέπει να γίνουν, μετρήσεις τις ισοτιμίας (το

<sup>2</sup> Ο δυναμικός προγραμματισμός ( Dynamic programming) προτάθηκε από το μαθηματικό R. Bellman τη δεκαετία του 1950 είναι μία ανοδική τεχνική σχεδίασης: ξεκινάει με την επίλυση των μικρότερων και απλούστερων υποπεριπτώσεων, τις οποίες στη συνέχεια συνδυάζει στην επίλυση πιο σύνθετων υποπεριπτώσεων, μέχρι τελικά να φθάσει στη λύση του προβλήματος. Τέτοια τεχνική επίλυσης προβλημάτων, που αποτελούνται από αλληλεπικαλυπτόμενα υποπροβλήματα είναι η τεχνική «διαίρει και βασίλευε» που είναι μία καθοδική τεχνική σχεδίασης.[14].

αντίθετο του κόστους) και περιορισμοί σχετικά με τις παραμέτρους της βελτιστοποίησης. Για παράδειγμα, οι ερευνητές έχουν μελετήσει το πώς να μεγιστοποιήσουν τον μακροπρόθεσμο μέσο όρο του ποσοστού της ενεργειακής πρόσληψης, όπου επιτρέπονται μόνον ορισμένες αποφάσεις και περιορισμοί. Οι περιορισμοί που έχουν διαπιστωθεί είναι λόγω της ελλιπούς πληροφόρησης (π.χ., λόγω των περιορισμένων δυνατοτήτων ανίχνευσης) και κινδύνων (π.χ., λόγω των αρπακτικών όπως φαίνεται και στην εικόνα 3). Ουσιαστικά, αυτές οι προσεγγίσεις βελτιστοποίησης επιδιώκουν να κατασκευάσουν έναν βέλτιστο ελεγκτή (πολιτική) για λήψη αποφάσεων συλλογής τροφής. Μερικοί βιολόγοι έχουν αμφισβητήσει την εγκυρότητα μιας τέτοιας προσέγγισης, προβάλλοντας το επιχείρημα ότι κανένα ζώο δεν μπορεί να πάρει βέλτιστες αποφάσεις. Ωστόσο, η διατύπωση της βέλτιστης αναζήτησης τροφής είναι μόνο ένα μοντέλο που εξηγεί τι βέλτιστη συμπεριφορά θα ήθελε να είναι. Στην πραγματικότητα, ορισμένοι ερευνητές έχουν δείξει ότι η απόφαση της αναζήτησης τροφής χρησιμοποιείται πολύ αποτελεσματικά από τα ζώα για την προσέγγιση βελτιστοποιημένων πολιτικών, με δεδομένη τους φυσιολογικούς (και άλλους) περιορισμούς που επιβάλλονται στα ζώα [29].



Εικόνα 3. Αναπαράσταση του θηρευτή ανάμεσα σε τμήματα με τροφή (Patches) και εχθρούς

### 1.3 Νοημοσύνη σμήνους στην υπηρεσία της αναζήτησης τροφής

Είναι σαφές ότι οι στρατηγικές αναζήτησης τροφής και έρευνας που προαναφέρθηκαν ήταν για μεμονωμένα ζώα. Ωστόσο, ωστόσο, μπορεί να υπάρχουν πλεονεκτήματα στην ομαδική (ή κοινωνική) αναζήτηση τροφής. Μερικές μέθοδοι επικοινωνίας είναι απαραίτητες για αναζήτηση τροφής κατά ομάδες. Στους ανθρώπους, αυτό θα μπορούσε να περιλαμβάνει γλώσσες. Σε άλλα ζώα, θα μπορούσε να είναι κινήσεις ή θόρυβοι ή μηχανισμοί για τον εντοπισμό του μονοπατιού. Τα πλεονεκτήματα της αναζήτησης τροφής σε ομάδες περιλαμβάνουν :

- Περισσότερα ζώα που ψάχνουν για τα θρεπτικά συστατικά, έτσι ώστε η πιθανότητα της εξεύρεσης θρεπτικών ουσιών αυξάνεται. Όταν ένα ζώο διαπιστώσει ορισμένα θρεπτικά συστατικά, μπορεί να πει τα άλλα στην

ομάδα, που βρίσκονται τα θρεπτικά συστατικά. Μπαίνοντας σε μια ομάδα παρέχει πρόσβαση σε ένα κέντρο πληροφοριών για να βοηθήσει στην επιβίωση.

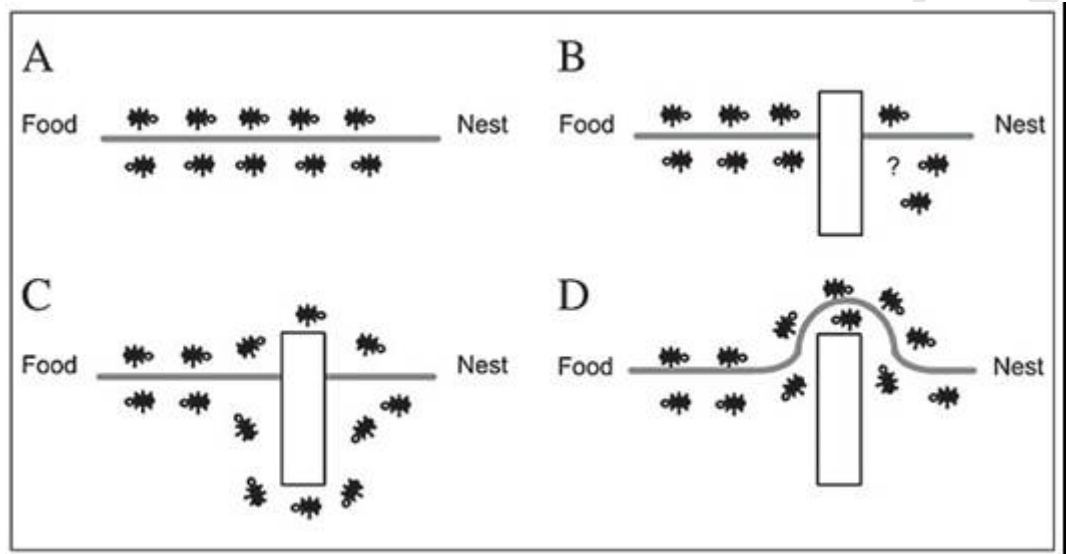
- Αυξημένη ικανότητα αντιμετώπισης μεγαλύτερου θηράματος. Η ομάδα μπορεί να είναι σαν «συμμορία» για μεγαλύτερα θηράματα που τα σκοτώνουν και τα καταπίνουν.
- Προστασία από τα αρπακτικά ζώα μπορεί να παρέχεται από τα μέλη της ομάδας (για παράδειγμα σε μερικά είδη τα μέλη στο κέντρο της ομάδας προστατεύονται από τα άλλα στις άκρες).

Μερικές φορές είναι χρήσιμο να θεωρήσουμε ένα σμήνος (ή ομάδα) ζώων ως έναν μεμονωμένο ζωντανό πλάσμα, όπου μέσω της ομαδοποίησης και επικοινωνίας η «συλλογική νοημοσύνη» ή «νοημοσύνη σμήνους» (“**Swarm intelligence**”) οδηγεί σε καλύτερα αποτελέσματα, σε ποιο επιτυχή αναζήτηση τροφής για καθένα ξεχωριστό μέσο στην ομάδα (και τα κέρδη μπορούν να αντισταθμίσουν συνέπειες του ανταγωνισμού για τροφή μέσα στην ομάδα-με το να εργάζονται μπορεί να υπάρξει περισσότερη τροφή από το να μην υπήρχε καθόλου συνεργασία). Αν θέλαμε να δώσουμε έναν ορισμό για τη Νοημοσύνη Σμήνους (SWARM Intelligence - SI) θα την ορίζαμε ότι είναι η ιδιότητα ενός συστήματος σύμφωνα με την οποία οι συλλογικές συμπεριφορές από απλές οντότητες αλληλεπιδρούν τοπικά με το περιβάλλον τους εξαιτίας συνεκτικών συναρτησιακών ολικών προτύπων [25].

Για την αναζήτηση τροφής ομαδικά, μπορείτε να σκεφτείτε για το πώς μια αγέλη λύκων κυνηγά ή ένα σμήνος πουλιών, σμήνος μελισσών, αποικία μυρμηγκιών, ή ο τρόπος που συμπεριφέρονται τα ψάρια. Συνδέσεις ανάμεσα σε βελτιστοποίηση, μηχανολογικές εφαρμογές και συμπεριφορά αναζήτησης τροφής στις αποικίες μυρμηγκιών έχουν μελετηθεί. Στο [2] εξηγείται πως οι αποικίες των μυρμηγκιών μπορούν να λύσουν προβλήματα της «συντομότερης διαδρομής», όπως προβλήματα του περιπλανώμενου πωλητή (όλα προβλήματα συνδυαστικής βελτιστοποίησης), μεταξύ άλλων εφαρμογών μηχανικής (οι σχετικοί αλγόριθμοι υπολογιστών ονομάζονται για παράδειγμα αλγόριθμοι βελτιστοποίησης αποικίας μυρμηγκιών - Ant Colony Optimization ACO). Αυτά τα μυρμηγκία χρησιμοποιούν «έμμεσες» επικοινωνίες ονομαζόμενες «**stigmergy**» (στιγματική συμπεριφορά<sup>3</sup>) όπου ένα μυρμηγκί μπορεί να τροποποιήσει το περιβάλλον του και αργότερα ένα άλλο μπορεί να αλλάξει τη συμπεριφορά εξαιτίας αυτής της τροποποίησης [26]. Για παράδειγμα, εάν ένα μυρμηγκί βγει για αναζήτηση τροφής, μπορεί να ψάξει μακριά και πλατιά σε ένα σχετικά τυχαίο πρότυπο. Όταν όμως βρει μια πηγή τροφής, επιστρέφει πίσω στη φωλιά αφήνοντας ένα ίχνος «φερομόνης» (η οποία μπορεί να μείνει στο χώρο για μερικούς μήνες Εικόνα 4). Έπειτα όταν άλλα μυρμηγκία βγαίνουν έξω για αναζήτηση τροφής, τείνουν να ακολουθούν τα ίχνη φερομόνης και να βρίσκουν τροφή πιο εύκολα. Μπορούμε να θεωρήσουμε το πρώτο μυρμηγκί ως έχων προσλάβει επιπρόσθετους κυνηγούς και τα ίχνη ως ένα είδος μνήμης για ολόκληρη την αποικία μυρμηγκιών (δηλαδή, με τη χρήση των επικοινωνιών και εργάζονται μαζί, έχουν κερδίσει την σημαντικές φυσιολογικές ικανότητα της μάθησης). Επικοινωνίες, μνήμη και τα αποτελέσματα της μάθησης είναι πιο αποτελεσματικά για την αναζήτηση τροφής απ’ την ομάδα. Άλλα κοινωνικά έντομα χρησιμοποιούν άλλες μεθόδους επικοινωνίας. Για παράδειγμα, τα στοιχεία δείχνουν ότι μετά την επιτυχή αναζήτηση τροφής, μια μέλισσα θα έρθει πίσω στην κυψέλη και θα επικοινωνήσει για την ποιότητα και τη θέση της πηγής τροφίμων μέσω διαφορετικών τύπων «χορών».

<sup>3</sup> Στιγματική συμπεριφορά (stigmergy). Ο όρος αυτός χρησιμοποιείται στη βιολογία για να περιγράψει τον τρόπο επίδρασης αλλαγών στο περιβάλλον που προέκυψαν από μια παρελθοντική συμπεριφορά κάποιων κοινωνικών εντόμων στην συμπεριφορά ατόμων της ίδιας ομάδας. Στα μυρμηγκία για παράδειγμα, υπάρχουν φερομόνες που επιτρέπουν τον εντοπισμό ενός χώρου με τροφή, αλλά και για να ειδοποιήσουν τα υπόλοιπα μέλη για αποφυγή πιθανού κινδύνου.





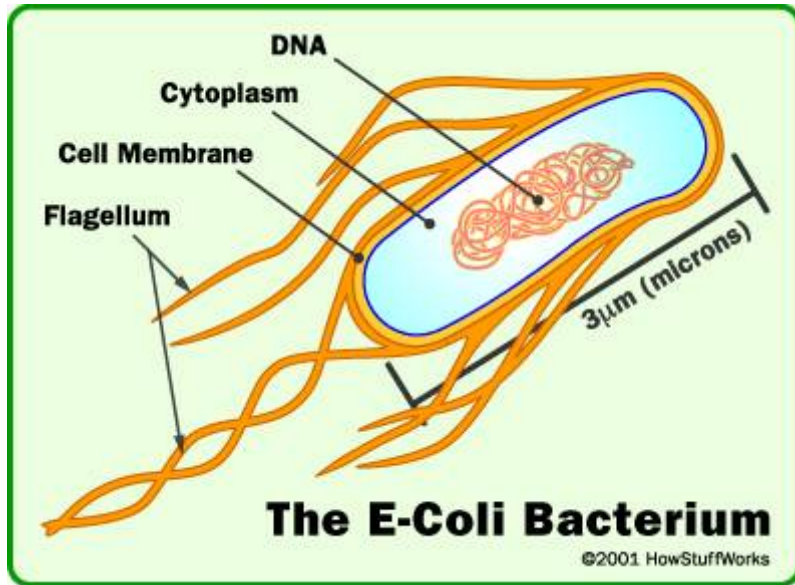
**Εικόνα 4 Α.** Τα μυρμήγκια αφήνουν ίχνη φερομόνης, έτσι όταν παρεμβάλλεται ένα εμπόδιο (B) τότε τα μυρμήγκια από τα 2 μονοπάτια φερομόνης (C) επιλέγουν το συντομότερο (D).

Κατώτερες μορφές ζωής μπορούν να επιτύχουν υψηλότερες μορφές αναζήτησης τροφής με νοημοσύνη από τη συνεργασία σε ομάδες (π.χ., τα μυρμήγκια "μαθαίνουν" που βρίσκονται τα τρόφιμα). Μεμονωμένες μονάδες από ανώτερες μορφές ζωής, ωστόσο, είναι από τη φύση τους προικισμένες με περισσότερες γνωστικές ικανότητες και ως εκ τούτου ικανότητες αναζήτησης τροφής. Για παράδειγμα, σε μερικά είδη ένας μεμονωμένος κυνηγός μπορεί να προσέξει σε καίρια σημεία του περιβάλλοντος. Μπορεί να είναι σε θέση να μαθαίνει για το περιβάλλον και τα χαρακτηριστικά του θηράματος του (π.χ. με την ανάπτυξη και αποθήκευση αναγνωριστικών χαρτών). Μπορεί να είναι σε θέση να χρησιμοποιεί τις πληροφορίες που προσλαμβάνει για να σχεδιάζει τις δραστηριότητες αναζήτησης τροφής. Επιπλέον, μια ομάδα κυνηγών μπορεί να μάθει και να σχεδιάσει τις δραστηριότητες της, για να είναι δυνατή μια μεγαλύτερη επιτυχία. Πράγματι, φαίνεται ότι οι άνθρωποι συχνά δρουν ως ομάδα κυνηγών που μπορούν συλλογικά να μάθουν και να σχεδιάσουν. Φυσικά, ο άνθρωπος διαφέρει σημαντικά από πολλές μορφές ζωής, δεδομένου ότι, αντί να προσπαθεί απλά να αντιμετωπίσει ένα δεδομένο περιβάλλον αναζήτησης τροφής, θα επικεντρωθεί στο να τροποποιήσει το περιβάλλον μέσω της γεωργίας για τη βελτίωση της αναζήτησης τροφής ή την επίτευξη της επιτυχούς αναζήτησης τροφής.

Στην επόμενη ενότητα, θα εξετάσουμε την ατομική και ομαδική αναζήτηση τροφής για τα βακτήρια, τους οργανισμούς που είναι πολύ πιο απλοί από τα μυρμήγκια ή τους ανθρώπους αλλά εξακολουθούν να εργάζονται από κοινού προς όφελος του ομίλου. Μπορείτε να τα φανταστείτε ως αυτόνομα οχήματα ή ότι εκτελούν μια απλή αλλά αποτελεσματική διαδικασία βελτιστοποίησης κατά τη διάρκεια της αναζήτησης τροφής, που μπορεί να είναι χρήσιμη στην επίλυση προβλημάτων ελέγχου. Ή μπορεί απλά να προσφέρουν ενδιαφέρον για το επιστημονικό υπόβαθρο ελέγχου (π.χ., ποιος τύπος αλγόριθμος ελέγχου λειτουργεί για να εφαρμοστεί η στρατηγική αναζήτησης τροφής). Μετά την εξήγηση για την αναζήτηση τροφής από τα βακτήρια, θα τη μοντελοποιήσουμε δια μέσου προσομοίωσης σε υπολογιστή και μετά εν συντομία θα συζητηθεί ο συνδυασμός του προσαρμοστικού ελέγχου και του συνεργατικού ελέγχου σε εφαρμογές όπως τα αυτόνομα οχήματα.

## 2. ΑΝΑΖΗΤΗΣΗ ΤΡΟΦΗΣ ΑΠΟ ΤΟ ΒΑΚΤΗΡΙΟ *Escherichia Coli*

### 2.1 Βιολογία του βακτηρίου



Εικόνα 5 Ανατομία του βακτηρίου *Escherichia coli*

Τα βακτηρίδια *Escherichia coli* (E-coli) αποτελούν μια ομάδα ραβδόμορφων κατά Gram-αρνητικών βακτηριδίων με πολλές υποομάδες. Οι περισσότερες από αυτές “κατοικούν” στο στομάχι των θερμόαιμων ζώων, κυρίως πτηνών, θηλαστικών αλλά και των ανθρώπων. Η ομάδα αυτή των βακτηριδίων πήρε το όνομά της από τον γερμανο-αυστριακό παιδίατρο και καθηγητή του πανεπιστημίου του Μονάχου Theodor Escherich (1857-1911) ο οποίος και τα ανακάλυψε. Προκαλεί το 80% περίπου των οξέων λοιμώξεων σε ασθενείς χωρίς καθετήρες, ουρολογικές ανωμαλίες και λίθους. Η απλή κυστίτιδα από το κολοβακτηρίδιο *Escherichia coli* είναι συνήθης λοίμωξη του ουροποιητικού σε γυναίκες αναπαραγωγικής ηλικίας.

Τα περισσότερα είδη του *Escherichia coli* είναι αβλαβή, ακόμα και επωφελή για τον οργανισμό του ξενιστή. Ορισμένα είδη E.coli μπορούν να μεταλλαχθούν στον οργανισμό και να γίνουν βλαπτικά. Στους υγιείς οργανισμούς αυτές οι μεταλλάξεις προξενούν διάρροια και θεραπεύονται, συνήθως, από τον ίδιο τον οργανισμό, χωρίς την πρόσθετη χρήση φαρμάκων.

Σε φυσιολογικές συνθήκες το E.coli μετοικεί στο πεπτικό σύστημα ενός νεογνού εντός 40-45 ημερών από τη γέννησή του, μέσω του νερού που πίνει, της τροφής που λαμβάνει, ή μέσω του προσώπου που το φροντίζει. Αυτή είναι μία απόλυτα φυσιολογική διαδικασία αφού το E.coli είναι ένα ωφέλιμο για τον οργανισμό μας, εκτός και αν μεταλλαχθεί σε έναν από τους επιβλαβείς τύπους της.

Υπάρχουν όντως κάποιοι τύποι τους που μπορούν να προκαλέσουν σοβαρές τροφικές δηλητηριάσεις στους ανθρώπους, ακόμη και θάνατο, καθώς παράγουν επικίνδυνες τοξίνες. Ο τύπος μάλιστα O157:H7, που μπορεί να προκαλέσει το λεγόμενο αιμολυτικό ουραιμικό σύνδρομο, γνωστό και ως HUS και μπορεί να οδηγήσει ακόμη και στο θάνατο, είχε σχετικά πρόσφατα ανιχνευθεί σε μεγάλες καλλιεργήσιμες εκτάσεις σπανακιού στις ΗΠΑ. Το μη μαγειρεμένο ή ακατέργαστο χάμπουργκερ (βόειο κρέας) έχει εμπλακεί σε πολλά από αυτά τα περιστατικά. Υπεύθυνα επίσης για το E. coli O 157: H 7 έχουν θεωρηθεί οι νεαροί βλαστοί ήμερου τριφυλλιού, οι μη-παστεριωμένοι χυμοί



φρούτων, το αποξηραμένο σαλάμι, το μαρούλι, και το ακατέργαστο γάλα που ήταν ο φορέας σε κρούσμα σε σχολείο του Καναδά.

Τα εντεροβακτήρια (συμπεριλαμβανομένου του *E. coli*) είναι θερμοευαίσθητα και θανατώνονται με παρατεταμένη θέρμανση (πάνω από 70 ° C). Ακατέργαστα ή μη μαγειρεμένα τρόφιμα και διασταυρούμενη μόλυνση, όταν το μαγειρεμένο υλικό έρχεται σε επαφή με τα ακατέργαστα ή τα μολυσμένα υλικά (σανίδες κοπής), είναι οι κύριες αιτίες μόλυνσης. Το κατάλληλο μαγείρεμα και ο υγιεινός χειρισμός τροφίμων μπορούν να προλάβουν τις εντεροβακτηριακές μολύνσεις σε μεγάλο βαθμό.

Όλοι οι άνθρωποι θεωρούνται ευαίσθητοι στην αιμορραγική κολίτιδα, αλλά τα μικρά παιδιά και οι ηλικιωμένοι εμφανίζουν συχνότερα τα σοβαρά συμπτώματα [31].

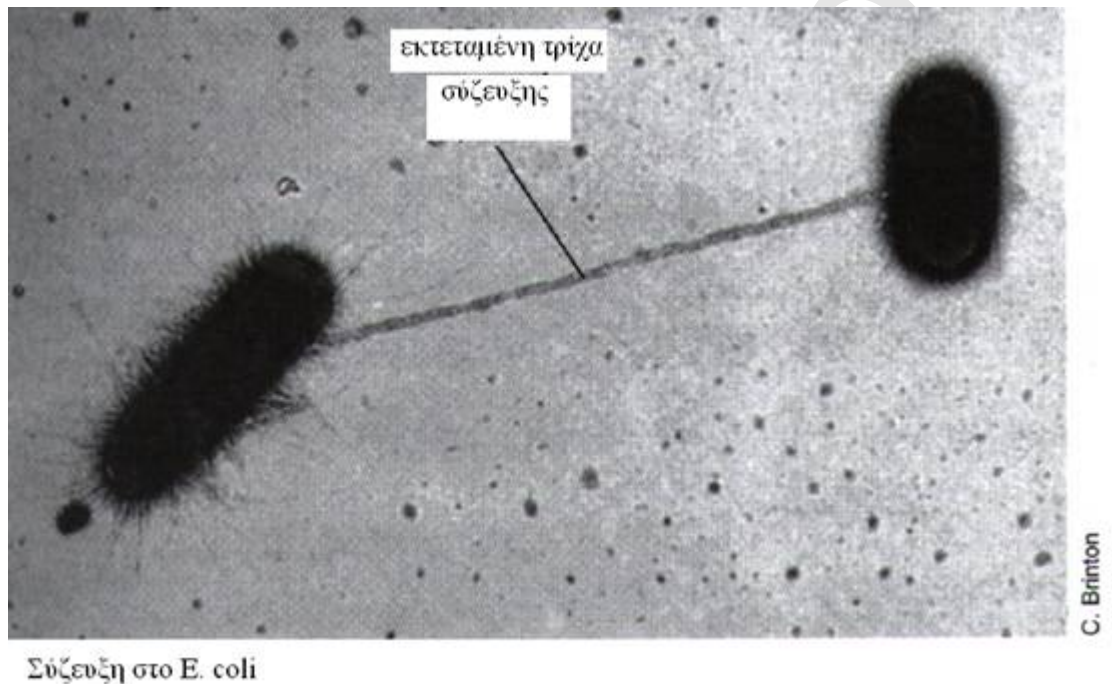
Τα αβλαβή είδη του *Escherichia coli* αποτελούν μέρος της φυσιολογικής χλωρίδας του εντέρου όπου παράγουν την βιταμίνη K2, η οποία αποτρέπει την ανάπτυξη παθογόνων βακτηρίων μέσα στο έντερο. Το βακτήριο *E. coli* αποτελεί ίσως την καλύτερη κατανόηση μικροοργανισμού. Λόγω της μακράς ιστορίας του και της ευκολίας εργαστηριακών χειρισμών, το *E. coli* διαδραματίζει επίσης σημαντικό ρόλο στη σύγχρονη βιολογική μηχανική και στη βιομηχανική μικροβιολογία καθώς επιτρέπει την μαζική παραγωγή των πρωτεϊνών σε βιομηχανικές διεργασίες ζύμωσης. Μια από τις πρώτες χρήσιμες εφαρμογές της τεχνολογίας του ανασυνδυασμένου DNA ήταν ο χειρισμός του *E. coli* να παράγει ανθρώπινη ινσουλίνη.

Το βακτήριο *E. coli* έχει μια κυτταρική μεμβράνη, το κυτταρικό τοίχωμα και μια κάψουλα που περιέχει το κυτόπλασμα και τον πυρήνα. Ένα στρώμα πεπτιδογλυκάνης (πολυμερές από σάκχαρα και αμινοξέα) με πάχος 7 έως 8 νανόμετρα, εξυπηρετεί τον δομικό ρόλο του βακτηριακού κυτταρικού τοιχώματος, δίνοντας αντοχή και αντιμετώπιση της οσμωτικής πίεσης του κυτταροπλάσματος. Οι τρίχες χρησιμοποιούνται για ένα τύπο μεταφοράς γονιδίων σε άλλα βακτήρια *E. coli*, και μαστίγια που χρησιμοποιούνται για τη μετακίνηση. Το κύτταρο είναι διαμέτρου 0,5-1μm ( $10^{-6}$  m) και 2-3 μm σε μήκος. Ζυγίζει περίπου ένα picogram ( $10^{-12}$  g) και είναι περίπου κατά 70% νερό. (Έχει ομοιότητα με το βακτήριο *Salmonella typhimurium*).



**Εικόνα 6 Το *Escherichia coli* όπως φαίνεται με από το ηλεκτρονικό μικροσκόπιο**

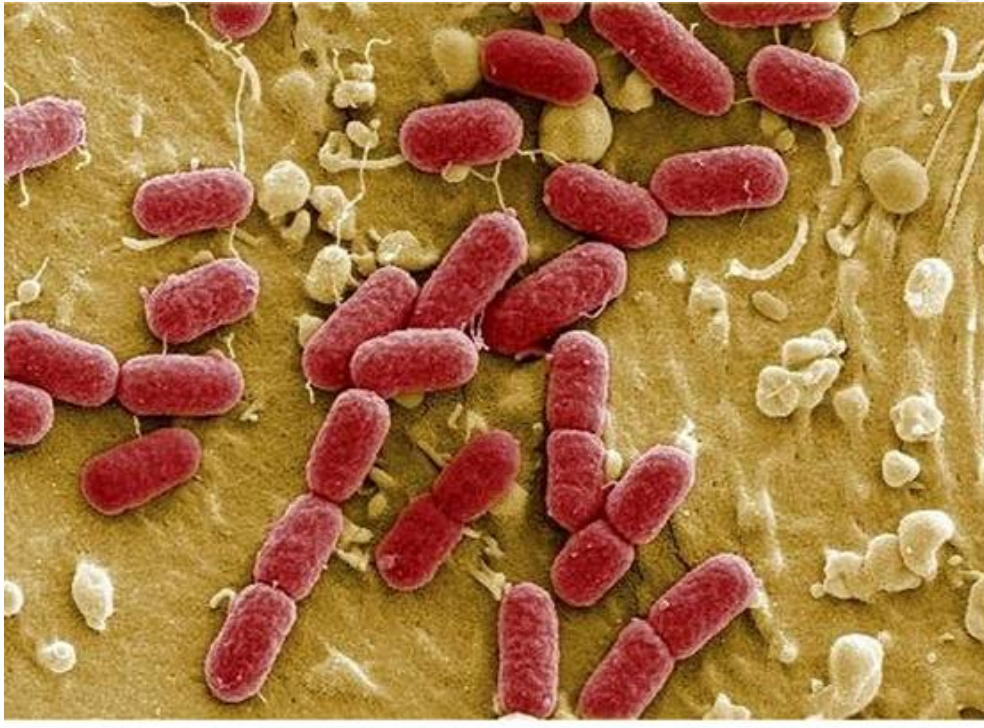
Ολόκληρο το γονιδίωμά του έχει διαβαστεί· περιέχει 4.639.221 από τα **A, C., G, T** γράμματα – **Αδενοσίνη, Κυτοσίνη, Γουανίνη και Θυμίνη**- τοποθετημένα σε ένα σύνολο από 4.288 γονίδια. Μεταλλάξεις στο *E. coli* συμβαίνουν σε ποσοστό  $10^{-7}$  ανά γονίδιο, ανά γενιά, και μπορεί να επηρεάσουν φυσιολογικές πτυχές του (π.χ., η αναπαραγωγική απόδοση σε διαφορετικές θερμοκρασίες). Τα *E. coli* βακτήρια ασχολούνται περιστασιακά με ένα είδος "σεξ" που ονομάζεται «σύζευξη», όπου οι μικρές γονιδιακές αλληλουχίες μονοκατευθυνόμενες μεταφέρονται από ένα βακτήριο στο άλλο μέσω μιας εκτεταμένης τρίχας (Εικόνα 7).



Εικόνα 7

Όταν το *E. coli* μεγαλώνει, γίνεται μακρύτερο και διαιρείται στο μέσο σε δύο θυγατρικά. Με δεδομένη αρκετή τροφή και θερμοκρασία στο ανθρώπινο έντερο (ένα μέρος όπου ζει όπως είπαμε) στους  $37^{\circ}\text{C}$ , μπορεί να συνθέσει και να αντιγράψει οτιδήποτε χρειάζεται προκειμένου να κάνει ένα αντίγραφο του εαυτού του σε περίπου 20 min· ως εκ τούτου η αύξηση του πληθυσμού των βακτηρίων είναι εκθετική και σε σύντομο χρονικό διάστημα διπλασιάζεται. Ορισμένα στελέχη του εργαστηρίου μπορεί να πολλαπλασιαστούν σε θερμοκρασίες μέχρι  $49^{\circ}\text{C}$  ( $120.2^{\circ}\text{F}$ ). Είναι δυνατόν σε 24 ώρες (αν υπάρχει επαρκής τροφή) από ένα κύτταρο να προκύψουν  $2^{72} = 4,7 \cdot 10^{21}$  κύτταρα, τα οποία θα ήταν αρκετά να αποτελέσουν έναν κύβο με ακμή 17 m, δηλαδή με τέτοιους ρυθμούς αναπαραγωγής και επαρκή τροφή θα μπορούσαν να καλύψουν όλη την επιφάνεια της γης σε ένα στρώμα βάθους αρκετών εκατοστών!

Το *E. coli* έχει ένα σύστημα ελέγχου (σύστημα καθοδήγησης) που μπορεί να ψάξει για τροφή και να προσπαθήσει να αποφύγει επιβλαβείς ουσίες. Για παράδειγμα, κολυμπά μακριά από αλκαλικά και όξινα περιβάλλοντα και πάει προς πιο ουδέτερα. Για να εξηγήσουμε την συμπεριφορά του βακτηρίου *E. coli*, θα ασχοληθούμε με τον το μαστίγιο, τους «λαμβάνοντες αποφάσεις» αισθητήρες και την συμπεριφορά του (για παράδειγμα πως κινείται σε ποικίλα περιβάλλοντα). Θα διαπιστώσουμε πως το βακτήριο *E. Coli* εκτελεί τελικά «**πηδητική**» αναζήτηση τροφής.



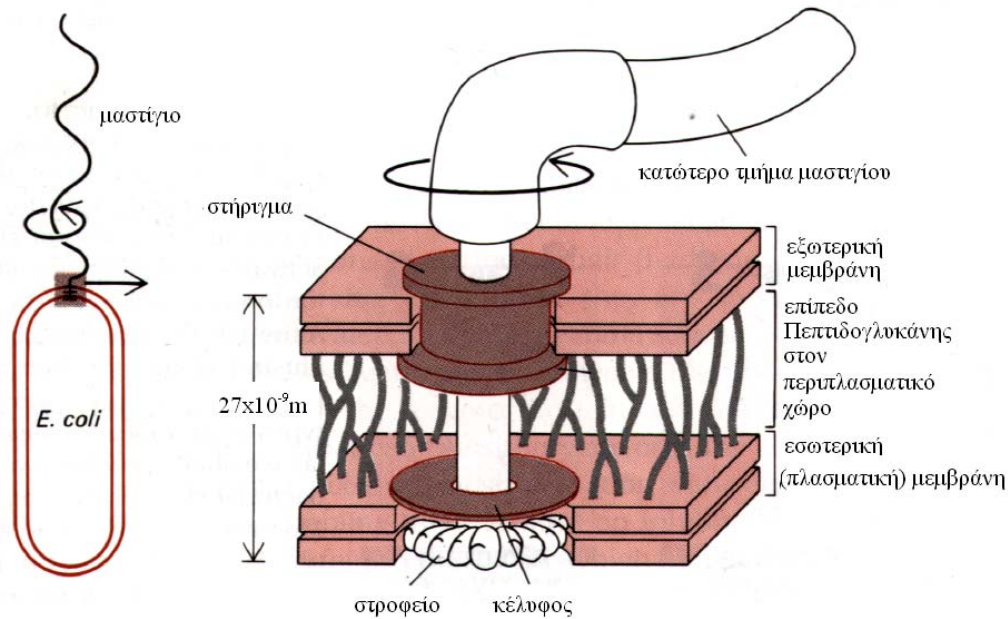
Τέλος, μία εξαιρετική νέα και ελπιδοφόρα λύση στο πρόβλημα της αποθήκευσης ψηφιακών δεδομένων φαίνεται να βασίζεται στο βακτήριο *E.coli*. Συγκεκριμένα, εδώ και ένα χρόνο, μια ομάδα ερευνητών από το Πανεπιστήμιο του Hong Kong στην Κίνα έχουν επινοήσει έναν τρόπο για την αποθήκευση δεδομένων σε ζωντανά βακτήρια. Οι ερευνητές διαπίστωσαν ότι ένα γραμμάριο από τα βακτήρια *E. coli* μπορεί να αποθηκεύσει έως και 900.000 gigabytes ή 900 terabytes δεδομένων, δηλαδή 450 φορές περισσότερα από ό,τι σ' ένα σκληρό δίσκο σήμερα των 2TB.<sup>4</sup>

## 2.2 Κινητήριος μηχανισμός μέσω μαστιγίων

Η μετακίνηση επιτυγχάνεται μέσω από μια σειρά σχετικά άκαμπτων μαστιγίων τα οποία καθιστούν ικανό το βακτήριο να κολυμπήσει με τη βοήθεια καθενός από αυτά περιστρεφόμενα προς την ίδια κατεύθυνση με περίπου 100-200 στροφές ανά δευτερόλεπτο (τα μαστίγια παρέχουν την κίνηση). Κάθε μαστίγιο είναι ένας αριστερόστροφος έλικας ρυθμισμένος ώστε η βάση του έλικα που συνδέεται στο κύτταρο περιστρέφεται αριστερόστροφα, κοιτάζοντας από το ελεύθερο άκρο του μαστιγίου προς το κελί, αυτό παράγει μια δύναμη προς το βακτήριο και ωθεί το κύτταρο. Μπορούμε να θεωρήσουμε κάθε μαστίγιο ως ένα είδος έλικα. Εάν ένα μαστίγιο περιστρέφεται κατά τη φορά των δεικτών του ρολογιού (δεξιόστροφα), θα τραβήξει το κελί. Από μηχανικής πλευράς, ο περιστρεφόμενος άξονας στη βάση του μαστιγίου είναι ένα πολύ ενδιαφέρον σημείο καθώς φαίνεται να είναι ένα σημείο σύνδεσης (ώστε το άκαμπτο μαστίγιο μπορεί να δείχνει σε διαφορετικές κατευθύνσεις σε σχέση με το κύτταρο). Επιπλέον, ο μηχανισμός που παράγει περιστροφικές δυνάμεις ώστε να περιστρέψει το κύτταρο προς κάθε κατεύθυνση περιγράφεται από τους βιολόγους σαν ένας βιολογικός κινητήρας (μια σχετικά σπάνια περίπτωση στη βιολογία, παρότι μερικά είδη βακτηρίων το χρησιμοποιούν) [7]. Ο κινητήρας είναι αρκετά αποτελεσματικό στο να κάνει μια πλήρη περιστροφή, χρησιμοποιώντας λιγότερο από το 1% της ενέργειάς του για μετακίνηση.

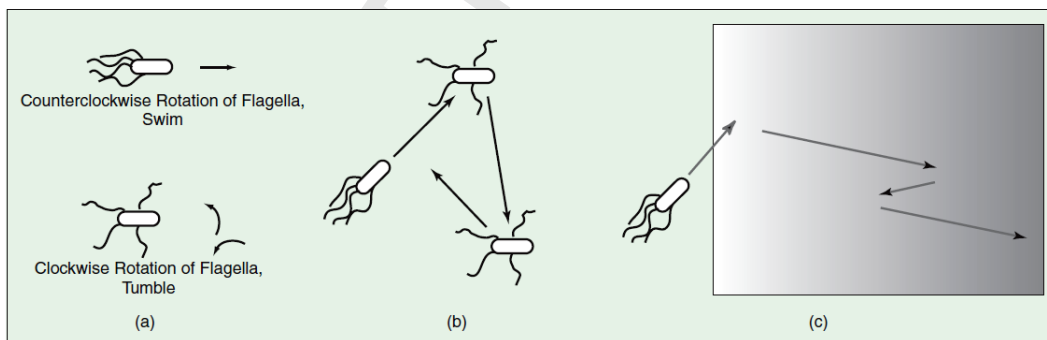
<sup>4</sup> Bacterial based storage and encryption device, The Chinese University of Hong Kong, [http://2010.igem.org/Team:Hong\\_Kong-CUHK](http://2010.igem.org/Team:Hong_Kong-CUHK)





**Εικόνα 8 Σχηματική αναπαράσταση του μηχανισμού περιστροφής του μαστιγίου στο E.coli**

Ένα βακτήριο E. coli μπορεί να κινηθεί με δυο διαφορετικούς τρόπους: μπορεί να τρέξει ( κολυμπήσει για μια χρονική περίοδο) ή να κάνει τούμπες (περιστροφές), και εναλλάσσεται ανάμεσα σε αυτές τις 2 καταστάσεις σε όλη τη διάρκεια της ζωής του (δηλαδή είναι σπάνιο να σταματήσει να περιστρέφονται τα μαστίγια). Πρώτα θα εξηγήσουμε καθέναν από τους δύο τρόπους λειτουργίας. Ακολούθως θα εξηγήσουμε πως αποφασίζει πόσο χρόνο θα κολυμπούν πριν περιστραφούν.

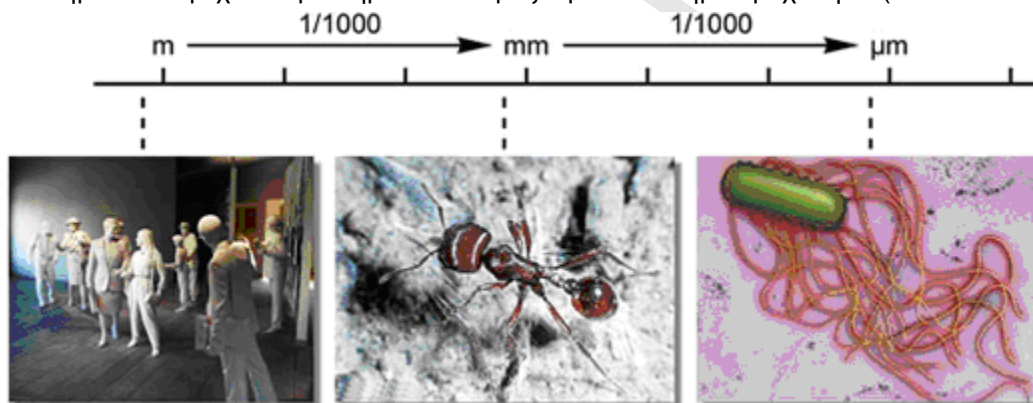


**Εικόνα 9 Πλεύση, περιστροφή και χημειοτακτική συμπεριφορά του E.coli [23]**

Αν το μαστίγιο περιστραφεί δεξιόστροφα, κάθε μαστίγιο θα σύρει το κύτταρο, και το καθαρό αποτέλεσμα είναι ότι το κάθε μαστίγιο κινείται σχετικά ανεξάρτητα από τα άλλα μαστίγια και έτσι το βακτήριο κάνει περιστροφές (το βακτήριο δεν έχει μια συνολική κατεύθυνση και υπάρχει μια μικρή μετατόπιση), όπως φαίνεται και στην εικόνα (9). Το μικρό μέγεθος προξενεί όμως μεγάλα προβλήματα. Η μικρή μάζα των βακτηριακών κυττάρων προσδίδει λίγη ορμή, καθώς κολυμπούν οπότε αν οι μαστίγιο- κινήτρες των E.

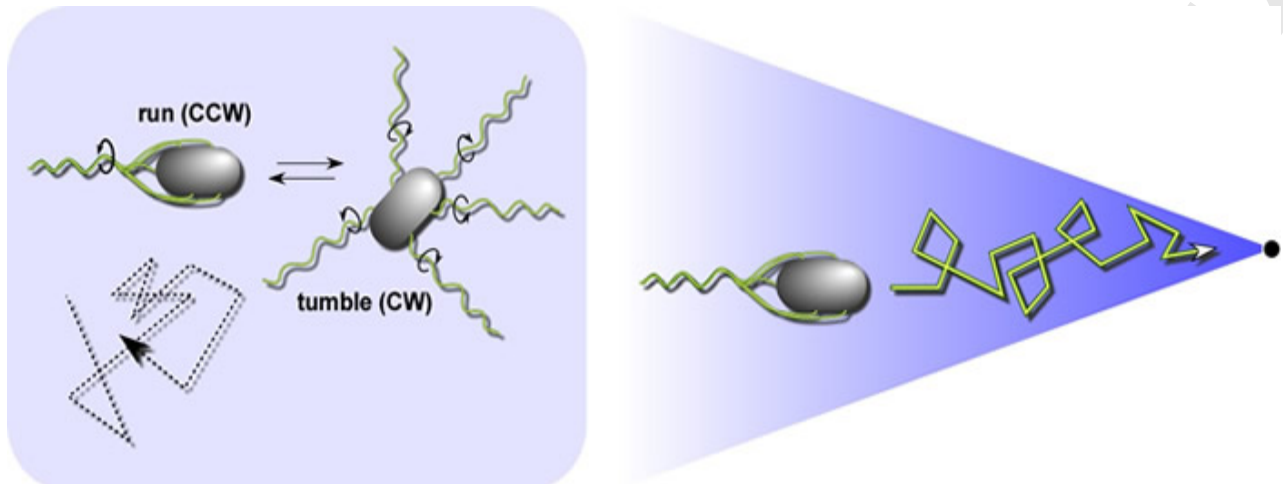
coli κυττάρων σταματήσουν να γυρνάνε, το ιξώδες του νερού θα σταματήσει το κύτταρο τελείως μετά από μια πορεία με κεκμημένη ταχύτητα σε ελάχιστη απόσταση (περίπου στη διάμετρο ενός πρωτονίου). Κατά την κίνηση (πλευση), οι συγκρούσεις με το νερό και τα μόρια διαλυμένης ουσίας χτυπούν επίσης πάνω στα κύτταρα. Για να περιστραφεί μετά από τρέξιμο, το κύτταρο επιβραδύνει ή σταματάει πρώτα. Καλούμε το διάστημα κατά τη διάρκεια που γίνεται η περιστροφή, «διάστημα πτώσης». Υπό καθορισμένες πειραματικές συνθήκες το κύτταρο μετά την περιστροφή θα κινηθεί προς τυχαία κατεύθυνση, αλλά γενικά υπάρχει μια τάση να κινηθεί προς την κατεύθυνση που κινείτο και πριν.

Αν τα μαστίγια κινηθούν αριστερόστροφα, τα αποτελέσματά τους συσσωρεύονται δημιουργώντας ένα πακέτο (η δέσμη αυτή γίνεται λόγω τριβών του μέσου) και ως εκ τούτου ουσιαστικά κάνουν έναν σύνθετο έλικα και σπρώχνουν το βακτήριο ώστε να τρέχει (κολυμπά) προς μια κατεύθυνση (Εικόνα 11). Σε ισότροπο μέσο τα βακτήρια καλυμπούν με ταχύτητα περίπου 10-20  $\mu\text{m/s}$ , περίπου μέχρι 10 φορές το μήκος του σώματός τους ανά δευτερόλεπτο (αν υποθεθεί ότι η γρηγορότερη ταχύτητα για ένα *E. coli* που έχει τυπικό μήκος 2  $\mu\text{m}$ ), αλλά σε ένα πιο πλούσιο μέσο μπορούν να κολυμπήσουν και περισσότερο γρήγορα. Αυτός είναι ένας γρήγορος ρυθμός για να ταξιδέψει ένας ζωντανός οργανισμός, αν φανταστούμε πόσο γρήγορα θα μπορούσαμε να μετακινηθούμε σε στο νερό, αν ανά δευτερόλεπτο κολυπούσαμε 10 φορές το μήκος του σώματός μας, θα κερδίζαμε σίγουρα χρυσό μετάλλιο σε Ολυμπιακούς αγώνες! Αυτό το διάστημα που τρέχει το βακτήριο το ονομάζουμε «διάστημα τροχάδην» («run interval»)



**Εικόνα 10 Το μήκος του *E.coli* σε σχετική κλίμακα με το μυρμήγκι και τον άνθρωπο**

στο πρωτότυπο). Υπό συγκεκριμένες πειραματικές συνθήκες (ένα ομοιογενές μείγμα όπως αναφέρθηκε παραπάνω) για ένα κύτταρο η μέση ταχύτητα της διαδρομής είναι  $14,2 \pm 3,4 \mu\text{m/s}$ . Το τρέξιμο δεν είναι τέλεια ευθεία με δεδομένο ότι το κύτταρο υπόκειται σε κίνηση **Brown**, προκαλείται μια απόκλιση  $30^\circ$  μετά από 1 sec και πάνω από  $90^\circ$  μετά από 10 sec (ουσιαστικά αποκλίνουν πλήρως από την αρχική διεύθυνση από την οποία κινούνταν τα βακτήρια), συν του ότι πρέπει να προσθέσουμε ότι σε πολλές περιπτώσεις και σε πολλά μέσα τα μαστίγια μπορούν να προκαλέσουν άλλες κινήσεις (όπως περιστροφή των βακτηρίων γύρω από έναν άξονα).



**Εικόνα 11 Αριστερά:** Κίνηση σε ισότροπα περιβάλλοντα. Όταν το μοτέρ του κυττάρου περιστρέφεται αριστερόστροφα (counterclockwise CCW), τα μαστίγια αποτελούν μια δέσμη που ωθεί τα κύτταρα προς τα εμπρός (run). Όταν ένα ή περισσότερα από τα μαστίγια-κινητήρες αντιστρέφει την δεξιόστροφη περιστροφή (clockwise CW), το νήμα υποβάλλεται σε μια αλλαγή σχήματος (λόγω της αναστροφής της ροπής) που διαταράσσει τη δέσμη. Μέχρι να κινηθούν όλοι οι κινητήρες για άλλη μια φορά με τη σειρά τους προς την κατεύθυνση CCW, οι ίνες δρουν ανεξάρτητα για να ωθήσουν και να τραβήξουν το κύτταρο σε μια χαοτική κίνηση πέφτοντας. Τα επεισόδια πτώσης επιτρέπουν στον πυρήνα να δοκιμάσει νέα, τυχαία-καθοριζόμενη κατεύθυνση πλεύσης. **Δεξιά:** Κίνηση προς ένα χημειοτροπικό ερέθισμα. Οι πληροφορίες από τους αισθητήρες καταστέλλουν την περιστροφή κάθε φορά που το κύτταρο συμβαίνει να εντοπίζει μια ευνοϊκή κατεύθυνση. Τα κύτταρα δεν μπορούν να κατευθυνθούν άμεσα σε ανοδική ευθεία κίνηση, επειδή εμποδίζονται από την κίνηση Brown.

### 2.3 Διασχίζοντας τα θρεπτικά συστατικά

Τα πρότυπα κίνησης που αποκαλούνται «**τακτισμός**» με τα οποία τα βακτήρια θα δημιουργήσουν με την παρουσία χημικών έλξης και απώθησης, μιλάμε για **χημειοτακτισμό (ή χημειοταξία)**. Στη Χημειοταξία, η μετακίνηση προς ή μακριά από χημικές ουσίες, είναι ένα γενικό χαρακτηριστικό της κινητικότητας των κυττάρων και οργανισμών. Τα κύτταρα *E. coli* κολυμπούν προς τα αμινοξέα (σερίνη και ασπαρτικό οξύ), σάκχαρα (μαλτόζη, ριβόζη, γαλακτόζη, γλυκόζη), και αποδέκτες ηλεκτρονίων (οξυγόνο, νιτρικά άλατα). Επίσης κολυμπούν μακριά από δυνητικά επιβλαβείς χημικές ουσίες, όπως οι αλκοόλες και τα λιπαρά οξέα, από τα μεταλλικά ιόντα (Ni- Νικέλιο, Co-Κοβάλτιο, Fe-Σίδηρος, Mo - Μολυβδαίνιο), αλλαγές στο pH, αμινοξέα όπως λευκίνη και οργανικά οξέα όπως το οξικό άλας. Το σχήμα που ακολουθεί δείχνει δύο απλές μεθόδους για την αξιολόγηση της ανταπόκρισης προσέλκυσης από τον *E. coli*. Ο τριχοειδής σωλήνας προκαλεί διάχυση που δημιουργεί κλίσεις στο άγαρ. Για να παρακολουθήσει τις χημικές κλίσεις, το *E. coli* πρέπει να κάνει ορισμένες εργασίες κοινές σε όλες τις χημειοτακτικές συμπεριφορές: *ανίχνευση κλίσης, επεξεργασία σήματος, και τον έλεγχο κινητικού συστήματος*. Ο χημειοτακτικός μηχανισμός των *E. coli* παρουσιάζει ένα απλό μοντέλο για τη διερεύνηση των μοριακών μηχανισμών της χημειο-ευαισθησίας και σηματοδότησης. Ωστόσο, ο παράξενος φυσικός κόσμος στον οποίο *E. coli* παρουσιάζει μοναδικές δυσκολίες στην μετακίνηση και ζητεί την εξίσου μοναδικές συμπεριφορές επίλυσης. Γενικά ως μια ομάδα, προσπαθούν να βρουν τροφή και να αποφύγουν επιβλαβή φαινόμενα και όταν παρατηρηθούν στο μικροσκόπιο, έχουμε την αίσθηση ότι προκύπτει ένα είδος ευφυούς συμπεριφοράς, δεδομένου ότι φαίνεται να κινούνται ως ομάδα.

Για να εξηγήσουμε πως δημιουργούνται οι χημειοτακτικές κινήσεις, θα πρέπει απλώς να εξηγήσουμε πως το *E. coli* αποφασίζει πόσο μακριά να τρέξει, δεδομένου και από την προηγούμενη ανάλυση ξέρουμε τι συμβαίνει κατά τη διάρκεια της περιστροφής ή της μετακίνησης. Κατά πρώτον, να σημειωθεί ότι αν ένα *E. coli* είναι σε ουδέτερη ουσία (υλικό) με την έννοια ότι δεν είναι όξινο, και εάν παραμείνει σε αυτό το μέσο για μακρύ χρονικό διάστημα, (πάνω από 1 λεπτό), τότε τα μαστίγια θα κινούνται ταυτόχρονα

ανάμεσα σε δεξιόστροφη και αριστερόστροφη κίνηση έτσι ώστε το βακτήριο εναλλακτικά θα περιστρέφεται και θα κινείται. Αυτή η εναλλαγή ανάμεσα σε αυτές τις δύο μεθόδους θα μετακινήσουν το βακτήριο, αλλά σε τυχαίες κατευθύνσεις και αυτό του επιτρέπει να ψάξει για θρεπτικά συστατικά. Για παράδειγμα σε ισότροπο ομοιογενές περιβάλλον που περιγράφεται παραπάνω, το βακτήριο τρέχει και περιστρέφεται με τη μέση περιστροφή. Αν ένα βακτήριο είναι σε μια ομοιογενή συγκέντρωση σερίνης τότε συμβαίνει μια ποικιλία από αλλαγές στα χαρακτηριστικά της κινητήριας συμπεριφοράς. Για παράδειγμα, το μέσο μήκος διαδρομής και η μέση ταχύτητα αυξάνει και η μέση περιστροφή μειώνεται.

Εξακολουθούν να παράγουν ένα βασικό τύπο συμπεριφοράς αναζήτησης· ακόμα και αν έχει το βακτήριο τροφή επίμονα αναζητά περισσότερη. Μπορούμε υποθετικά να ονομάσουμε αυτή τη συμπεριφορά , «βασική συμπεριφορά». Ως ένα παράδειγμα των περιστροφών και των διαδρομών σε ένα ισότροπο, ομοιογενές μέσο που περιγράφηκε παραπάνω, σε ένα δοκιμαστικό πείραμα διάρκειας 29,5 seconds, υπήρξαν 26 διαδρομές, το μέγιστο μήκος διαδρομής ήταν 3,6 second, και η μέση ταχύτητα ήταν 21  $\mu\text{m} / \text{s}$  [1].

Στη συνέχεια, υποθέτουμε πως το βακτήριο συναντά ένα υλικό με σημαντική πυκνότητα σε θρεπτικό συστατικό. Η αλλαγή στη συγκέντρωση του συστατικού ενεργοποιεί μια αντίδραση έτσι ώστε το βακτήριο να δαπανά περισσότερο χρόνο να κολυμπά και λιγότερο χρόνο να περιστρέφεται. Όσο ταξιδεύει σε μια αυξανόμενη πυκνότητα θρεπτικών στοιχείων, τείνει να παρατείνει το χρόνο που δαπανά κολυμπώντας έως ένα σημείο. Οι κατευθύνσεις της κίνησης φαίνονται να είναι «μεροληπτικές» προς την αύξηση της συγκέντρωσης θρεπτικών συστατικών, αν και το κύτταρο δεν αλλάζει την κατεύθυνση του σε μια διαδρομή εξαιτίας της αλλαγής της πυκνότητας των θρεπτικών συστατικών αλλά οι περιστροφές βασικά καθορίζουν την κατεύθυνση της διαδρομής, (πέρα από τις επιρροές της κίνησης Brown που αναφέρθηκε παραπάνω).

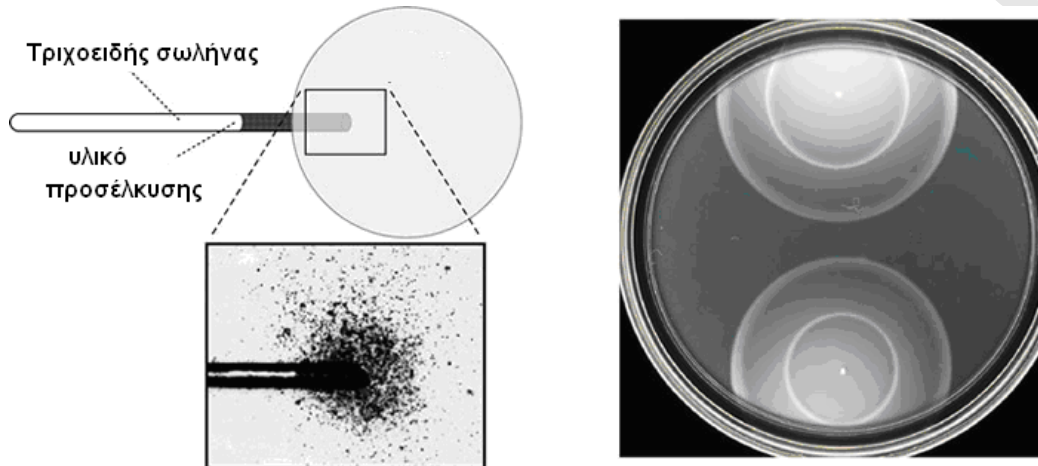
Από την άλλη πλευρά, τυπικά αν το βακτήριο συμβαίνει να κολυμπά σε ένα διάλυμα με συγκέντρωση σε επιβλαβείς ουσίες, θα επιστρέψει στη βασική συμπεριφορά του έτσι ώστε ουσιαστικά να ψάξει να βρει έναν τρόπο να αποφύγει την όξινη συγκέντρωση. Τέλος, ως υποθέσουμε ότι το βακτήριο φτάνει σε μια περιοχή με σταθερή συγκέντρωση θρεπτικών στοιχείων , μετά από μια παραμονή σε θετική συγκέντρωση για κάποιο χρόνο. Στην περίπτωση αυτή, μετά από μια περίοδο χρόνου (όχι αμέσως), το βακτήριο θα επιστρέψει στην ίδια αναλογία από περιστροφές και μετακινήσεις σαν να βρισκόταν σε ένα ουδέτερο διάλυμα, έτσι επανέρχεται στην πρότερη –σταθερή συμπεριφορά- αναζήτησης. Ποτέ δεν ικανοποιείται με το ποσοστό της τροφής που το περιβάλλει, πάντα αναζητά υψηλότερες συγκεντρώσεις.

Στην πραγματικότητα , υπό συγκεκριμένες πειραματικές συνθήκες, το κύτταρο θα συγκρίνει την παρατηρούμενη συγκέντρωση στο τελευταίο δευτερόλεπτο συγκριτικά με τα 3 προηγούμενα , πριν από αυτό και έτσι αντιδρά στη διαφορά. Ως εκ τούτου, χρησιμοποιεί δεδομένα της συγκέντρωσης των θρεπτικών συστατικών στα 4 τελευταία δευτερόλεπτα για να αποφασίσει πόσο μακριά να τρέξει [27]. Φαίνεται ότι το σύστημα λήψης αποφάσεων του *E. coli* έχει κάποιου είδους μνήμης. Ειδικότερα, εκτελεί δειγματοληψία χρησιμοποιώντας την παρελθούσα τιμή (αίσθησης μνήμης) και την παρούσα (αίσθηση συγκέντρωσης).

Λαμβάνοντας υπόψη τις αποκλίσεις στην κατεύθυνση λόγω και της κίνησης Brown που συζητήθηκε παραπάνω, το βακτήριο χρησιμοποιεί τόσο χρόνο όσο χρειάζεται για να πάρει αποφάσεις σχετικά με τον έλεγχο της πυκνότητας. Σαν αποτέλεσμα, το μήκος διαδρομής εξαρτάται από πόσο αναζήτηση έχει κάνει πρόσφατα. Αν έχει κάνει μεγάλη πρόοδο και επομένως μια μεγάλη διαδρομή, θα κάνει μια μακρύτερη διαδρομή (ακόμα και αν για λίγο το υλικό είναι ομοιογενές, χωρίς συγκέντρωση). Μετά από μια καθορισμένη περίοδο χρόνου, θα επανέρθει στην σταθερή συμπεριφορά σε ένα ομοιογενές μέσο.

**Συμπερασματικά, το βακτήριο προσπαθεί να κολυμπήσει από περιοχές με μικρότερη συγκέντρωση σε θρεπτικά συστατικά σε περιοχές με υψηλότερη περιεκτικότητα.** Το βακτήριο *E. Coli* εκτελεί τη λήψη αποφάσεων, ελέγχου, καθοδήγηση,

αίσθησης, ασύρματης επικοινωνίας, και άλλες λειτουργίες που το καθιστούν ικανό για τροφή και βέλτιστη θερμοκρασία, αποφυγή επιβλαβών ουσιών (το βακτήριο κολυμπά μακριά από αλκαλικά και όξινα περιβάλλοντα προς ουδέτερα, αποφεύγοντας ακτινοβολία μπλε φωτός, συνεργάζεται με άλλα βακτήρια σε πολυπρακτορικές<sup>5</sup> ομάδες δημιουργώντας σμήνη που κολυμπούν. Αν οι διάφορες συγκεντρώσεις μετακινούνται με το χρόνο, τότε το βακτήριο θα έχει μια τάση να «κυνηγά» τα ευνοϊκότερα περιβάλλοντα και ν' αποφύγει τα επιβλαβή (Εικόνα 12).



#### Εικόνα 12 Δύο δοκιμές της χημειοτακτικής συμπεριφορά στην E. coli

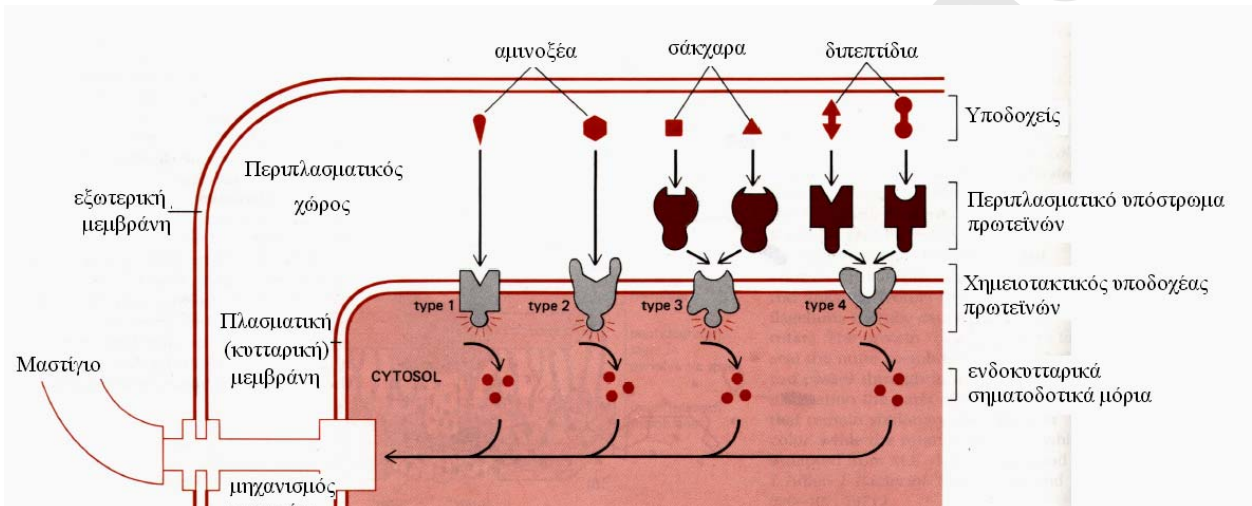
**Αριστερά:** Μια υπό δοκιμή ουσία διαχέεται από την τριχοειδή οπή, για την πρόκληση απότομης κλίσης που προσελκύει τα βακτηρίδια στην είσοδο. Τα κύτταρα εισέρχονται στον τριχοειδή σωλήνα και στη συνέχεια γίνεται καταμέτρηση. **Δεξιά:** Μαλακό άγαρ όπου τα κινούμενα κύτταρα μπορούν να κολυπήσουν μέσα. Οι χημειοτακτικές αποικίες εμφανίζονται μετά από περίπου 8 ώρες επώασης στους 30° C. Καθώς μεγαλώνουν τα κύτταρα, δημιουργούν προσελκυστικές κλίσεις μέσω της κατανάλωσης του άνθρακα και πηγών ενέργειας. Αυτό το υλικό περιέχει δύο προσελκυστικές ουσίες, σερίνη (ένζυμο ή γλυκογονικό αμινοξύ ως πρόδρομη ουσία της γλυκόζης), το οποίο τα κύτταρα θα φάνε πρώτο, και ασπαρτάτη (εστέρας του αμινοξέος ασπαρτικού), που τρώνε όταν η σερίνη δεν είναι διαθέσιμο. Τα στελέχη αυτά ανιχνεύουν και αντιδρούν σε και στις 2 χημικές ουσίες: εξωτερικό δακτύλιο (δακτύλιος σερίνης) και εσωτερικού δακτυλίου (ασπαρτάτης).

<sup>5</sup> Στο χώρο της Επιστήμης Υπολογιστών, η έννοια του "πράκτορα" χρησιμοποιείται ευρύτατα για να περιγράψει μια υπολογιστική οντότητα, που προσπαθεί να ικανοποιήσει ένα σύνολο στόχων μέσα σε ένα πολύπλοκο και δυναμικό περιβάλλον. Ο όρος προέρχεται από το χώρο της Τεχνητής Νοημοσύνης, και την προσπάθεια κατασκευής τεχνητών όντων που να μιμούνται ανθρώπινες ικανότητες. Κατ' αναλογία με τα ανθρώπινα όργανα αίσθησης και δράσης, ο πράκτορας διαθέτει αισθητήρες (sensors) για την αντίληψη του περιβάλλοντος, και όργανα δράσης (actuators) για να ενεργεί μέσα σε αυτό [42],[ 43].



## 2.4 Μηχανισμός αίσθησης και λήψης αποφάσεων

Στο *E.coli* υπάρχουν αισθητήρες (όπως φαίνεται στην εικόνα 13) που είναι οι υποδοχείς πρωτεΐνης και που σηματοδοτούνται απευθείας από εξωτερικές συγκεντρώσεις (για παράδειγμα στα αμινοξέα) ή μέσω της περιπλασματικού υποστρώματος δέσμευσης πρωτεϊνών. Ο αισθητήρας είναι πολύ ευαίσθητος, σε μερικές περιπτώσεις απαιτούνται λιγότερο από 10 μόρια να προσελκύσει για να προκληθεί μια αντίδραση, και απαιτούνται



Εικόνα 13 Αισθητήρες- υποδοχείς στο *e.coli*

λιγότερο από 200 ms για να προκληθεί μια αντίδραση κολύμβησης. Μπορείτε να αντιληφθείτε ότι το βακτήριο έχει μια υψηλή αντίδραση με ένα μικρό κατώφλι ανίχνευσης ελκτικών μορίων (η ανίχνευση και από ένα μικρό αριθμό μορίων μπορεί να πυροδοτήσει διπλάσιο ή τριπλάσιο μήκος διαδρομής). Από την άλλη μεριά, το αντίστοιχο όριο σε ένα ομογενοποιημένο υλικό ύστερα από παραμονή σε ένα πλούσιο σε θρεπτικά συστατικά μέσο είναι μεγαλύτερο. Επίσης, ο μέσος χρόνος καταγράφεται σε μια διαδικασία ανίχνευσης. Ο ανιχνευτής πρωτεϊνών έπειτα αντιδρά κατευθύνοντας μόρια στο εσωτερικό του κυττάρου (εικόνα14). Επίσης, υπάρχει μια «μηχανή προσθήκης» και μια ικανότητα να συγκρίνονται τιμές σε μια ανώτατη απόφαση σχετικά με το ποια μέθοδο τα μαστίγια θα εφαρμόσουν: ουσιαστικά, οι διαφορετικοί αισθητήρες προσθέτουν και αφαιρούν τα αποτελέσματά τους, και οι πιο ενεργοί ή πολυάριθμοι έχουν την μεγαλύτερη επίδραση στη λήψη της τελικής απόφασης. Το αισθητήριο και λήψης αποφάσεων σύστημα στο *E. coli* είναι πιθανώς το πιο κατανοητό στη βιολογία, αν και εδώ παραβλέπουμε την πλήρη χημική εξήγηση που θα ήταν απαραίτητη.

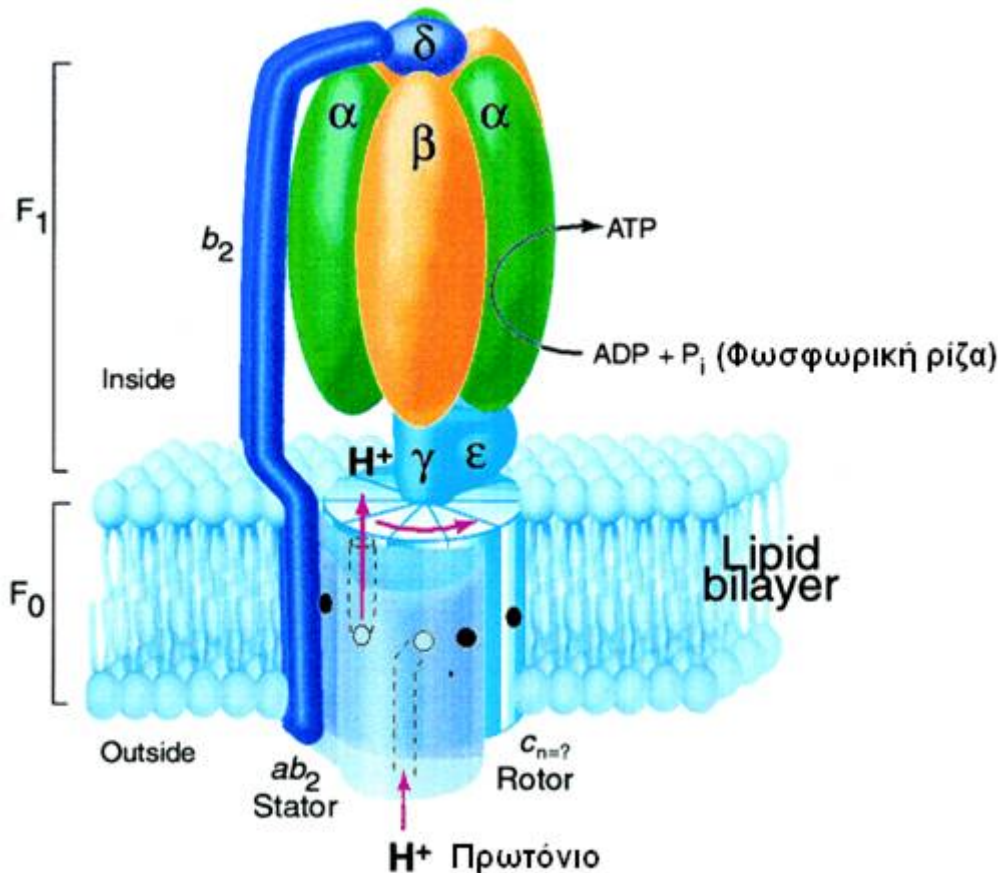
Είναι ενδιαφέρον να σημειωθεί πως το «Σύστημα λήψης αποφάσεων» στο βακτήριο *E. coli* πρέπει να έχει ένα είδος μνήμης! Εκ πρώτης όψεως, φαίνεται ίσως πιθανό ότι η αίσθηση συγκέντρωσης του βακτηρίου και στα δύο άκρα του κυττάρου και βρίσκει μια απλή διαφορά να αναγνωρίζει τη συγκέντρωση της πυκνότητας. Πειράματα έχουν δείξει ότι ασκεί ένα είδος δειγματοληψίας και χοντρικά μιλώντας, θυμάται τη συγκέντρωση μια στιγμή πριν, τη συγκρίνει με την τωρινή, και παίρνει αποφάσεις βασισμένες στη διαφορά. Στη πραγματικότητα έχει αποδειχθεί πρόσφατα ότι οι εσωτερικές στο βακτήριο διαδικασίες λήψης αποφάσεων περιλαμβάνουν κάποιο ολοκληρωμένο μηχανισμό ελέγχου ανατροφοδότησης [11].

Περιληπτικά, βλέπουμε ότι με τη μνήμη, ένα είδος επιπρόσθετου μηχανισμού, μια ικανότητα να κάνει συγκρίσεις, μερικούς απλούς κανόνες εσωτερικού ελέγχου, και την δική του χημική ευαισθησία και κινητικές ικανότητες, το βακτήριο είναι ικανό να πραγματοποιεί μιας σύνθετης μορφής αναζήτηση και συμπεριφορά αποφυγής (επιβλαβών συνθηκών). Η εξέλιξη έχει σχεδιάσει αυτό το σύστημα ελέγχου. Είναι

συμπαγές και καθαρά πολύ επιτυχές στο να επιτυγχάνει τους σκοπούς της επιβίωσης όταν θεωρηθεί από μια πληθυσμιακή προοπτική.

Μπορούμε λοιπόν, να διακρίνουμε 3 είδη συμπεριφοράς:

1. Σε ένα ουδέτερο μέσο εναλλάσσονται οι περιστροφές και οι πορείες  
⇒ **Αναζήτηση**
2. Αν κολυμπούν ανοδικά σε θρεπτικά συστατικά (ή έξω από επιβλαβείς ουσίες) κολυμπούν πιο μακριά (κινούνται ανοδικά την κλίση θρεπτικών συστατικών ή κάτω στα επιβλαβή περιβάλλοντα)  
⇒ **επιδιώκουν όλο και περισσότερο ευνοϊκό περιβάλλον.**
3. Αν κολυμπούν κάτω στην κλίση των θρεπτικών συστατικών (ή πάνω στην κλίση σε επιβλαβές ουσίες), τότε αναζητούν  
⇒ **Αποφεύγουν δυσμενή περιβάλλοντα**



**Εικόνα 14** Το περιστροφικό μοντέλο για τη σύνθεση ATP (Τριφωσφορικής αδενοσίνης). Το F1 τμήμα του συγκροτήματος δεσμεύεται στο κυτταροπλασματικό πρόσωπο της μεμβράνης. Η δύναμη από πρωτόνια οδηγεί σε περιστροφή ένα δαχτύλιο που αποτελείται από υπομονάδες C, ο αριθμός (n), των οποίων δεν είναι βέβαιος. Τα πρωτόνια, εισάγονται μέσω περιπλασματικού καναλιού εισόδου και να συνδεθεί με το Asp καρβοξυλικό (ανοιχτός κύκλος) της υπομονάδας C στην ab<sub>2</sub> διεπαφή του στάτορα. Το σημείο σύνδεσης από πρωτόνια μετακινείται στη συνέχεια από το στάτορα στη φάση των λιπιδίων της μεμβράνης, και μετά τα πρωτόνια έχουν κυκλοφορήσει σε ένα κανάλι εξόδου στην F1 πλευρά της μεμβράνης. Οι υπομονάδες γ και ε παραμένουν σταθερά στην κορυφή ενός συνόλου C υπομονάδων, έτσι ώστε η περιστροφή οδηγεί σε προώθηση εναλλακτικά του συνόλου ADP + P<sub>i</sub> και ATP προϊόν απελευθέρωσης στην β καταλυτική υπομονάδα. Οι b<sub>2</sub> και δ υπομονάδες του στάτορα κρατούν τις υπομονάδες αβ σε μια σταθερή θέση όσο η υπομονάδα γ γυρίζει μέσα τους να οδηγήσει την σύνθεση ATP. Οι συνδεδεμένες αντιδράσεις καταλύονται από το συγκρότημα και έτσι η υδρόλυση ATP θα οδηγήσει μεταφορά πρωτονίων στην οπίσθια όψη της κατεύθυνσης που φαίνεται. Κατά συνέπεια των παραπάνω τα μόρια ATP ενεργούν ως βραχυπρόθεσμες "βιολογικές μπαταρίες" οι οποίες διατηρούν την ενέργεια μέχρι να απαιτηθεί αυτή σε διάφορες βιολογικές διεργασίες όπως η ενεργή μεταφορά, σύνθεση νέων υλικών, μετάδοση νευρικών παλμών και η συστολή των μυών. Αξιοσημείωτο είναι το γεγονός ότι ένα ενεργό κύτταρο απαιτεί

περισσότερα από 2.000.000 μόρια ATP ανά δευτερόλεπτο προκειμένου να λειτουργήσει ο βιοχημικός του μηχανισμός [21].

## 2.5 Γεγονότα Αποβολής / Διασποράς

Είναι πιθανό ότι το τοπικό περιβάλλον όπου ο πληθυσμός των βακτηρίων βιώνουν αλλαγές, είτε βαθμιαία (π.χ. μέσω κατανάλωσης θρεπτικών ουσιών) ή ξαφνικά εξαιτίας κάποιας άλλης επίδρασης. Γεγονότα μπορούν να συμβούν έτσι ώστε τα βακτήρια σε μια περιοχή να σκοτώνονται ή μια ομάδα να είναι διασκορπισμένη σε ένα νέο κομμάτι του περιβάλλοντος. Για παράδειγμα, τοπικά σημαντικές αυξήσεις στη θερμοκρασία μπορεί να σκοτώσουν έναν πληθυσμό βακτηρίων που βρίσκονται σε μια περιοχή με υψηλή συγκέντρωση θρεπτικών συστατικών (μπορούμε να σκεφτούμε τη θερμοκρασία ως ένα είδος επιβλαβούς περιβάλλοντος). Ή μπορεί το νερό να μετακινήσει τους πληθυσμούς βακτηρίων από ένα μέρος σε ένα άλλο στο περιβάλλον. Τέτοια γεγονότα έχουν διασπείρει ποικίλα είδη βακτηρίων και ουσία σε κάθε μέρος του περιβάλλοντος μας – για παράδειγμα στο έντερο.

Ποιο είναι το αποτέλεσμα της κατάργησης και της διασποράς γεγονότων στο χημειοτακτισμό; Έχουν το αποτέλεσμα της πιθανής κατάργησης της χημειοτακτικής προόδου, αλλά έχουν επίσης το αποτέλεσμα της αφομοίωσης στο χημειοτακτισμό, δεδομένου ότι η διασπορά μπορεί τοποθετήσει βακτήρια κοντά σε πηγές τροφίμων. Από μια ευρεία προοπτική, η εξάλειψη και η διασπορά είναι μέρος της κινητήριας συμπεριφοράς του πληθυσμιακού επιπέδου σε μεγάλες αποστάσεις.

## 2.6 Βακτηριδιακή κινητικότητα και ομαδική συμπεριφορά

Τα περισσότερα βακτήρια είναι κινητικά, και πολλά είδη έχουν ανάλογες ικανότητες τακτισμού με το βακτήριο *E.coli*. Οι ειδικοί αισθητήρες ενεργοποίησης και οι μηχανισμοί λήψης αποφάσεων είναι διαφορετικοί [23]. Μερικά βακτήρια μπορούν ν' αναζητήσουν οξυγόνο, και ως εκ τούτου η συμπεριφορά τους βασίζεται στον **αεροτακτισμό** ενώ άλλα αναζητούν για επιθυμητές θερμοκρασίες ως αποτέλεσμα του **θερμοτακτισμού**. Στην πραγματικότητα, το *E. coli* (όπως και το *Salmonella typhimurium*) αναζητούν περιβάλλοντα σε ένα εύρος θερμοκρασιών από 20 έως 37° C. Άλλα βακτήρια αναζητούν την αποφυγή φώτων από ορισμένα μήκη κύματος, και αυτό είναι **φωτοτακτισμός** (το *E.Coli* προσπαθεί να αποφύγει το έντονο μπλε χρώμα). Μερικά βακτήρια κολυμπούν κατά μήκος των γραμμών του μαγνητικού πεδίου της γης, έτσι ώστε στο βορειότερο ημισφαίριο να κολυμπούν προς το βόρειο μαγνητικό πόλο και στο νοτιότερο ημισφαίριο να κολυμπούν προς το νότιο μαγνητικό πόλο.

Μια ιδιαίτερα ενδιαφέρουσα συμπεριφορά της ομάδας έχει αποδειχθεί για αρκετά κινούμενα είδη βακτηρίων, συμπεριλαμβανομένου και του *E. Coli* και *S. Typhimurium*, όπου περίτεχνα χωροχρονικά σμήνη συγκροτούνται σε ημι-στερεά θρεπτικά μέσα [32]. (Οι μικροβιολόγοι αποδίδουν τον όρο «του να κάνεις σμήνη» για άλλα χαρακτηριστικά των ομάδων των βακτηρίων. Εδώ, θα κάνουμε κατάχρηση του όρου που χρησιμοποιείται κανονικά για ανώτερες μορφές ζώων όπως οι μέλισσες).

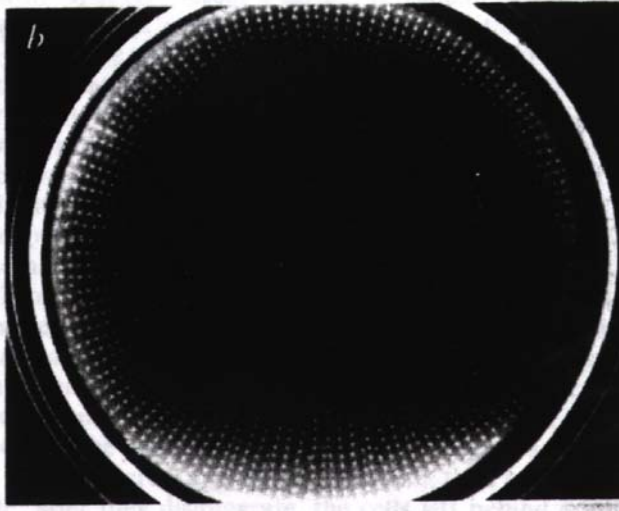
Όταν μια ομάδα κυττάρων *E. coli* τοποθετούνται στο κέντρο από ένα ημι-στερεό άγαρ, αυτά κινούνται έξω από το κέντρο σε ένα δακτύλιο κυττάρων με το να μετακινούνται πάνω στη θρεπτική πυκνότητα λόγω της κατανάλωσης των θρεπτικών συστατικών από την ομάδα (όπως στην Εικόνα 15). Επιπλέον, εάν έχουμε υψηλά επίπεδα από ηλεκτρικό οξύ ως θρεπτικά συστατικά, τα κύτταρα απελευθερώνουν την προσέλκυση ασπαρτάμης έτσι ώστε να συγκεντρώνονται σε ομάδες και να κινούνται σε ομόκεντρα πρότυπα των ομάδων με υψηλή βακτηριακή συγκέντρωση. Τα αποτελέσματα της χωρικής σειράς από την προς τα έξω κίνηση του δακτυλίου και την τοπική απελευθέρωση της προσέλκυσης, είναι τέτοια ώστε τα κύτταρα να παρέχουν ένα σήμα προσέλκυσης προς τα άλλα και έτσι να συρρέουν μαζικά. Το πρότυπο φαίνεται να σχηματίζεται βασιζόμενο στην κυριαρχία των δύο ερεθισμάτων (από κύτταρο προς κύτταρο σηματοδότηση και αναζήτηση τροφής).

Ο ρόλος αυτών των προτύπων στα φυσικά περιβάλλοντα δεν είναι πλήρως κατανοητός, ωστόσο υπάρχουν ενδείξεις στα βακτήρια ότι *το στρες* έχει σαν αποτέλεσμα να απελευθερώνουν χημικά σήματα προς άλλα βακτήρια. Εάν υπάρχει πολύ στρες, μια ολόκληρη ομάδα εκκρίνει το χημικό σήμα, ενισχύοντας το, και συνακόλουθα όλα τα βακτήρια συνασπίζονται. Φαίνεται ότι η συνάθροιση συμβαίνει να προστατέψει την ομάδα από την ένταση (στρες) (για παράδειγμα δια μέσου της αποτελεσματικής απόκρισης πολλών κυττάρων στο μέσον της ομάδας). Επίσης φαίνεται ότι η συνάθροιση των βακτηρίων δεν είναι απαραίτητα στατική, αλλά υπό καθορισμένες συνθήκες μπορούν να μεταναστεύσουν, να διαιρεθούν και να συγχωνευθούν. Το γεγονός αυτό οδήγησε τους ερευνητές να υποθέσουν ότι και άλλες μέθοδοι επικοινωνίας που τους έχουν απασχολήσει ως τώρα δεν έχουν ακόμα εξηγηθεί.

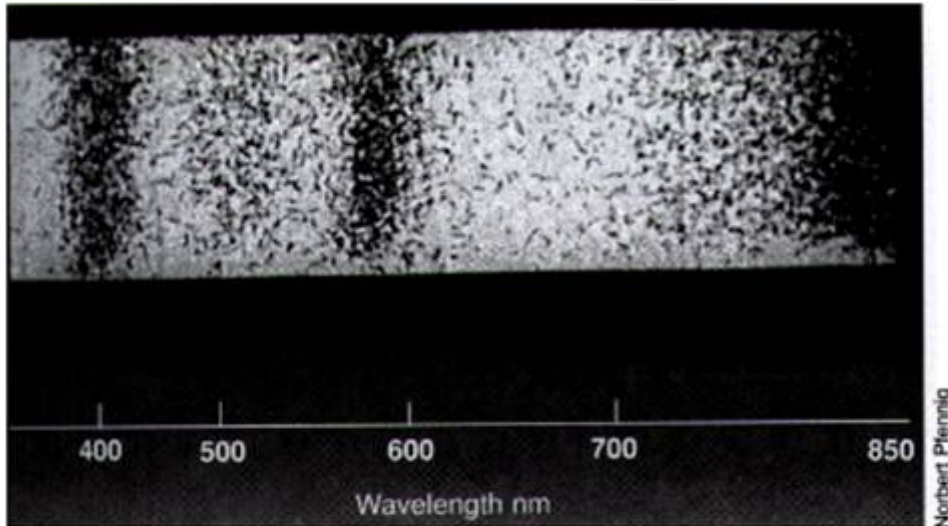
Σε ένα άλλο παράδειγμα, είδη βιοφίλμ μπορεί να υπάρχουν και ν' αποτελούνται από πολλά στρώματα από βακτήρια (*E.coli*) που μπορούν να επικαλύπτουν ποικίλα αντικείμενα (όπως οι ρίζες των φυτών). Φαίνεται ότι και τα δύο, η κινητικότητα και η «αίσθηση απαρτίας» συμμετέχουν στο σχηματισμό του βιοφίλμ. Ένα βιοφίλμ είναι ένας μηχανισμός για να κρατήσει ένα βακτηριακό είδος σε μια σταθερή τοποθεσία, αποφεύγοντας τον περιορισμό των θρεπτικών συστατικών και τοξικά προϊόντα με τη συσκευασία σε μια χαμηλή πυκνότητα σε ένα πίνακα πολυσακχαριτών [15]. Η έκκριση χημικών παρέχει ένα μηχανισμό για τα κύτταρα να αντιλαμβάνονται την πυκνότητα του πληθυσμού, αλλά η κινητικότητα φαίνεται να βοηθάει στα πρώτα στάδια σχηματισμού του βιοφίλμ. Οι ερευνητές θεωρούν οι χημειοτακτικές αντιδράσεις επιδρούν στις εξωτερικές επιφάνειες του βιοφίλμ όπου η συγκέντρωση των θρεπτικών συστατικών μπορεί να είναι υψηλότερη.

Τέλος, θα πρέπει να σημειωθεί ότι άλλα είδη βακτηρίων επιδεικνύουν συμπεριφορά σμήνους. Για παράδειγμα, το φωτεινό βακτήριο *Vibrio fischeri* βγάζει φως όταν η πυκνότητα του πληθυσμού φτάνει ένα κατώτατο όριο. Οι αποικίες στρεπτομυκίνης μπορούν ν' αναπτύξουν ένα δίκτυο από μακριά σαν ίνες κύτταρα που μπορούν να διαπεράσουν και να εκφυλίσουν τη βλάστηση και να τρέφονται από τα υλικά της αποσάθρωσης. Το ***Mycococcus Xanthus***, ένας τύπος μυξοβακτηρίου (βακτήριο στη λάσπη), επιδεικνύει σχετική εξωτική συμπεριφορά αναζήτησης τροφής και επιβίωσης. Για παράδειγμα, ενώ κινούνται δια μέσου στερεών επιφανειών (μέσω ολίσθησης), εκκρίνουν ίχνη από βλέννες και τείνουν να ακολουθούν τα ίχνη από βλέννες των άλλων. Μερικά μυξοβακτήρια θηρεύουν από άλλα βακτήρια (κάτι ανάλογο με τη συμπεριφορά των λύκων). Οι μεταλλάξεις του *Mycococcus xanthus* μπορούν να επιδείξουν «κοινωνική» και «περιπετειώδη» κινητικότητα (ουσιαστικά διαφορετική ομαδική συμπεριφορά αναζήτησης τροφής). Υπό συνθήκες πείνας, συναθροίζονται, ονομάζονται καρποί, όπου κύτταρα πεθαίνουν και άλλα σχηματίζουν σπόρια. Αυτοί οι σχηματισμοί μπορούν να ταξιδέψουν με τη βοήθεια εντόμων ή του ανέμου, σε ποιο ευνοϊκά περιβάλλοντα, όπου τα σπόρια γενούν και σχηματίζουν μια νέα αποικία.

Βλέπουμε ότι υπάρχει μια μεγάλη ποικιλία από στρατηγικές για αναζήτηση τροφής και επιβίωση, ακόμα και στο επίπεδο των βακτηρίων! Προφανώς, δεν μπορούμε να τα περιγράψουμε όλα εδώ. Ο στόχος μας είναι απλά να εξηγήσουμε πως η κινητήριες συμπεριφορές σε άτομα και ομάδες από βακτήρια επηρεάζουν την αναζήτηση τροφής και βελτιστοποίησης.



Εικόνα 15 Πρότυπα συνάθροισης στο E.coli (σε άγαρ)



Φωτοτακτική συμπεριφορά του βακτηρίου *Thiospirillum jenense* (M.T. Madigan, J.M. Martinko, and J. Parker. *Biology of Microorganisms*. Prentice Hall, NJ, 8 edition, 1997).

### 3. Ο ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΣ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗΣ ΒΑΣΙΣΜΕΝΟΣ ΣΤΗΝ ΑΝΑΖΗΤΗΣΗ ΤΡΟΦΗΣ ΑΠΟ ΤΟ E.Coli

#### 3.1 Βασική Μέθοδος

Ας υποθέσουμε ότι θέλουμε να βρούμε το ελάχιστο του  $J(\theta)$ ,  $\theta \in \mathcal{R}^n$ , όπου δεν έχουμε μετρήσεις ή μια αναλυτική περιγραφή της κλίσης<sup>6</sup>  $\nabla J(\theta)$ . Εδώ χρησιμοποιούμε ιδέες από τα βακτήρια όπως λειτουργούν για την αναζήτηση τροφής για την επίλυση αυτού του προβλήματος βελτιστοποίησης. Πρώτα υποθέτουμε ότι το  $\theta$  είναι η θέση ενός βακτηρίου και  $J(\theta)$  αντιπροσωπεύει τα συνδυασμένα αποτελέσματα από τις έλξεις και τις απωθήσεις από το περιβάλλον, για παράδειγμα, με:

1.  $J > 0 \Rightarrow$  επιβλαβές
2.  $J = 0 \Rightarrow$  ουδέτερο
3.  $J < 0 \Rightarrow$  κατάλληλο για τροφή

να αντιπροσωπεύουν τη θέση του βακτηρίου σε πλούσιο, ουδέτερο και επιβλαβές θρεπτικό περιβάλλον αντίστοιχα.

Κατά βάση, ο χημειοτακτισμός είναι μια συμπεριφορά αναζήτησης τροφής που υλοποιεί ένα είδος βελτιστοποίησης όπου τα βακτήρια προσπαθούν να βρουν θέσεις με τη θρεπτική συγκέντρωση να ανεβαίνει, (βρίσκουν όλο και πιο χαμηλές τιμές της  $J(\theta)$ , αποφεύγουν επιβλαβείς συγκεντρώσεις, και ψάχνουν για ουδέτερα μέσα).

Αποφεύγουν δηλαδή να βρεθούν σε θέσεις όπου  $J(\theta) \geq 0$  (με άλλα λόγια επιδιώκουν την ελαχιστοποίηση του  $J(\theta)$ ).

#### 3.2 Χημειοτακτισμός, Δημιουργία Σμήνους, Αναπαραγωγή, Αποβολή και Διασπορά

Ορίζουμε ένα χημειοτακτικό βήμα περιστροφής ακολουθούμενο από μια περιστροφή ή μια περιστροφή ακολουθούμενη από μια πλεύση. Έστω  $j$  ότι είναι ένας δείκτης για το χημειοτακτικό βήμα. Έστω  $k$  είναι ο δείκτης για το αναπαραγωγικό βήμα. Έστω  $l$  ο δείκτης μείωσης της διασποράς. Έστω:

$$P(j, k, l) = \{\theta^i(j, k, l) | i = 1, 2, \dots, S\}$$

αντιπροσωπεύει τη θέση κάθε μέλους του πληθυσμού από τα  $S$  βακτήρια στο  $j$ -οστό χημειοτακτικό βήμα, στο  $k$ -οστό αναπαραγωγικό βήμα, και στην  $l$ -οστή μείωσης της διασποράς. Εδώ, έστω  $J(i, j, k, l)$  σημαίνει το κόστος της θέσης  $\theta$  του  $i$  βακτηρίου  $\theta^i(j, k, l) \in \mathcal{R}^p$ . Σημειώστε ότι εναλλακτικά αναφερόμαστε στο  $J$  ως ένα «κόστος» (με τη χρήση ορολογίας από τη θεωρία βελτιστοποίησης), και μια επιφάνεια με θρεπτικά συστατικά, (ως αναφορά με τις βιολογικές συνδέσεις). Για τους πραγματικούς πληθυσμούς των βακτηρίων, το  $S$  μπορεί να είναι πολύ υψηλό (για παράδειγμα,  $S = 10^9$ ), αλλά  $p=3$ . Στις προσομοιώσεις μας, θα χρησιμοποιήσουμε πολύ μικρότερο μέγεθος πληθυσμού και θα το κρατήσουμε σταθερό. Θα επιτρέψουμε  $p>3$ , έτσι ώστε μπορούμε να εφαρμόσουμε τη μέθοδο σε προβλήματα βελτιστοποίησης πολλών διαστάσεων.

Έστω  $N_c$  είναι η διάρκεια της ζωής των βακτηρίων, όπως μετράται από τον αριθμό χημειοτακτικών βημάτων που λαμβάνουν χώρα κατά τη διάρκεια της ζωής τους.

<sup>6</sup> Έστω μια συνάρτηση  $f: \mathcal{R}^2 \rightarrow \mathcal{R}$ . Τότε ως διάνυσμα της κλίσης (συγκλινές ή gradient vector)

$$\text{ορίζεται ως εξής: } \nabla f(x, y) = f_x(x, y)i + f_y(x, y)j \text{ ή } \nabla f = \frac{\partial f}{\partial x}i + \frac{\partial f}{\partial y}j$$

Δηλαδή το διάνυσμα κλίσης απεικονίζει κάθε σημείο του  $\mathcal{R}^2$  σ' ένα διάνυσμα.[4].



Έστω  $C(i) > 0, i = 1, 2, \dots, S$ , συνιστά ένα βασικό μέγεθος χημειοτακτικού βήματος που θα χρησιμοποιηθεί για να ορίσει το μήκος των βημάτων κατά τη διάρκεια της μετακίνησης. Για να παραστήσουμε μια περιστροφή, δημιουργούμε μια μονάδα μήκους τυχαίας κατεύθυνσης έστω  $\varphi(j)$ , που θα χρησιμοποιηθεί για να καθορίσουμε την κατεύθυνση της κίνησης μετά από μια περιστροφή. Ειδικότερα, θεωρούμε ότι:

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

έτσι  $C(i)$  είναι το μέγεθος του βήματος προς τυχαία κατεύθυνση, καθοριζόμενο από την περιστροφή. Αν  $\theta^i(j+1, k, l)$ , και το κόστος  $J(i, j+1, k, l)$ , είναι καλύτερο (χαμηλότερο) από  $\theta^i(j, k, l)$ , τότε ένα άλλο βήμα του μεγέθους  $C(i)$  θα γίνει προς την ίδια κατεύθυνση, και ξανά, αν αυτό το βήμα καταλήξει σε μια θέση με τιμή καλύτερου κόστους από το προηγούμενο, θα γίνει και ένα άλλο βήμα. Αυτή η πλεύση συνεχίζεται για όσο διάστημα μειώνεται το κόστος, αλλά μέχρι ένα μέγιστο αριθμό βημάτων,  $N_S$ . Αυτό αναπαριστά ότι τα κύτταρα θα συνεχίσουν να κινούνται στην κατεύθυνση της αύξησης ευνοϊκών περιβαλλόντων.

Η παραπάνω συζήτηση έγινε για την περίπτωση όπου δεν υπήρχαν κύτταρα που απελευθερώνουν προσελκυστικές ουσίες για να ειδοποιήσουν άλλα που θα μπορούσαν να λειτουργήσουν ως σμήνος. Εδώ θα έχουμε επίσης σήματα από κύτταρο σε κύτταρο, μέσω προσέλκυσης και απεικονίζεται ως εξής:

$J_{cc}^i(\theta, \theta^i(j, k, l))$ ,  $i = 1, 2, \dots, S$ , για το  $i$  βακτήριο. Έστω:

$d_{\text{attract}} = 0.1$ , είναι το βάθος της απελευθέρωσης προσέλκυσης (ποσοτικοποίηση του πόση προσέλκυση έχει απελευθερωθεί), και

$$w_{\text{attract}} = 0.2$$

είναι ένα μέτρο του πλάτους του σήματος προσέλκυσης (ποσοτικοποίηση του λόγου διάχυσης του χημικού). Το κύτταρο επίσης απωθεί ένα κοντινό κύτταρο υπό την έννοια ότι καταναλώνει κοντινά θρεπτικά συστατικά και δεν είναι φυσικώς πιθανό να έχουμε δυο κύτταρα στην ίδια θέση. Για να μοντελοποιήσουμε αυτό, θεωρούμε

$$h_{\text{repellant}} = d_{\text{attract}} \text{ (h απωθητικό = d ελκυστικό)}$$

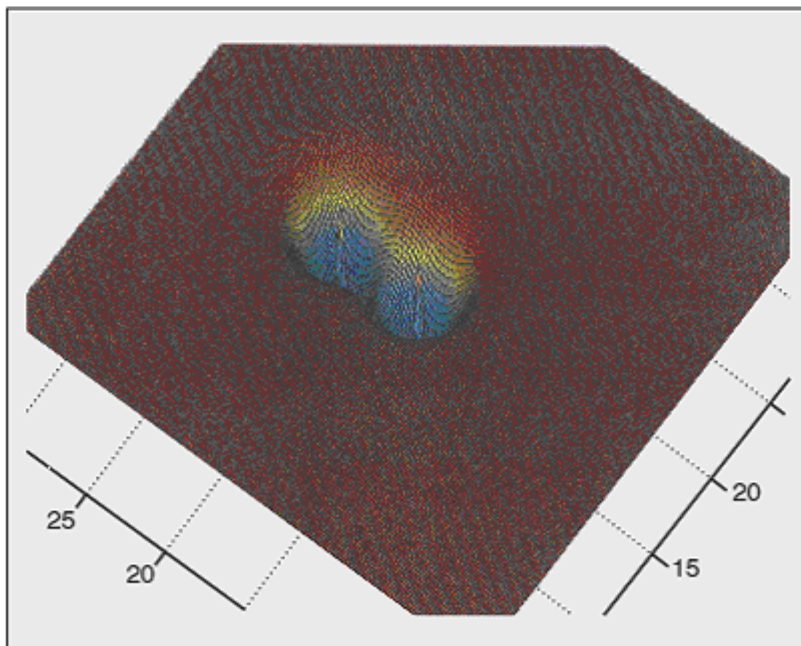
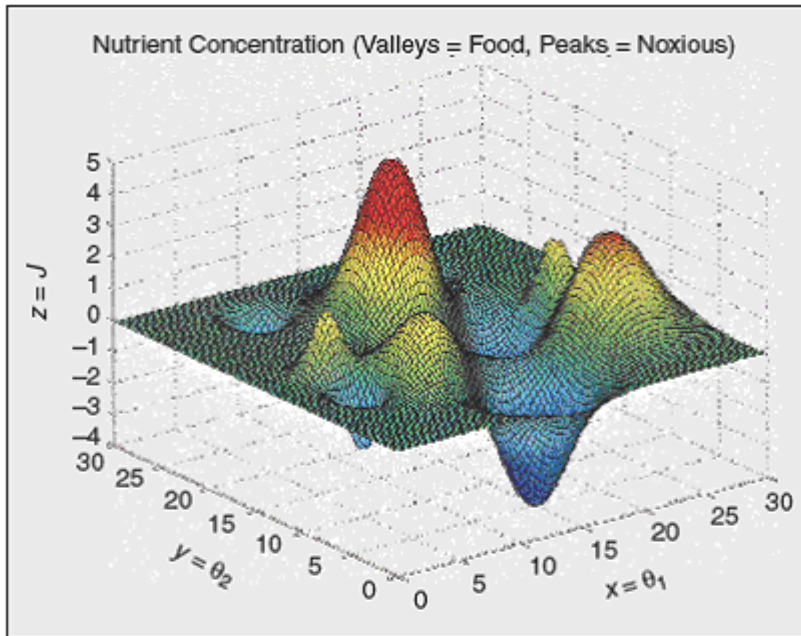
είναι το ύψος του απωθητικού αποτελέσματος (μέγεθος του αποτελέσματος) και

$$w_{\text{repellent}} = 10$$

είναι το μέτρο του πλάτους της απώθησης. Οι τιμές αυτών των παραμέτρων έχουν απλά επιλεγεί για να ερμηνεύουν γενικές συμπεριφορές βακτηρίων, όχι για να αντιπροσωπεύσουν ένα ιδιαίτερο σχήμα βακτηριακού χημικού σήματος. Οι ιδιαίτερες τιμές των παραμέτρων επιλέχθηκαν με το θρεπτικό προφίλ που θα χρησιμοποιήσουμε αργότερα στην Εικόνα 16. Για παράδειγμα, το βάθος και το πλάτος της έλξης έχουν μικρή σχέση με τη συγκέντρωση θρεπτικών συστατικών, όπως φαίνεται στην Εικόνα 16.

Έστω:

$$\begin{aligned} J_{cc}(\theta, P(j, k, l)) &= \sum_{i=1}^S J_{cc}^i(\theta, \theta^i(j, k, l)) \\ &= \sum_{i=1}^S \left[ -d_{\text{attract}} \exp\left(-w_{\text{attract}} \sum_{m=1}^p (\theta_m - \theta_m^i)^2\right) \right] \\ &\quad + \sum_{i=1}^S \left[ h_{\text{repellant}} \exp\left(-w_{\text{repellant}} \sum_{m=1}^p (\theta_m - \theta_m^i)^2\right) \right] \end{aligned}$$



Περιοχή θρεπτικών συστατικών

**Εικόνα 16** Απεικόνιση περιοχών θρεπτικών συστατικών και σχήματος έλξης από κύτταρο προς κύτταρο [23]



σημαίνει ότι το αποτέλεσμα συνδυασμένης έλξης και απώθησης από κύτταρο προς κύτταρο, όπου  $\theta = [\theta_1, \dots, \theta_p]^T$  είναι ένα σημείο στον τομέα βελτιστοποίησης και  $\theta'_m$  είναι το  $m$ -οστό συστατικό από το  $i$  βακτήριο σε θέση  $\theta^i$  (για λόγους ευκολίας θα παραλείψουμε μερικούς από τους δείκτες). Ένα παράδειγμα για την περίπτωση που  $S=2$  και οι ακόλουθες τιμές των παραμέτρων φαίνονται στην Εικόνα 16. Εδώ, σημειώστε ότι οι δύο κορυφές αναπαριστούν τη θέση των κυττάρων, και όπως κανείς απομακρύνεται ακτινωτά από τη θέση των κυττάρων, η συνάρτηση μειώνει και μετά αυξάνει (σε μοντέλα όπου το αποτέλεσμα όπου τα κύτταρα μακριά έχουν την τάση να μην είναι προσελκυστικά, ενώ τα κοντινά κύτταρα προσπαθούν να κατεβάσουν την πυκνότητα των θρεπτικών συστατικών και ως εκ τούτου να προσπαθήσουν να σχηματίσουν σμήνος. Σημειώστε ότι όσο τα κύτταρα κινούνται, μεταβάλλεται και η  $J_{cc}^i(\theta, \theta^i(j, k, l))$  συνάρτηση μεταβαλλόμενη με το χρόνο, και αν πολλά κύτταρα πλησιάζουν το ένα το άλλο θα υπάρξει ένα υψηλό ποσοστό έλξης και έτσι έχουμε πιθανότητα να κινηθούν και άλλα κύτταρα για τη δημιουργία ομάδας. Αυτό δημιουργεί το αποτέλεσμα του σμήνους. Όταν θέλουμε να μελετήσουμε τη δημιουργία σμήνους, το  $i$  βακτήριο, όπου  $i = 1, 2, \dots, S$ , θα ανέβει στην  $J(i, j, k, l) + J_{cc}(\theta, P)$  αντί για το  $J(i, j, k, l)$  που περιγράφεται παραπάνω, ώστε τα κύτταρα να προσπαθήσουν να βρουν θρεπτικά συστατικά, να αποφύγουν επιβλαβή υποστρώματα, και την ίδια στιγμή να κινηθούν προς άλλα κύτταρα, αλλά όχι και τόσο κοντά σε αυτά. Η  $J_{cc}(\theta, P)$  συνάρτηση παραμορφώνει την αναζήτηση ώστε τα κύτταρα εκπροσωπούν την επιθυμία να συρρέουν (μοντελοποιούμε μηχανισμούς δημιουργίας σμήνους σαν διαδικασία ελαχιστοποίησης).

Μετά από  $N_c$  χημειοτακτικά βήματα, λαμβάνεται ένα βήμα αναπαραγωγής. Έστω  $N_{re}$  ο αριθμός βημάτων αναπαραγωγής που λαμβάνονται. Για ευκολία, υποθέτουμε ότι  $S$  είναι ένας θετικός άρτιος ακέραιος, και

$$S_r = \frac{S}{2} \quad (1)$$

είναι το πλήθος των μελών του πληθυσμού που έχουν λάβει επαρκή θρεπτικά συστατικά έτσι ώστε να αναπαραχθούν (διαιρεθούν στα δύο) χωρίς μεταλλάξεις. Για αναπαραγωγή, ο πληθυσμός ταξινομείται κατά αύξουσα σειρά συσσωρευμένου κόστους (υψηλότερο συσσωρευμένο κόστος αναπαριστά ότι ένα βακτήριο δεν λάμβανε τόσο πολλά συστατικά κατά τη διάρκεια της ζωής του και της αναζήτησης τροφής και ως εκ τούτου δεν είναι «υγιές» και άρα ακατάλληλο για αναπαραγωγή· έπειτα  $S_r$  βακτήρια πεθαίνουν και καθένα από τα υπόλοιπα  $S_r$  υγιές βακτήριο διαιρείται σε δύο βακτήρια που εμφανίζονται στην ίδια τοποθεσία. Θα μπορούσαν να χρησιμοποιηθούν στη θέση του (1) και άλλα τμήματα ή προσεγγίσεις. Αυτή η μέθοδος επιβραβεύει τα βακτήρια που έλαβαν πολλά θρεπτικά συστατικά και μας επιτρέπει να διατηρήσουμε έναν σταθερό μέγεθος πληθυσμού, που είναι βολικός στην κωδικοποίηση του αλγόριθμου.

Έστω ότι  $N_{ed}$  είναι ο αριθμός των γεγονότων της μείωσης της διασποράς, και για κάθε ένα αντίστοιχο γεγονός, κάθε βακτήριο του πληθυσμού υποβάλλεται σε μείωση διασποράς με πιθανότητα  $p_{ed}$ . Υποθέτουμε ότι η συχνότητα των χημειοτακτικών βημάτων είναι μεγαλύτερη από τη συχνότητα των αναπαραγωγικών βημάτων, που είναι περισσότερα σε συχνότητα από γεγονότα μείωσης διασποράς (για παράδειγμα ένα βακτήριο θα κάνει 25 βήματα χημειοτακτικά πριν την αναπαραγωγή, και 4 γενιές θα λάβουν χώρα πριν το γεγονός μείωσης διασποράς).

**Είναι προφανές ότι αγνοούμε πολλά χαρακτηριστικά της πραγματικής βιολογικής διαδικασίας βελτιστοποίησης για χάρη της απλότητας και της σύλληψης των κυριότερων χαρακτηριστικών της χημειοτακτικής ανόδου και κίνησης.** Για παράδειγμα, αγνοούμε πολλά χαρακτηριστικά των χημικών μέσων και υποθέτουμε ότι η κατανάλωση δεν επηρεάζει τη θρεπτική επιφάνεια (όταν ένα βακτήριο βρίσκεται σε πλούσιο σε θρεπτικά συστατικά περιβάλλον, δεν αυξάνουμε την τιμή της  $J$  εκεί κοντά που έχουν καταναλωθεί θρεπτικά συστατικά), όπου σαφώς στη φύση τα βακτήρια μεταβάλουν την περιεκτικότητα των θρεπτικών συστατικών δια αμέσου της κατανάλωσης. Μια περιστροφή δεν έχει αποτέλεσμα μια τελείως τυχαία νέα κατεύθυνση για κίνηση· ωστόσο θεωρούμε ότι εδώ γίνεται. Τα αποτελέσματα Brown επιδρούν στο κελί τόσο ώστε έπειτα από μια μικρή απόσταση, βρίσκεται σε μια περιοχή σχήματος

πίττας με το σημείο εκκίνησης στο άκρο της πίττας. Βασικά, υποθέτουμε ότι η μετακινήσεις είναι ευθείες, ενώ δεν είναι στη φύση. Τα μήκη της περιστροφής και της μετακίνησης είναι εκθετικά κατανομημένες τυχαίες μεταβλητές, όχι σταθερές, όπως υποθέσαμε. Οι αποφάσεις για το μήκος της διαδρομής βασίζονται στα τελευταία 4 δευτερόλεπτα των συγκεντρώσεων, ενώ εδώ υποθέτουμε ότι σε κάθε περιστροφή παλιότερες πληροφορίες για τη συγκέντρωση θρεπτικών συστατικών χάνονται. Αν και είναι ασύγχρονα, εδώ έχουμε κατ' απαίτηση συγχρονισμό, για παράδειγμα τα χημειοτακτικά βήματα από διαφορετικά βακτήρια γίνονται την ίδια στιγμή, όλα τα βακτήρια αναπαράγονται ταυτόχρονα και στιγμιαία, και όσα αναφέρονται ότι μειώνονται και διασπείρονται το κάνουν αυτό επίσης την ίδια στιγμή. Θεωρούμε ένα σταθερό μέγεθος πληθυσμού, ακόμα και αν υπάρχουν πολλά θρεπτικά συστατικά και γενιές. Υποθέτουμε επίσης ότι τα κύτταρα ανταποκρίνονται στα θρεπτικά συστατικά του περιβάλλοντος με τον ίδιο τρόπο που ανταποκρίνονται στα σήματα που απελευθερώνονται από άλλα κύτταρα με σκοπό την μετάδοση της επιθυμίας να σχηματίσουν σμήνη (ένα πιο ακριβές βιολογικά μοντέλο της συμπεριφοράς σμήνους σε συγκεκριμένα βακτήρια δίνεται στο [32]). Σαφώς, θα μπορούσαν να χρησιμοποιηθούν άλλες επιλογές για το κριτήριο του ποια βακτήρια θα μπορούσαν να διαιρεθούν (π.χ. βασισμένο μόνο στη συγκέντρωση στο τέλος της ζωής των βακτηρίων, ή στην ποσότητα των επιβλαβών περιβαλλόντων που συναντούν). Επίσης αγνοούμε τη σύζευξη και άλλα εξελικτικά χαρακτηριστικά. Για παράδειγμα, υποθέτουμε ότι  $C(i)$ ,  $N_c$  και  $N_s$  παραμένουν τα ίδια για κάθε γενιά. Στη φύση φαίνεται πιθανό ότι αυτές οι παράμετροι θα μπορούσαν όταν εξελίσσονται σε διαφορετικά περιβάλλοντα να μεγιστοποιήσουν τους ρυθμούς αύξησης του πληθυσμού.

Η πρόθεση εδώ είναι να καταλήξουμε σε ένα απλό μοντέλο που αντιπροσωπεύει μόνο ορισμένες πτυχές της συμπεριφοράς αναζήτησης τροφής από τα βακτήρια.

### 3.3 Παρουσίαση Αλγόριθμου BFOA (Bacterial Foraging Optimization Algorithm) σε Ψευδοκώδικα

Για αρχικοποίηση, πρέπει να διαλέξουμε  $\mathbf{p}$ ,  $\mathbf{S}$ ,  $\mathbf{N}_c$ ,  $\mathbf{N}_s$ ,  $\mathbf{N}_{re}$ ,  $\mathbf{N}_{ed}$ ,  $\mathbf{p}_{ed}$ , και  $\mathbf{C}(i)$ ,  $i=1,2,\dots,S$ . Αν λάβουμε υπόψη το θέμα σμήνους, πρέπει να επιλέξουμε τις παραμέτρους των συναρτήσεων της προσέλευσης κυττάρου προς κύτταρο· θα χρησιμοποιήσουμε λοιπόν τις παραμέτρους που δόθηκαν παραπάνω. Επίσης πρέπει να αρχικοποιηθούν οι τιμές για το  $\theta^i$ ,  $i=1,2,\dots,S$ . Επιλέγοντας αυτές να βρίσκονται στις περιοχές όπου πιθανώς να υπάρχει μια βέλτιστη τιμή είναι μια καλή επιλογή. Εναλλακτικά, μπορεί να θέλουμε να απλοποιήσουμε την τυχαία κατανομή τους σε όλη την περιοχή του προβλήματος βελτιστοποίησης. Δίνεται εδώ ο αλγόριθμος που τα μοντέλα του πληθυσμού των βακτηρίων χημειοτακτούν, συναθροίζονται, αναπαράγονται, αποβάλλονται ή διασπείρονται (αρχικά,  $j=k=l=0$ ). Για τον αλγόριθμο, σημειώστε ότι οι ενημερώσεις του  $\theta^i$  αυτόματα έχουν σαν αποτέλεσμα μεταβολές του  $P$ .

- 1) Βρόγχος εξάλειψης / διασποράς:  $l=l+1$
- 2) Βρόγχος αναπαραγωγής:  $k=k+1$
- 3) Βρόγχος χημειοτακτισμού:  $j=j+1$ 
  - a) Για  $i=1,2,\dots,S$ , λαμβάνουμε ένα βήμα χημειοτακτισμού για το  $i$  βακτήριο, όπως φαίνεται ακολουθώς.
  - b) Υπολογίζουμε το  $J(i, j, k, l)$ . Έστω  $J(i, j, k, l) = J(i, j, k, l) + J_{cc}(\theta^i(j, k, l), P(j, k, l))$  (Για παράδειγμα προσθέτοντας τα αποτελέσματα της προσέλευσης από κύτταρο σε κύτταρο στη συγκέντρωση θρεπτικών συστατικών.
  - c) Έστω  $J_{last} = J(i, j, k, l)$  να κρατήσουμε αυτή την τιμή μέχρι να βρούμε μια ίσως μια καλύτερη τιμή δια μέσω μιας διαδρομής.
  - d) Περιστροφή : Δημιουργούμε ένα τυχαίο διάνυσμα  $\Delta(i) \in \mathbb{R}^p$  με κάθε στοιχείο  $\Delta_m(i)$ ,  $m=1,2,\dots,p$ , έναν τυχαίο αριθμό στο διάστημα  $[-1,1]$ .
  - e) έστω

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

Αυτό δίνει το αποτέλεσμα σε ένα βήμα μεγέθους  $C(i)$  στην κατεύθυνση της περιστροφής για το  $i$  βακτήριο.

- f) Υπολογίστε  $J(i, j, k, l)$  και μετά έστω  $J(i, j+1, k, l) = J(i, j+1, k, l) + J_{cc}(\theta^i(j+1, k, l), P(j+1, k, l))$ .
- g) Πλεύση (σημειώστε ότι χρησιμοποιούμε μια προσέγγιση από τη στιγμή που έχουμε αποφασίσει την συμπεριφορά πλεύσης κάθε κυττάρου  $\{1,2,\dots,i\}$  που έχει μετακινηθεί και για τα  $\{i+1,i+2,\dots,S\}$  που δεν έχουν μετακινηθεί· αυτό είναι πολύ απλούστερο να το προσομοιώσουμε από ταυτόχρονες αποφάσεις σχετικά με κολύμβηση και περιστροφή από όλα τα βακτήρια την ίδια στιγμή):
  - i) Έστω  $m=0$  (μετρητής για το μήκος της πλεύσης).
  - ii) WHILE  $m < N_s$  (αν δεν έχει τόσο μεγάλη κάθοδο)
    - Έστω  $m=m+1$
    - Αν  $J(i, j+1, k, l) < J_{last}$  (αν είναι καλύτερο), έστω  $J_{last} = (i, j+1, k, l)$  και έστω

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

και χρησιμοποιούμε το  $\theta^{j+1, k, l}$  να υπολογίσουμε το νέο  $J(i, j+1, k, l)$  όπως το κάναμε στο f).

ELSE , έστω  $m=N_s$  . Τέλος της δήλωσης WHILE.

h) GO TO στο επόμενο βακτήριο (i+1) αν  $i \neq S$  (για παράδειγμα πήγαινε στο b ) για να περάσει το επόμενο βακτήριο.

4) Αν  $j < N_c$  , πήγαινε στο βήμα 3. Σε αυτή την περίπτωση συνεχίστε τον χημειοτακτισμό, δεδομένου ότι η ζωή των βακτηρίων δεν έχει τελειώσει.

5) Αναπαραγωγή:

a) Για δοθέντα k και l, και για  $i = 1, 2, \dots, S$ , έστω

$$J_{health} = \sum_{j=1}^{N_c+1} J(i, j, k, l)$$

είναι η υγεία του βακτηρίου i (ένα μέτρο του πόσο πολλά θρεπτικά συστατικά έχει πάρει στη διάρκεια της ζωής του και πόσο επιτυχής η προσπάθεια αποφυγής των επιβλαβών περιβαλλόντων). Ταξινομώντας τα βακτήρια και τις χημειοτακτικές παραμέτρους  $C(i)$  κατά αύξουσα σειρά του κόστους  $J_{health}$  (υψηλά κόστη σημαίνουν χαμηλότερη υγεία).

b) Τα βακτήρια  $S_r$  με τις υψηλότερες  $J_{health}$  τιμές πεθαίνουν , ενώ τα άλλα  $S_r$  βακτήρια με τις καλύτερες τιμές διαιρούνται (με τους απογόνους να μένουν στο ίδιο μέρος με τους γονείς τους).

6) Αν  $k < N_{re}$  , πήγαινε στο βήμα 2. Σε αυτή την περίπτωση, δεν έχουμε πετύχει τον αριθμό των καθορισμένων βημάτων αναπαραγωγής, έτσι ξεκινάμε την επόμενη γενιά στον χημειοτακτικό βρόγχο.

7) Μείωση διασποράς: Για  $i = 1, 2, \dots, S$ , με πιθανότητα  $p_{ed}$  , εξάλειψη και διασπορά κάθε βακτηρίου (αυτό κρατά σταθερό τον αριθμό των βακτηρίων στον πληθυσμό). Για να γίνει αυτό, εάν εξαλειφθεί ένα βακτήριο, απλά διασπείρουμε ένα σε μια τυχαία θέση στο τομέα βελτιστοποίησης.

8) Αν  $l < N_{ed}$  , τότε πήγαινε στο βήμα 1· αλλιώς ΤΕΛΟΣ

## 4. ΠΡΟΟΠΤΙΚΕΣ ΕΞΕΛΙΞΗΣ ΤΟΥ ΒFOA

### 4.1 Σύνδεση με άλλες μεθόδους βελτιστοποίησης

Υπάρχουν αλγοριθμικές αναλογίες της συνάρτησης καταλληλότητας (fitness function) του αλγόριθμου ΒFOA με την συνάρτηση αξιολόγησης των γενετικών αλγόριθμων (GA – Genetic Algorithms), καθώς είναι και οι δύο συναρτήσεις που περιγράφουν το περιβάλλον. Υπάρχει επίσης αναλογία μεταξύ της «φυσικής επιλογής» των γενετικών αλγόριθμων και της αναπαραγωγής των βακτηρίων καθώς τα βακτήρια στις καλύτερες περιοχές κερδίζουν ένα πλεονέκτημα ώστε να επιλεγούν για αναπαραγωγή. Επίσης ανάμεσα στη διασταύρωση και τη διχοτόμηση όπου τα παιδιά είναι στην ίδια συγκέντρωση με τους γονείς τους ενώ στην διασταύρωση τα παιδιά βρίσκονται κοντά στους γονείς τους. Υπάρχει ακόμα εμφανής αναλογία ακόμα μεταξύ της μετάλλαξης και των γεγονότων εξάλειψης και διασποράς.

Εντούτοις, οι αλγόριθμοι ΒFOA και GA δεν είναι βεβαίως ισοδύναμοι, και κανένας δεν είναι μια ιδιαίτερη περίπτωση του άλλου. Ο καθένας έχει τα δικά του ξεχωριστά χαρακτηριστικά. Η συνάρτηση καταλληλότητας του ΒFOA και η συνάρτηση συγκέντρωσης θρεπτικών συστατικών στους GA δεν είναι ίδιες (η μια αναπαριστά την πιθανότητα της επιβίωσης για δοθέντα φαινοτυπικά χαρακτηριστικά, ενώ η άλλη αναπαριστά επιβλαβή περιβάλλοντα / συγκεντρώσεις ουσιών, ή ίσως άλλες περιβαλλοντικές επιδράσεις όπως η θερμοκρασία και το φως).

Η διασταύρωση με ανταλλαγή χρωμοσωμάτων αντιπροσωπεύει το ζευγάρι και την έκφραση των διαφορών στους απογόνους, κάτι που παραβλέπουμε στον αλγόριθμο αναζήτησης τροφής των βακτηρίων ΒFOA (θα μπορούσαμε, ωστόσο, να έχουμε κάνει λιγότερο τελειότερα αντίγραφα των βακτηρίων που εκπροσωπούν τη διαίρεση). Επιπλέον, οι μεταλλάξεις γονιδίων εκπροσωπούν τις αλλαγές φαινοτυπικών αποτελεσμάτων, όχι τη φυσική διασπορά σε μια γεωγραφική περιοχή.

Από μία προοπτική, σημειώστε ότι όλα τα τυπικά χαρακτηριστικά των γενετικών αλγόριθμων θα μπορούσαν να βελτιώσουν τον αλγόριθμο αναζήτησης τροφής εισάγοντας χαρακτηριστικά γενετικής προσαρμογής των βακτηρίων στο περιβάλλον τους. Επίσης, οι αλγόριθμοι αναζήτησης τροφής θα μπορούσαν να ενσωματωθούν σε εξελικτικούς αλγόριθμους μοντελοποιώντας κάποιες κρίσιμες δραστηριότητες που λαμβάνουν χώρα κατά την διάρκεια της ζωής του πληθυσμού που εξελίσσεται.

Για τον αλγόριθμο ΒFO που μελετάμε εδώ, η αναζήτηση τροφής περιλαμβάνει αναρρίχηση λόφων (hill-climbing) δια μέσου ενός είδους μεροληπτικής τυχαίας διαδρομής, συνεπώς μπορεί να θεωρηθεί ως μέθοδος ενσωμάτωσης ενός τύπου στοχαστικής αναζήτησης με εκτίμηση της κλίσης. Φυσικά, οι γνωστές αριθμητικές μέθοδοι κλίσης, (όπως η quasi-Newton κλπ) στηρίζονται στην χρήση μιας πιο αναλυτικής αναπαράστασης της κλίσης κάτι που δεν χρειάζεται σε έναν αλγόριθμο αναζήτησης τροφής ή σε ένα γενετικό αλγόριθμο. Η έλλειψη εξάρτησης από αναλυτικές πληροφορίες σχετικά με την κλίση μπορούν να θεωρηθούν πλεονέκτημα σε ορισμένες εφαρμογές (χρειάζεται να γίνουν λιγότερες παραδοχές σχετικά με την κλίση αν αυτή δεν είναι γνωστή) ή σαν μειονέκτημα (σε περιπτώσεις που πληροφορίες σχετικά με την κλίση υπάρχουν, οι αλγόριθμοι αναζήτησης τροφής, όπως και οι γενετικοί αλγόριθμοι, ενδέχεται να μην τις εκμεταλλευτούν σωστά).

Υπάρχουν στην πραγματικότητα πολλές προσεγγίσεις για «ολική βελτιστοποίηση» ωστόσο, είναι πέρα από τους σκοπούς μας εδώ να αξιολογήσουμε τα συγκριτικά πλεονεκτήματα των αλγόριθμων αναζήτησης τροφής για το ευρύ φάσμα τέτοιων μεθόδων που έχουν μελετηθεί για πολλά χρόνια. Υπάρχουν αλγόριθμοι βελτιστοποίησης για εφαρμογή σε πρακτικά προβλήματα, αλλά όπως γνωρίζουμε από το NFL («No Free Lunch theorem») κανένας αλγόριθμος δεν μπορεί να λειτουργήσει ικανοποιητικά καλά πάνω σε *κάθε* πιθανό πρόβλημα βελτιστοποίησης. Μερικοί αλγόριθμοι εμπνέονται από τη φυσική εξέλιξη ενώ μερικοί άλλοι από τη φυσική συνάντηση πουλιών ή πυγολαμπίδων. Μερικοί αλγόριθμοι έχουν μια εξαιρετικά καλή

συμπεριφορά τοπικής αναζήτησης, ενώ μερικοί άλλοι μπορεί να έχουν μια καλύτερη συμπεριφορά ολικής αναζήτησης. Αυτός ίσως είναι ο λόγος γιατί η υβριδοποίηση από διαφορετικούς αλγόριθμους μπορεί να δώσει καλύτερη απόδοση σε σύγκριση με τους αρχικούς μεμονωμένους αλγόριθμους. Στην παρούσα ενότητα θα αναφερθούμε σε 3 χαρακτηριστικές περιπτώσεις που έχουν μια τεκμηριωμένα καλύτερη απόδοση σε σχέση με τον αρχικό BFOA, αν και υπάρχει ακόμα πολύ μέλλον στην περαιτέρω εξέλιξη τέτοιων προσεγγίσεων του αρχικού BFOA.

Σαφώς θα πρέπει να σημειωθεί ότι η φυσική εξέλιξη ως πρώτος διδάξας «σχεδίασε» τα βακτήρια να αναζητούν τροφή σε μεταβαλλόμενα χρονικά και θορυβώδη περιβάλλοντα (για παράδειγμα να μπορεί να επιτευχθεί μια κατάλληλη βελτιστοποίηση για θορυβώδεις χρονικά μεταβαλλόμενες συναρτήσεις κόστους). Εμείς θα πρέπει να εξετάσουμε επίσης αν μπορούμε να εκμεταλλευτούμε αυτές τις ιδιότητες σε πραγματικά προβλήματα σχεδίασης.

Υπό την ευρεία έννοια οι τεχνικές βελτιστοποίησης μπορούν ν' ακολουθήσουν διάφορες προσεγγίσεις. Προσφάτως, οι τεχνικές βελτιστοποίησης εμπνευσμένες από βιολογικές συμπεριφορές, γνωστές ως βιομιμητικοί αλγόριθμοι βελτιστοποίησης, έχουν αποκτήσει όλο και περισσότερη προσοχή. Οι αλγόριθμοι που έχουν προταθεί, εκτός από τους γενετικούς αλγόριθμους (GAs), είναι ο αλγόριθμος βελτιστοποίησης σμήνους σωματιδίων (PSO - Particle Swarm Optimization), ο αλγόριθμος αποικίας μυρμηγκιών (ACO - Ant Colony Optimization) και GSO - (glowworm swarm optimization) αλγόριθμους σμήνους πυγολαμπίδων. Οι βιο-μιμητικοί αλγόριθμοι βελτιστοποίησης έχουν αναπτυχθεί από την προσομοίωση της εξελικτικής διαδικασίας και των βιολογικών συμπεριφορών. Είναι βασισμένοι σε έναν πληθυσμό (κάθε μέλος αντιπροσωπεύει μια βιολογική οντότητα), και αρχικοποιείται με έναν πληθυσμό μεμονωμένων ατόμων. Αυτά τα άτομα μέσα από πολλές γενιές καθοδηγούνται με τρόπο μίμησης της κοινωνικής βιολογικής συμπεριφοράς, σε μια προσπάθεια να βρεθεί το βέλτιστο.

Θα μπορούσαμε να γενικεύσουμε ότι σε σύγκριση με άλλους αλγόριθμους βελτιστοποίησης, οι βιομιμητικοί αλγόριθμοι βελτιστοποίησης έχουν τα ακόλουθα πλεονεκτήματα:

1) Τα μεμονωμένα συστατικά είναι κατανεμημένα και αυτόνομα, δεν υπάρχει κεντρικός έλεγχος, και το σφάλμα του μεμονωμένου δεν μπορεί να επηρεάσει την επίλυση του όλου προβλήματος, έτσι αυτά τα χαρακτηριστικά διαβεβαιώνουν ότι τα χαρακτηριστικά αυτού του είδους αλγορίθμων προσδίδουν καλύτερα αποτελέσματα.

2) Ο τρόπος της επίτευξης συνεργασίας των μεμονωμένων ατόμων δια μέσου έμμεσης επικοινωνίας πληροφοριών καθιστά βέβαιη την επέκταση του αλγορίθμου.

3) Δεν απαιτούν να πληρούν τις απαιτήσεις για διαφορισιμότητα, κυρτότητα και άλλες μαθηματικές περιγραφές του προβλήματος.

4) Εξαιτίας των απλών μαθηματικών πράξεων, μπορούν εύκολα να εφαρμοστούν σε προγράμματα υπολογιστή.

Αυτά τα πλεονεκτήματα κατέστησαν τους βιομιμητικούς αλγόριθμους βελτιστοποίησης να χρησιμοποιούνται ευρέως σε πολύ σύντομο χρονικό διάστημα, σε συστήματα παραγωγής ηλεκτρικής ενέργειας, κατεύθυνση οχημάτων]. Μηχανικό σχεδιασμό και ρομποτική.

## 4.2 Απλοποιώντας τον αρχικό Αλγόριθμο Βελτιστοποίησης της Βακτηριδιακής Αναζήτησης Τροφής

Το 2010 οι Munoz, M., et al., παρουσίασαν σε μια μελέτη τους με τίτλο «Simplifying the Bacteria Foraging Optimization Algorithm», [18] μια αρκετά απλοποιημένη έκδοση του κλασικού BFOA, διατηρώντας τα βασικά στοιχεία του.

Οι πιο σημαντικές τροποποιήσεις είναι η εξάλειψη της παραμέτρου  $N_s$ , η απλοποίηση της αρχιτεκτονικής του αλγορίθμου με τη διαγραφή των φωλιασμένων βρόγχων, ένας κανόνας προσαρμογής για το μέγεθος βήματος  $C(i)$ , η χρήση μιας ενιαίας

κατανομής για την αρχικοποίηση θέσης, η ένταξη των καλύτερων ατομικών πληροφοριών στην εξίσωση κίνησης, και τη διαγραφή της επικοινωνίας μεταξύ κυττάρων. Τα αποτελέσματα που προέκυψαν από τα τεστ δείχνουν ότι μια λογική απόδοση επιτυγχάνεται κάτω από τις ίδιες συνθήκες στα περισσότερα test, με μειωμένη πολυπλοκότητα συγκρινόμενη με τον αρχικό αλγόριθμο βακτηρίων, και μέσα από διαφορετικές συναρτήσεις αναφοράς.

Παρόλα αυτά, ο αλγόριθμος αυτός (**NBFO**) υποφέρει από πρόωρη σύγκλιση και σε διάφορες δοκιμές δεν βρήκε το ολικό ελάχιστο στο όριο της αξιολόγησης που είχε οριστεί προηγουμένως. Αυτό βάζει τον αλγόριθμο των βακτηρίων σε δυσμενέστερη θέση έναντι μερικών άλλων μεθευρετικών, που επιτυγχάνουν καλύτερα και ένας πιθανός λόγος είναι η έλλειψη «ελαστικότητας» του μεγέθους βήματος.

Οι ερευνητές τόνισαν την ανάγκη ότι πρέπει να γίνει περισσότερη δουλειά πάνω στο θέμα. Το πρώτο είναι η ανάπτυξη ενός απλού σχήματος ενδοκυτταρικής επικοινωνίας που για λόγους απλότητας συνήθως διαγράφεται από τη γενική πρακτική. Το επόμενο θέμα προς επίλυση είναι πως θα απλοποιηθούν ακόμα περισσότερο οι μηχανισμοί αναπαραγωγής και εξάλειψης / διασποράς, ώστε να μην εξαρτώνται από άλλες παραμέτρους. Στην περίπτωση μας από τον αριθμό των επαναλήψεων που απαιτείται για κάθε ένα τέτοιο γεγονός. Τελικά, μελλοντικά θα ήταν βολικό να κάνουμε test σταθερότητας και σύγκλισης για την προτεινόμενη λύση, που θα δείξει, αν ο αλγόριθμος εκτελεί συγκρίσιμα αποτελέσματα με αυτά που αναφέρθηκαν. Επειδή είναι μια πρώτη προσπάθεια να απλοποιηθεί ακόμα περισσότερο ο BFOA, σίγουρα είναι μια νέα προοπτική πάνω στο θέμα.

### 4.3 Αλγόριθμος BFO-LDC

Ξανά το 2010, οι κινέζοι ερευνητές στο πανεπιστήμιο του Χονγκ Κονγκ, Niu, B., Xue, B., et al, παρουσίασαν μια ακόμα (από αρκετές που έχουν γίνει εδώ και μια δεκαετία) παραλλαγή του BFOA με τίτλο «A Novel Bacterial Foraging Optimizer with Linear Decreasing Chemotaxis Step»[19].

Προκειμένου να βελτιωθεί η απόδοση αναζήτησης του κλασικού BFOA, του οποίου το μήκος του χημειοτακτικού βήματος  $C$  είναι σταθερό, προτάθηκε ένας νέος αλγόριθμος βασισμένος στην αναζήτηση τροφής των βακτηρίων με γραμμικά μειούμενο χημειοτακτικό βήμα (**BFO-LDC linear decreasing chemotaxis step**) όπου το μήκος του χημειοτακτικού βήματος ξεκινά από  $C_{max}$  και γραμμικά μειώνεται σε  $C_{min}$ , το οποίο επιτρέπει σε κάθε βακτήριο να διατηρεί μια καλή ισορροπία ανάμεσα στην εξερεύνηση και εκμετάλλευση κατά τη διάρκεια της εκτέλεσης του αλγορίθμου. Παρατηρώντας τα στοιχεία συνάγεται το συμπέρασμα ότι όταν το  $C$  είναι πολύ μεγάλο τα βακτήρια μπορεί να χάσουν το ολικό βέλτιστο κολυμπώντας ασταμάτητα, ενώ όταν το  $C$  είναι πολύ μικρό χρειάζεται αρκετό χρόνο για να βρεθεί το ολικό βέλτιστο. Ένα κατάλληλο μήκος χημειοτακτικού βήματος είναι υπεύθυνο για αναζήτηση ενός καλού αποτελέσματος με μια γρήγορη ταχύτητα αναζήτησης.

Για την αξιολόγηση της απόδοσης του BFO-LDC, έγιναν εκτεταμένες μελέτες βασισμένες σε ένα σύνολο από τέσσερις γνωστές συναρτήσεις αναφοράς, δίνοντας (κατά τους ερευνητές) εντυπωσιακά αποτελέσματα. Ο αλγόριθμος BFO-LDC φάνηκε να δείχνει αξιοσημείωτη βελτίωση σε σχέση με τον απλό BFOA.

Αυτή η στρατηγική γραμμικής μείωσης εφαρμόστηκε έτσι ώστε ο προτεινόμενος αλγόριθμος BFO-LDC να μπορεί να ορίσει επακριβώς το μέγεθος του χημειοτακτικού βήματος για να διατηρηθεί ακριβής ισορροπία ανάμεσα σε μια εξερεύνηση όλου του χώρου αναζήτησης και μιας εκμετάλλευσης των μελλοντικών περιοχών. Τελικά, οι εκτελέσεις του προτεινόμενου αλγορίθμου BFO-LDC έχουν δοκιμαστεί με ένα σετ συναρτήσεων αναφοράς και μετά συγκρίθηκαν με τον βασικό BFO. Οι συγκρίσεις εκτέλεσης υπέδειξαν ότι η προτεινόμενη μέθοδος είναι ικανή να επιλύσει τα προβλήματα σε σχέση με την πρόωρη σύγκλιση του BFOA.

Ωστόσο, μόνο τέσσερα προβλήματα αναφοράς έχουν εφαρμοστεί στον BFO-LDC και πρέπει να διερευνηθούν περισσότερα προβλήματα στο μέλλον. Και μετά ένας

αριθμός από άλλους ευρετικούς αλγόριθμους βελτιστοποίησης θα μπορούσε να συγκριθεί με τον προτεινόμενο αλγόριθμο σε μεταγενέστερες μελέτες, εκτός από το βασικό BFOA.

#### 4.4 Αλγόριθμος BF-PSO

Εδώ μπορούμε να μιλήσουμε για μια περίπτωση υβριδισμού του BFOA με έναν «κλασικό» αλγόριθμο βελτιστοποίησης, τον **PSO (Particle Swarm Optimization)**, ή Αλγόριθμο Βελτιστοποίησης Σμήνους Σωματιδίων, που προτάθηκε το 1995 εμπνευσμένος από την κοινωνική συμπεριφορά των σμηνών των πουλιών και των κοπαδιών των ψαριών [12]. Η κρίσιμη έννοια του PSO είναι ότι οι αλλαγές ενός σωματιδίου μέσα στο σμήνος επηρεάζονται από την εμπειρία και τις γνώσεις των γειτονικών του σωματιδίων, και ως εκ τούτου ο αλγόριθμος βελτιστοποίησης σμήνους σωματιδίων μπορεί να θεωρηθεί ως ένας συνεργατικός αλγόριθμος [37]. Το ότι υπάρχει ισορροπία ανάμεσα στην ολική και στην τοπική αναζήτηση καθόλη τη διάρκεια της πορείας κάνει τον PSO να είναι ένας επιτυχημένος αλγόριθμος βελτιστοποίησης.

Λίγο χρόνια πιο πίσω, ο PSO έχει εφαρμοστεί με επιτυχία σε πολλές ερευνητικές περιοχές. Έχει αποδειχθεί ότι φέρνει καλύτερα αποτελέσματα και πιο γρήγορα σε σχέση με άλλες μεθόδους. Ως εκ τούτου το 2008, προτάθηκε ένας βελτιωμένος BFOA, με όνομα **BF-PSO** [13]. Ο BF-PSO δανείστηκε τις ιδέες της ενημέρωσης ταχύτητας από τον PSO, τις κατευθύνσεις αναζήτησης καθοριζόμενες από την περιστροφή των βακτηρίων που ήταν προσανατολισμένο από τις καλύτερες θέσεις των μεμονωμένων ατόμων και την ολικά καλύτερη θέση.

Οι σκοποί ήταν να κάνουμε χρήση της ικανότητας του PSO ν' ανταλλάσει «κοινωνικές» πληροφορίες και της ικανότητας του BFOA να βρίσκει μια νέα λύση με εξάλειψη και διασπορά. Στον BFOA το μοναδιαίο μήκος κατεύθυνσης της περιστροφικής συμπεριφοράς γεννιέται τυχαία. Η τυχαία όμως κατεύθυνση μπορεί να οδηγήσει σε καθυστέρηση στην αναζήτηση ολικής λύσης. Στον BF-PSO, η μοναδιαίου μήκους τυχαία κατεύθυνση της περιστροφικής συμπεριφοράς μπορεί να αποφασιστεί από την ολικά καλύτερη θέση και την καλύτερη θέση κάθε βακτηρίου.

Προκειμένου να εξεταστούν οι αποδόσεις τους, οι BF-PSO και BFOA, εξερευνήθηκαν 23 συναρτήσεις αναφοράς [28]. Από τα αποτελέσματα της προσομοίωσης, φάνηκε ότι αυτή η μέθοδος της αναζήτησης διευθύνσεων μετά από περιστροφή, καθοδηγούμενη από μια PSO στρατηγική βελτίωσε για τα βακτήρια σημαντικά την απόδοση βελτιστοποίησης του BFOA. Αποδείχθηκε έτσι η ορθότητα και η πρακτικότητα του αλγόριθμου BF-PSO.

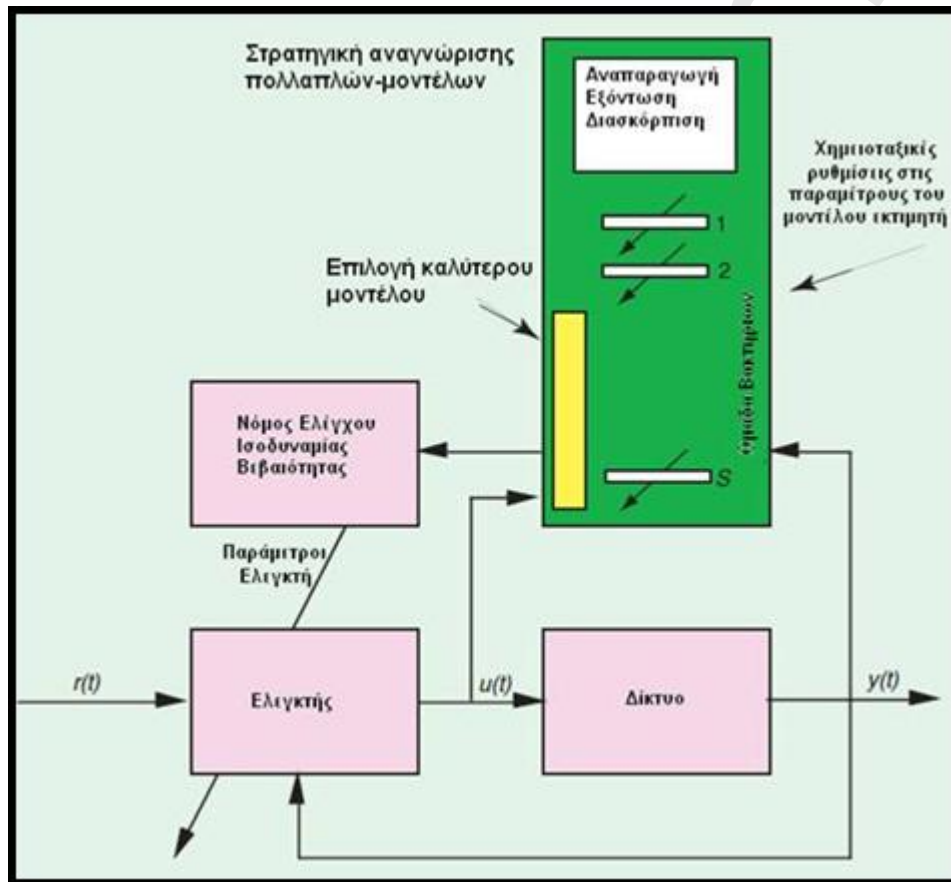
Ο κατάλογος των προτεινόμενων παραλλαγών του κλασικού BFOA μοιάζει αρκετά πλούσιος, αλλά θα αναφέρουμε τελευταίο τον δυναμικό αλγόριθμο βακτηριακής αναζήτησης τροφής (DBFA) [17], που στοχεύει στη βελτιστοποίηση σε δυναμικά περιβάλλοντα. Ο DBFA υιοθετεί ένα σχήμα επιλογής το οποίο επιτρέπει στα βακτήρια να προσαρμοστούν με ευελιξία στις περιβαλλοντικές αλλαγές. Συγκριτικά με τον BFOA, ο DBFA είναι ικανός να παρέχει ικανοποιητικότερες επιδόσεις και μπορεί να αντιδρά εγκαίρως στην πλειοψηφία των περιβαλλοντικών αλλαγών.



## 5. ΕΦΑΡΜΟΓΕΣ ΤΟΥ ΒΦΟΑ

Οι πιθανές χρήσεις των αλγορίθμων αναζήτησης τροφής είναι πρακτικά αδύνατο να εξαντληθούν μόνο στο πεδίο του ελέγχου. Σ' αυτό το κεφάλαιο αναδεικνύουμε μερικές εφαρμογές των αλγορίθμων μίμησης βιολογικών αναλόγων αναζήτησης τροφής ώστε να δώσουμε μια αίσθηση του δυναμικού τους. Ακόμα και από αυτήν την σύντομη εισαγωγή είναι τουλάχιστον προφανές ότι υπάρχουν εφαρμογές της μεθόδου στην ελαχιστοποίηση, στον βέλτιστο έλεγχο, στον έλεγχο πρόβλεψης μοντέλου, στην δυναμική και προσαρμόσιμη εκτίμηση και έλεγχο και στα συστήματα σχεδίασης με την βοήθεια υπολογιστή (CAD).

### 5.1 Έλεγχος της στάθμης δεξαμενής πλήρωσης



Εικόνα 17 Ομαδική βελτιστοποίηση στον προσαρμοστικό έλεγχο  $r(t)$  αναφορά επιθυμητής εξόδου

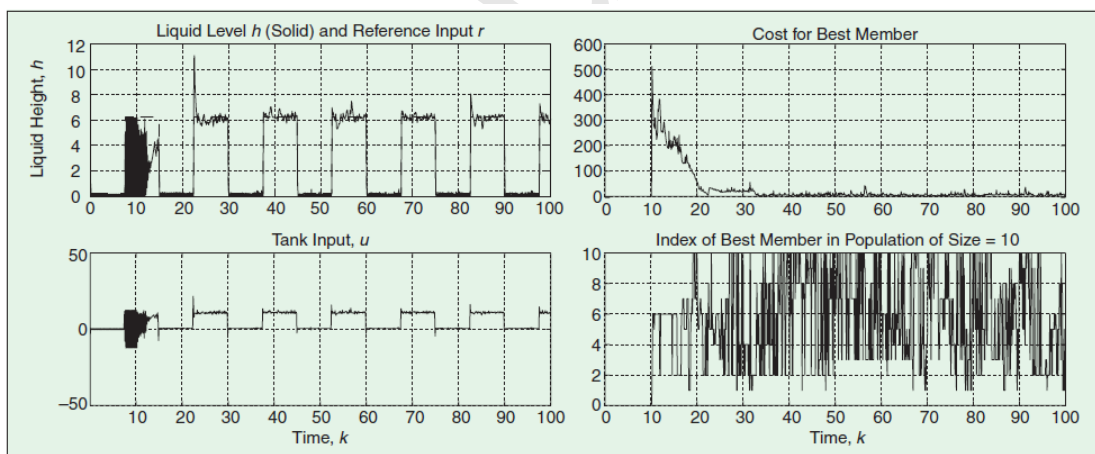
Ας θεωρήσουμε ένα πρόβλημα ελέγχου μια δεξαμενής πλήρωσης υγρού όπου χρησιμοποιούμε μια έκδοση του μοντέλου:

$$\frac{dh(t)}{dt} = \frac{-\bar{d}\sqrt{2gh(t)}}{A(h(t))} + \frac{\bar{c}}{A(h(t))}u(t),$$

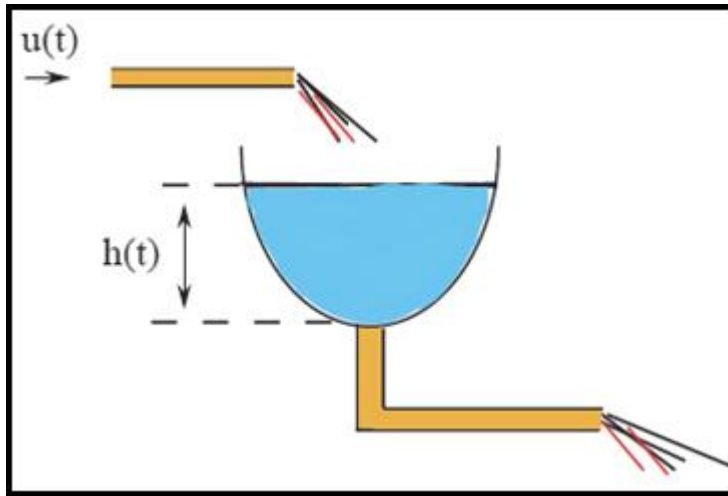
Όπου  $h(t)$  είναι το επίπεδο υγρού (με κορεσμό ώστε να μην μπορεί να πάει κάτω από το μηδέν),  $u(t)$  είναι η είσοδος, επίσης κορεσμένη, τα  $\bar{d}, \bar{c}$  είναι οι σταθερές και

$A(h(t)) = |\bar{a}h(t) + \bar{b}|$ , με  $\bar{a}, \bar{b}$  επίσης σταθερές, είναι η γνωστή ενδιάμεση περιοχή (που δημιουργεί την ανάγκη της εκτίμησης της δυναμικής απόκρισης του δικτύου για αντιστάθμιση). Θεωρούμε ότι κάθε μοντέλο εκτίμησης είναι γραμμικό με την προσθήκη μιας σταθεράς για να αντισταθμίσει τις μη γραμμικότητες του δικτύου. Οι παράμετροι του μοντέλου εκτιμητή αντιπροσωπεύουν την θέση των βακτηρίων. Επιλέγουμε πλήθος  $S=10$  βακτήρια. Η συνάρτηση κόστους για κάθε βακτήριο αντιπροσωπεύει το προφίλ των θρεπτικών συστατικών και ορίζεται ως το άθροισμα των τετραγώνων των  $N=100$  τελευταίων λαθών  $e(t)$  για κάθε μοντέλο εκτιμητή. Για την ρύθμιση των παραμέτρων χρησιμοποιήθηκε μια έναν αλγόριθμο αναζήτησης που βασίζεται στην συμπεριφορά του βακτηρίου E.Coli όπως ορίστηκε στα προηγούμενα χωρίς επικοινωνία μεταξύ των βακτηριδίων. Εναλλάσσουμε τις κινήσεις στο χώρο παραμέτρων και τις ενημερώσεις του μοντέλου εκτίμησης με χημειοταξικά βήματα όπως γίνεται σε πολλούς προσαρμοστικούς αλγόριθμους για συστήματα διακριτού χρόνου. Η απόκριση και το καλύτερο κόστος του κάθε βακτηρίου φαίνονται στην Εικόνα 18, όπου παρατηρούμε ότι απαιτείται ένα χρονικό διάστημα έως ότου ο ελεγκτής να προσαρμοστεί αλλά όσο ο δείκτης του κόστους μειώνεται με το χρόνο (υποδεικνύοντας ότι τουλάχιστον το «καλύτερο» βακτήριο βρήκε κάποια θρεπτικά στοιχεία) το σφάλμα μειώνεται, επίσης υπάρχει μεγάλη εναλλαγή μεταξύ των βακτηριδίων που έχουν βρει το καλύτερο μοντέλο.

Παρότι η προσέγγιση αυτή είναι υποσχόμενη προκύπτουν τα ακόλουθα ερωτήματα: Πόσο καλά μπορεί αυτή η μέθοδος να ανταποκριθεί συγκρινόμενη με τις κλασσικές προσεγγίσεις του προσαρμοστικού ελέγχου; Για παράδειγμα θα παίρναμε καλύτερα αποτελέσματα με άλλες μεθόδους ή προσαρμόζοντας αυτήν καλύτερα; Ποια προσέγγιση είναι πιο εύκολο να αναπτυχθεί και να επιτύχει καλύτερη επίδοση; Ποια μέθοδος έχει μεγαλύτερο υπολογιστικό κόστος; Μπορούμε να αποδείξουμε μαθηματικά ότι ο αλγόριθμος θα συγκλίνει; Ποια ομάδα προβλημάτων είναι ιδιαίτερα κατάλληλα για την εφαρμογή τέτοιων μεθόδων; Θα ήταν πέραν των σκοπών της παρούσας εργασίας να επεκταθούμε σε αυτές τις απαντήσεις.



Εικόνα 18 Απόκριση κλειστού βρόγχου για προσαρμοστικό ελεγκτή



## 5.2 Καθοδήγηση Αυτόνομων οχημάτων

Η «μέθοδος τεχνητού πιθανού πεδίου» στην καθοδήγηση αυτόνομων οχημάτων φέρει μερικές ομοιότητες με τους αλγόριθμους αναζήτησης τροφής στα βακτήρια. Υπάρχουν αναλογίες ανάμεσα στην αναζήτηση τροφής και στο συνεργατικό έλεγχο των ομάδων των μη επανδρωμένων αυτόνομων οχημάτων (**uninhabited autonomous vehicles (UAVs)**) που χρησιμοποιούνται σε στρατιωτικές ή σε εμπορικές εφαρμογές:

- i) Ζώα, οργανισμοί = UAVs
- ii) Κοινωνικοί κυνηγοί = ομάδες από συνεργαζόμενα UAVs που μπορούν να επικοινωνούν μεταξύ τους
- iii) θήραμα, θρεπτικά συστατικά = στόχοι
- iv) απειλές, εχθρικά περιβάλλοντα = απειλές
- v) Περιβάλλον = πεδίο δράσης (μάχης)

Είναι αυτές οι αναλογίες χρήσιμες; Η βιομίμηση της κοινωνικής αναζήτησης τροφής των μυρμηγκιών έχει προσφέρει μερικές γενικές ιδέες για προβλήματα στα UAV [25]. Ποιες κατευθύνσεις μελλοντικής έρευνας προτείνει αυτό το άρθρο προς αυτή την κατεύθυνση; Μερικές είναι ως ακολούθως:

Αφενός, το εργαλείο για περαιτέρω ανάπτυξη της μεταφοράς «κοινωνικής» θήρευσης χρειάζεται περισσότερη μελέτη. Για παράδειγμα, τα βακτήρια έχουν μεθόδους συνεργατικού ελέγχου ώστε να αποτελέσουν αποτελεσματικές τακτικές για στρατιωτικές εφαρμογές. Μπορούν να το κάνουν άλλα ζώα με κοινωνική αναζήτηση τροφής; Για παράδειγμα, αυτοί που λειτουργούν με ανάλογη «φυσιολογία» όπως ένα UAV και σε ένα παρόμοιο περιβάλλον με αυτό του ζώου και μπορεί να βελτιστοποιηθεί μέσω της εξέλιξης. Πρέπει να καταλάβουμε τις κοινωνικές στρατηγικές αναζήτησης τροφής μερικών οργανισμών, γιατί είναι καλές για το περιβάλλον που ζουν, και μετά να επιδιώξουμε να αναπτύξουμε ανάλογες υλοποιήσιμες στρατηγικές για τις ομάδες των UAVs.

Αφετέρου, θα ήταν ενδιαφέρον να χαρακτηρίζαμε τα φυσιολογικά και περιβαλλοντικά χαρακτηριστικά που οδήγησαν την εξέλιξη να «σχεδιάσει» μια ειδική στρατηγική αναζήτησης τροφής και να τη βελτιστοποιήσει. Αυτό θα μας βοηθούσε να καταλάβουμε πως οι κατασκευές οχημάτων επηρεάζουν τη σχεδίαση και τη λειτουργία της συνεργατικής στρατηγικής. Ίσως θα συνιστούσε ιδέες για το πώς θα βελτιστοποιηθεί ο σχεδιασμός των στρατηγικών συνεργατικού ελέγχου για τα UAVs.

Οι στρατηγικές πολέμου (αναζήτησης τροφής) που χρησιμοποιούνται από πολλά ζώα έχουν βελτιστοποιηθεί δια μέσου της εξέλιξης για εκατομμύρια χρόνια• φαίνεται λογικό ότι ίσως συνιστώνται μερικές νεωτεριστικές προσεγγίσεις στη σχεδίαση των στρατηγικών καθοδήγησης των UAVs. Μπορούμε να βρούμε τεχνολογικές εφαρμογές που απαιτούν λειτουργικότητα, παρόμοια με αυτή που η εξέλιξη έχει ρυθμίσει άψογα για έναν οργανισμό.

### 5.3 Βιομίμηση της αναζήτησης τροφής για έλεγχο, κατευθύνσεις και προκλήσεις για περαιτέρω μελέτη

Εκτός από τις προαναφερόμενες δύο εφαρμογές, ο BFOA διακρίνεται από μια ποικιλία κατευθύνσεων στο πεδίο της αξιοποίησης των χαρακτηριστικών του σε πολλούς τομείς, στους οποίους αναφερόμαστε επιγραμματικά, (καθώς εντάσσονται σε εξειδικευμένα πεδία που υπερβαίνουν την πρώτη προσέγγιση που επιχειρούμε εδώ) με ταυτόχρονη παράθεση σημαντικών άρθρων για πιθανή περαιτέρω διερεύνηση :

1. Μια εφαρμογή που προτάθηκε από την ανάπτυξη του BFOA είναι και ένα προσαρμοστικό μοντέλο για μακροπρόθεσμες και βραχυπρόθεσμες προβλέψεις των χρηματιστηριακών δεικτών <sup>7</sup>
2. Βελτιστοποίηση απώλειας ισχύος και τα όρια της σταθερότητας τάσης σε συστήματα ισχύος είναι μια συνηθισμένη περίπτωση σε εφαρμογές μηχανικής. <sup>8</sup>
3. Ο BFOA έχει επίσης χρησιμοποιηθεί για να εκπαιδεύσει Νευρωνικά δίκτυα. <sup>9</sup>
4. Τέλος, στο χώρο των PID, (Αναλογικός – Ολοκληρωτικός – Διαφορικός ελεγκτής εφαρμογών), δηλαδή συστημάτων αυτόματου ελέγχου, προτάθηκε μια έξυπνη μέθοδος ρύθμισης του ελεγκτή PID βασισμένη στο BFOA. Αν συγκρίναμε τους PID ελεγκτές που βασίζονται σε γενετικούς αλγόριθμους, με αυτούς που βασίζονται στον BFOA, οι BF-PID διευθετούν πιο γρήγορα το χρόνο, με λιγότερο ή καθόλου υπέρβαση και υψηλότερη ισχύ. Στη σχετική αναφορά τα αποτελέσματα της προσομοίωσης δείχνουν ότι η σχεδίαση ενός ασαφούς PID ελεγκτή που βασίστηκε στη χρήση του BFOA έχει πολύ καλή απόδοση <sup>10</sup>

<sup>7</sup> R. Majhi, G. Panda, and G. Sahoo et al. **Stock market prediction of S & P 500 and DJIA using bacterial foraging optimization technique**. In CEC 2007: IEEE Congress on Evolutionary Computation, pages 2569–2575, Singapore, September, 2007. IEEE Press.

<sup>8</sup> S. Mishra and C. N. Bhende. **Bacterial foraging technique-based optimized active power filter for load compensation**. IEEE Transactions on Power Delivery, 22(2): 457–465, Jan, 2007.

<sup>9</sup> Ulagammai, L., Vankatesh, P., Kannan, P.S., Padhy, N.P.: **Application of Bacteria Foraging Technique Trained and Artificial and Wavelet Neural Networks in Load Forecasting**. Neurocomputing, 2659–2667 (2007)

<sup>10</sup> D. H. Kim and J. H. Cho. **Adaptive tuning of PID controller for multivariable system using bacterial foraging based optimization**. In AWIC 2005: Advances in Web Intelligence Third International Atlantic Web Intelligence Conference, volume 3528 of Lecture Notes in Computer Science, pages 231–235, Lodz, Poland, June, 2005. Springer-Verlag

## 6. ΠΕΙΡΑΜΑΤΙΚΑ ΔΕΔΟΜΕΝΑ ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗΣ ΒΦΟΑ

### 6.1 Βελτιστοποίηση Συναρτήσεων -Μέθοδος

Στο κεφάλαιο αυτό χρησιμοποιούμε τον αλγόριθμο ΒΦΟΑ για να προσπαθήσουμε να βρούμε τα ελάχιστα (τοπικά ή ολικά) από δώδεκα συναρτήσεις αναφοράς (test functions) και παρουσιάζουμε τα αποτελέσματα. Για την εκτέλεση των πειραματικών μετρήσεων χρησιμοποιήθηκε το λογισμικό MATLAB, όπου και τρέξαμε τον αλγόριθμο 4 φορές για κάθε συνάρτηση αναφοράς, τροποποιώντας τον κάθε φορά κατά μια χαρακτηριστική παράμετρο. Τόσο τα διαγράμματα που παρήχθησαν στο MATLAB όσο και τα αποτελέσματα των στατιστικών συγκρίσεων (t-test με τη χρήση του SPSS) παρατίθενται ανά περίπτωση και συγκεντρωτικά.

Οι συναρτήσεις επιλέχθηκαν με κριτήριο το γεγονός ότι διαθέτουν πολλά ακρότατα (μέγιστα και ελάχιστα), και ορισμένες από αυτές θεωρούνται δύσκολα προβλήματα βελτιστοποίησης. Για λόγους απλοποίησης του προβλήματος βελτιστοποίησης επιλέξαμε  $n = 2$  (πλήθος διαστάσεων χώρου αναζήτησης).

Να αναφέρουμε επίσης ότι στη διαδικτυακή μηχανή αναζήτησης <http://www.wolframalpha.com/> από την εταιρεία που κατασκεύασε το Mathematica, μπορεί κανείς ν' αναζητήσει με ακρίβεια τα μαθηματικά βέλτιστα καθώς και πολλά άλλα στοιχεία για οποιαδήποτε συνάρτηση εισαχθεί. Στην περίπτωση μας οι τιμές αυτές στα ελάχιστα (τοπικά ή ολικά) χρησιμοποιήθηκαν ως τιμές αναφοράς προκειμένου να ελεγχθεί η ποιότητα του αλγόριθμου να εντοπίζει τα αντίστοιχα σημεία.

Οι συναρτήσεις αναφοράς με τα αντίστοιχα ελάχιστα είναι οι ακόλουθες:

$$\begin{aligned}
 \text{P1.} \quad & 5e^{-0,1((x-15)^2+(y-20)^2)} - 2e^{-0,08((x-20)^2+(y-15)^2)} + 3e^{-0,08((x-25)^2+(y-10)^2)} \\
 & + 2e^{-0,1((x-10)^2+(y-10)^2)} - 2e^{-0,5((x-5)^2+(y-10)^2)} - 4^{-0,1((x-15)^2+(y-5)^2)} \\
 & + 2e^{-0,5((x-5)^2+(y-14)^2)} \qquad \qquad \qquad \text{Ολικό στο } f(15,5) = -4
 \end{aligned}$$

$$\text{P2.} \quad f(x, y) = -5e^{-0,1((x-15)^2+(y-20)^2)} \quad (\text{έχει μια κορυφή}) \qquad \text{Ολικό στο } f(15,20) = 5$$

$$\begin{aligned}
 \text{P3.} \quad & J = -5e^{-0,1((x-15)^2+(y-20)^2)} + 2e^{-0,08((x-20)^2+(y-15)^2)} - 3e^{-0,08((x-25)^2+(y-10)^2)} \\
 & (3 \text{ κορυφές}) \text{ Τοπικό ελάχιστο στο: } (14.9718, 20.0282) \text{ ίσο με } -4.96419
 \end{aligned}$$

$$\text{1.} \quad f(x, y) = x^2 + y^2 \quad (\text{De Jong fun 1}) \text{ **Sphere** } \quad \text{Ολικό στο } f(0,0) = 0$$

$$\begin{aligned}
 \text{2.} \quad & f(x, y) = 100(y - x^2)^2 + (1 - x)^2 \quad (\text{De Jong fun 2}) \text{ **Rosenbrock** (banana)} \\
 & \text{Ολικό στο } f(1,1) = 0
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 \text{3.} \quad & f(x, y) = 20 + (x^2 - 10 \cos(2\pi x)) + (y^2 - 10 \cos(2\pi y)) \quad \text{**Rastring** } \quad \text{Ολικό} \\
 & \text{στο } f(0,0) = 0
 \end{aligned}$$

4.  $f(x, y) = \left(\frac{x^2}{10} + \frac{y^2}{10}\right)$  Τοπικό για  $(x, y) = (0, 0) \rightarrow 0$
5.  $f(x, y) = -e^{-x^2-y^2}$  (μια κορυφή) Ολικό στο  $f(0, 0) = -1$
6.  $f(x, y) = xe^{-x^2-y^2}$  (δύο κορυφές) Τοπ. ελάχιστο στο:  $\left(\frac{1}{\sqrt{2}}, 0\right) \rightarrow \frac{1}{\sqrt{2}e} \approx -0,428$
7.  $f(x, y) = (x - y)^2$  Ολικό για  $x=y \rightarrow 0$
8.  $f(x, y) = \sqrt{x^2 + y^2}$  Ολικό για  $(x, y) = (0, 0)$  ίσο με 0
9.  $f(x, y) = \frac{x^2}{4000} + \frac{y^2}{4000} - \cos\left(\frac{x}{\sqrt{1}}\right)\cos\left(\frac{y}{\sqrt{2}}\right) + 1$  **Griewank**  
Τοπικό στο  $(x, y) = (0, 0) \rightarrow 0$

## 6.2 Παραδοχές (Παράμετροι μετρήσεων)

Σύμφωνα με τις κατευθυντήριες γραμμές του ορισμού του αλγόριθμου BFO, επιλέγουμε τις παραμέτρους:

- $S = 50$  Ο πληθυσμός των βακτηρίων,
- $N_c = 100$  Ο αριθμός των χημειοτακτικών βημάτων (ή διάρκεια ζωής του βακτηρίου),
- $N_s = 4$ , όριο του μήκους της πλεύσης (μια βιολογικά εμπνευσμένη επιλογή),
- $N_{re} = 4$ , αριθμός βημάτων αναπαραγωγής (ή αριθμός από γενιές βακτηρίων)
- $N_{ed} = 2$ , αριθμός γεγονότων εξάλειψης / διασποράς
- $p_{ed} = 0.25$ , πιθανότητα εξάλειψης / διασποράς για ένα βακτήριο
- και  $C(i) = 0.1$ ,  $i=1,2,K,S$ , μέγεθος χημειοτακτικού βήματος

Από τις παραπάνω παραμέτρους που έχει εξηγηθεί εκτενώς η βιολογική τους σπουδαιότητα σε προηγούμενα κεφάλαια, θα αλλάξουμε διαδοχικά 3 βασικές παραμέτρους ( $S=100$ ,  $N_c = 500$ ,  $N_{ed} = 4$ ). Οπότε εκτός από τον κλασικό BFOA, θα εκτελέσουμε τον αλγόριθμο για κάθε μια αλλαγμένη παράμετρο και για τις 12 συναρτήσεις αναφοράς, ώστε να ελέγξουμε η μεταβολή ποιάς παραμέτρου του αλγόριθμου θα βελτίωνε πιθανά τη συμπεριφορά του.

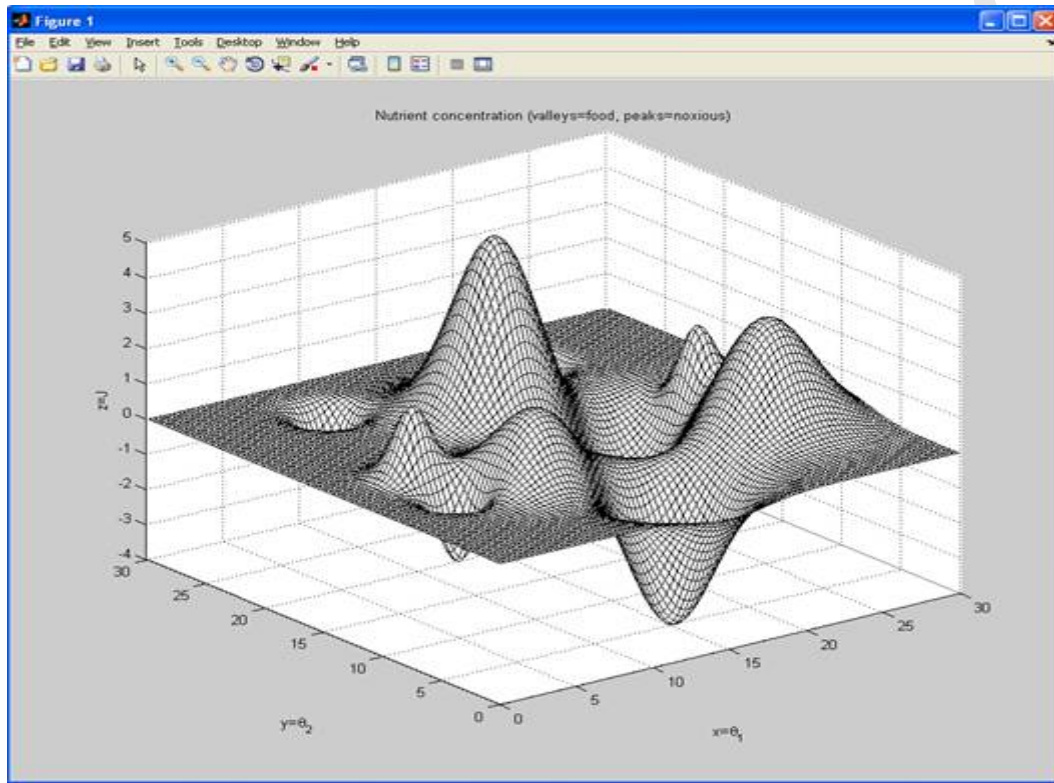
Επειδή επιθυμούμε να ακολουθήσουμε την πλήρη βιολογική περιγραφή της βακτηριακής συμπεριφοράς κατά την αναζήτηση τροφής, οι εκτελέσεις του αλγόριθμου σε όλες τις περιπτώσεις έγιναν λαμβάνοντας υπόψη και το κόστος από την έλξη (ή απώθηση) κυττάρου προς κύτταρο.

Να σημειωθεί πως στη φύση συνήθως το  $S$  είναι μεγάλο, ενώ μεγάλες τιμές του  $N_c$  θα έχουν ως αποτέλεσμα πολλά χημειοτακτικά βήματα, και αναμενόμενα πιο βελτιστοποιημένη πρόοδο αλλά και μεγαλύτερη πολυπλοκότητα υπολογισμού. Εξάλλου, μια χαμηλή τιμή του  $N_{ed}$  υπαγορεύει ότι ο αλγόριθμος δεν θα βασιστεί σε τυχαία γεγονότα μείωσης της διασποράς, στην προσπάθεια να βρεθούν ευνοϊκά περιβάλλοντα. Μια υψηλή τιμή αυξάνει την υπολογιστική πολυπλοκότητα αλλά επιτρέπει στα βακτήρια να αναζητούν περιοχές με καλές συγκεντρώσεις θρεπτικών συστατικών.



## 6.3 Ανάλυση Περιπτώσεων

### 6.3.1 Εκτέλεση BFOA και γραφική απεικόνιση συναρτήσεων



Εικόνα 19 Η γραφική παράσταση της συνάρτησης P1 , όπου οι κοιλάδες απεικονίζουν θρεπτικά συστατικά και οι κορυφές επιβλαβή συστατικά.

Στο πρώτο παράδειγμα της συνάρτησης (P1) μια συνάρτηση με πολλές καμπύλες όπως βλέπουμε, χρησιμοποιούμε τον αλγόριθμο BFO για να προσπαθήσουμε να βρούμε το ελάχιστο της συνάρτησης στην Εικόνα 19 (σημειώστε ότι στο σημείο [15,5] είναι το ολικό ελάχιστο ίσο με -4). Για να αποκτήσουμε καλύτερη αντίληψη στη λειτουργία του αλγόριθμου, εκτελέσαμε το σχετικό κώδικα σε Matlab που προσομοιώνει τον αλγόριθμο BFOA (αποτελεί τροποποίηση του αρχικού υποδείγματος που πρότεινε ο Passino<sup>11</sup>), και που τον παραθέτουμε σε .m-file στο παράρτημα της παρούσας εργασίας.

Οι παράμετροι είναι αυτές που είδαμε στην ενότητα 6.2 , δηλαδή επιλέγουμε  $S = 50$ ,  $N_c = 100$ ,  $N_s = 4$ ,  $N_{re} = 4$ ,  $N_{ed} = 2$ ,  $p_{ed} = 0.25$ , και  $C(i) = 0.1$ ,  $i = 1, 2, K, S$ .

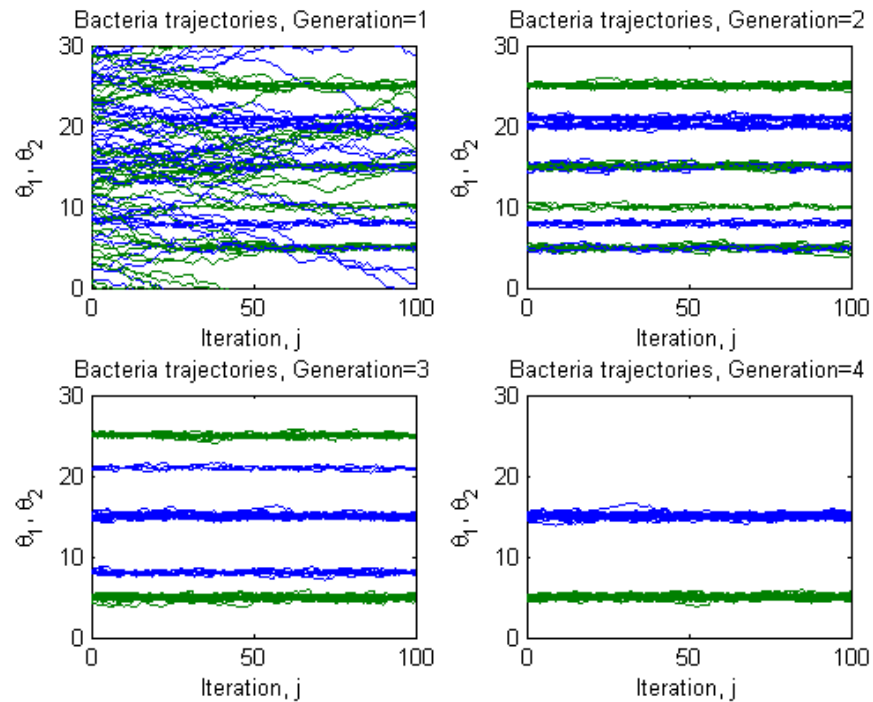
Τα βακτήρια αρχικά διασκορπίστηκαν τυχαία στον προς βελτιστοποίηση χώρο (Εικόνα 19). Τα αποτελέσματα της προσομοίωσης φαίνονται σε κατόψεις της προς βελτιστοποίηση συνάρτησης στην Εικόνα 22. Στην πρώτη γενιά, αρχίζοντας από τις τυχαίες τους θέσεις, τα βακτήρια «έψαξαν» σε πολλά σημεία του χώρου βελτιστοποίησης. Οι χημειοταξικές κινήσεις των βακτηρίων φαίνονται σαν μαύρες τροχιές ενώ φαίνεται πως οι κορυφές αποφεύγονται και ακολουθούνται οι κοιλάδες.

Η αναπαραγωγή επιλέγει τα μισά 25 υγιέστερα βακτήρια και τα αντιγράφει και ως εκ τούτου τα «μητρικά» βακτήρια και τα αντίγραφα επανατοποθετούνται κοντά στα όπως φαίνεται και στην εικόνα Εικόνα 22 , τα βακτήρια κάνουν χημειοτακτικά βήματα και

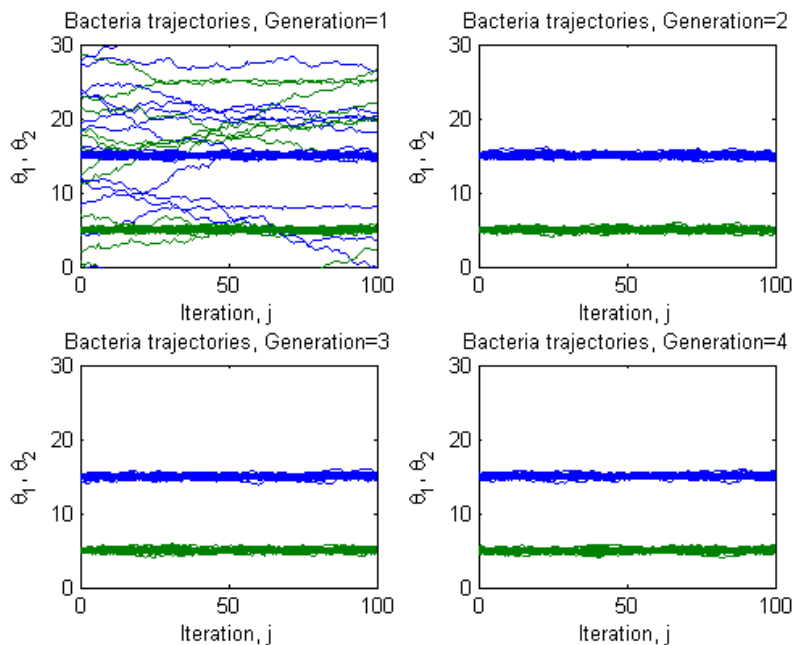
<sup>11</sup> [http://www2.ece.ohio-state.edu/~passino/ICbook/ic\\_code.html](http://www2.ece.ohio-state.edu/~passino/ICbook/ic_code.html)



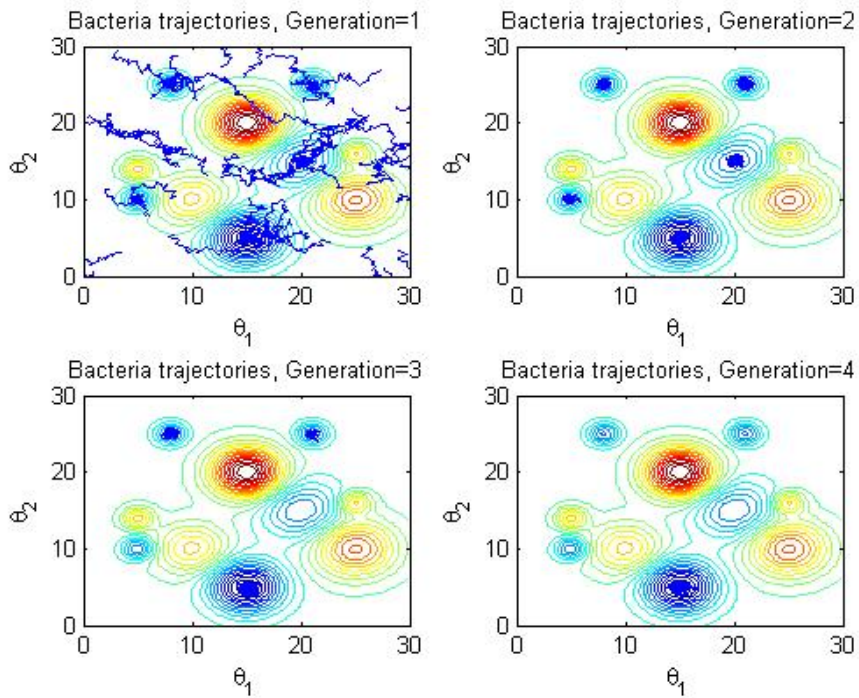
συγκεντρώνονται σε 5 τοπικά ελάχιστα. Αυτό γίνεται ακόμα για τις γενιές 3 και 4 αλλά τα βακτήρια πεθαίνουν σε κάποια από τα τοπικά ελάχιστα, λόγω της απαίτησης μας να παραμείνει σταθερός ο πληθυσμός.



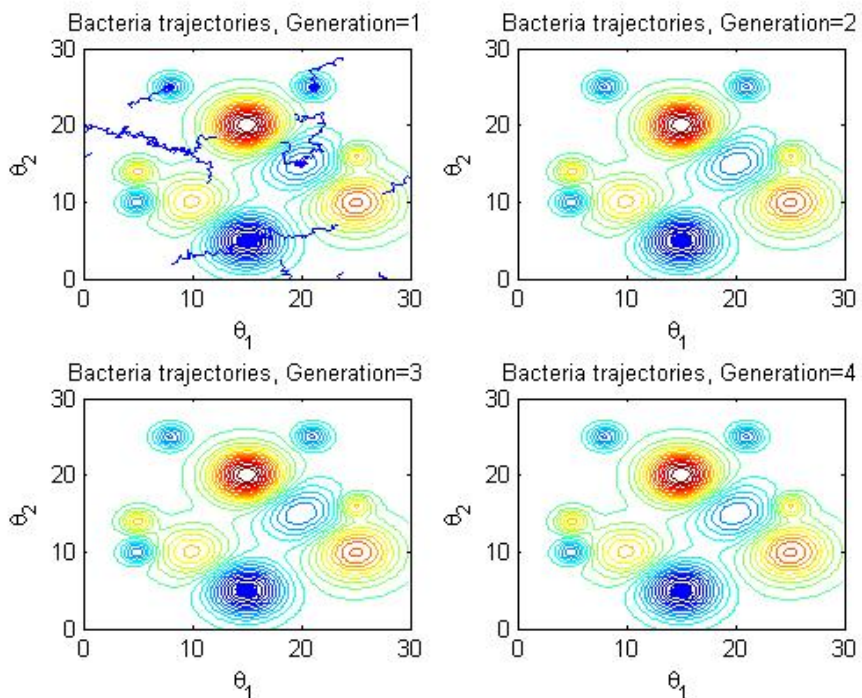
**Εικόνα 20** Τροχιές βακτηρίων, γενιές 1-4 σε διάγραμμα. ( Με μπλε απεικονίζεται η τιμή  $\theta_1 = x \approx 15$  και με πράσινο το  $\theta_2 = y \approx 5$  )



**Εικόνα 21** Τροχιές βακτηρίων, γενιές 1-4 μετά από γεγονός εξάλειψης / διασποράς, σε διάγραμμα



**Εικόνα 22** Τροχιές συνάθροισης βακτηρίων, γενιές 1-4 σε διάγραμμα ισούψων καμπυλών (Οι μπλε κύκλοι αντιστοιχούν σε ελάχιστα, οι κίτρινοι σε μέγιστα)



**Εικόνα 23** Τροχιές συνάθροισης βακτηρίων, γενιές 1-4, μετά από γεγονός εξάλειψης / διασποράς, σε διάγραμμα ισούψων καμπυλών

Έτσι από πέντε ομάδες βακτηρίων στη 2η γενιά καταλήγουμε στην 4η σε μια στο ολικό ελάχιστο.

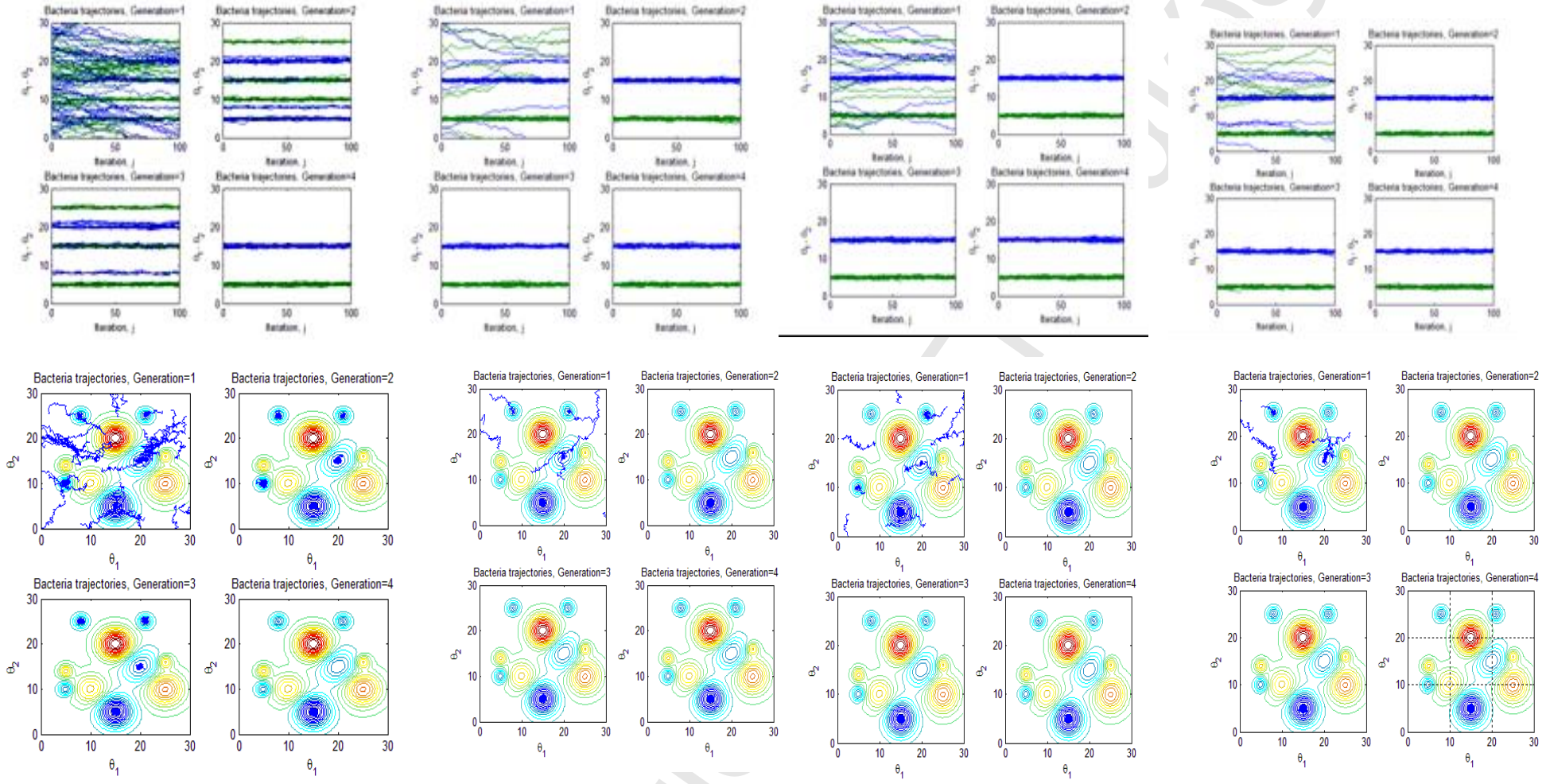
Στην συνέχεια σύμφωνα με τις παραμέτρους μας, ακολουθεί ένα βήμα εξάλειψης και διασποράς και παίρνουμε τις επόμενες 4 γενιές που φαίνονται στην Εικόνα 23 όπου μπορεί να παρατηρηθεί πως το γεγονός εξόντωσης και διασκόρπισης άλλαξε τις θέσεις μερικών βακτηρίων προκειμένου ο αλγόριθμος να εξερευνήσει τις καλύτερες περιοχές του χώρου αναζήτησης.

Παρόλαυτα ποιοτικά έχουμε ένα παρόμοιο μοτίβο με αυτό των προηγούμενων γενεών όπου η χημειοταξία και η αναπαραγωγή δούλεψαν μαζί για να βρουν το ολικό ελάχιστο. Και ο μεγάλος αριθμός βακτηρίων που έχουν τοποθετηθεί κοντά στο ολικό ελάχιστο μετά από ένα αναπαραγωγικό βήμα όλα τα βακτήρια είναι κοντά του και παραμένουν εκεί. Με αυτόν τον τρόπο ο πληθυσμός βακτηρίων έχει βρει το ελάχιστο.

Αξίζει να σημειωθεί ότι στην πρώτη γενιά, τα κύτταρα κολυμπούν ακτινωτά προς τα έξω, και μετά στη δεύτερη και τρίτη γενιά, οι συναθροίσεις σχηματίζονται σε ομάδες ομόκεντρων μοτίβων. Επίσης με την δική μας απλή μέθοδο προσομοίωσης της ευρωστίας και της αναπαραγωγής των βακτηρίων, μερικές από τις συναθροίσεις καταστρέφονται από την 4η γενιά. Λαμβάνουμε υπόψη στις γραφικές παραστάσεις τη συμπεριφορά της δημιουργίας σμήνους, δεδομένου ότι χάρη στη βιομίμηση είναι δεδομένη η έλξη / απώθηση ανάμεσα στα βακτηριακά κύτταρα, έχοντας τη συμμετοχή της στην αναζήτηση ευνοϊκών θρεπτικών συστατικών. **Γενικά τα κύτταρα ανακαλύπτουν τα βέλτιστα στην περιοχή του χώρου αναζήτησης με το να προσπαθούν από τη μια να κινηθούν και από την άλλη να ισορροπήσουν ανάμεσα στην ομαδική και την ατομική αναζήτηση τροφής.**

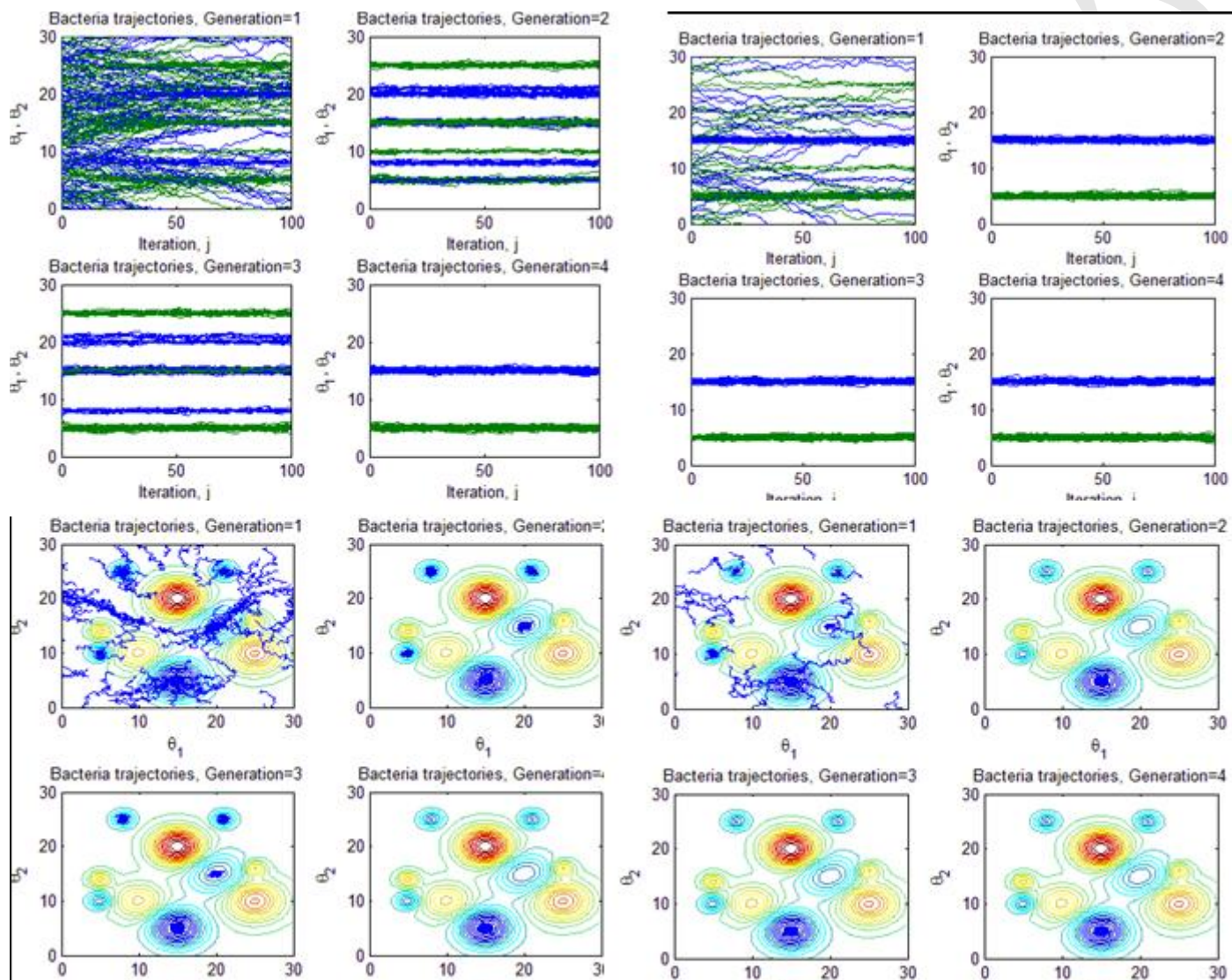
Είναι προφανές ότι στην μοντελοποίηση μας παραλείπουμε πολλά χαρακτηριστικά των βιολογικών και χημικών διεργασιών της βιολογικής αυτής μεθόδου βελτιστοποίησης προς όφελος της απλότητας και χρησιμοποιούμε τα βασικά χαρακτηριστικά της χημειοτακτικής αναρρίχησης λόφων και δημιουργίας ομάδων (βλ. Και ενότητα 3.2).

Ο συγκεκριμένος αλγόριθμος BFO ουσιαστικά από ένα σύνολο πιθανών λύσεων (θέση κάθε βακτηρίου – «πράκτορα») βρίσκει τα ελάχιστα της συνάρτησης, όταν τα βακτήρια στην προσπάθειά τους ν' αποφύγουν τα επιβλαβή περιβάλλοντα προσεγγίζουν το ελάχιστο. Με μπλε γραμμή στις Εικόνα 20 και Εικόνα 21 είναι το  $\theta_1$  (η  $x$ ) και με πράσινη το  $\theta_2$  (η  $y$ ) που προσδιορίζει το ολικό ελάχιστο. Δηλαδή έχουμε ολικό ελάχιστο για  $(\theta_1, \theta_2) = (15, 5)$  ίσο με  $-4$ .

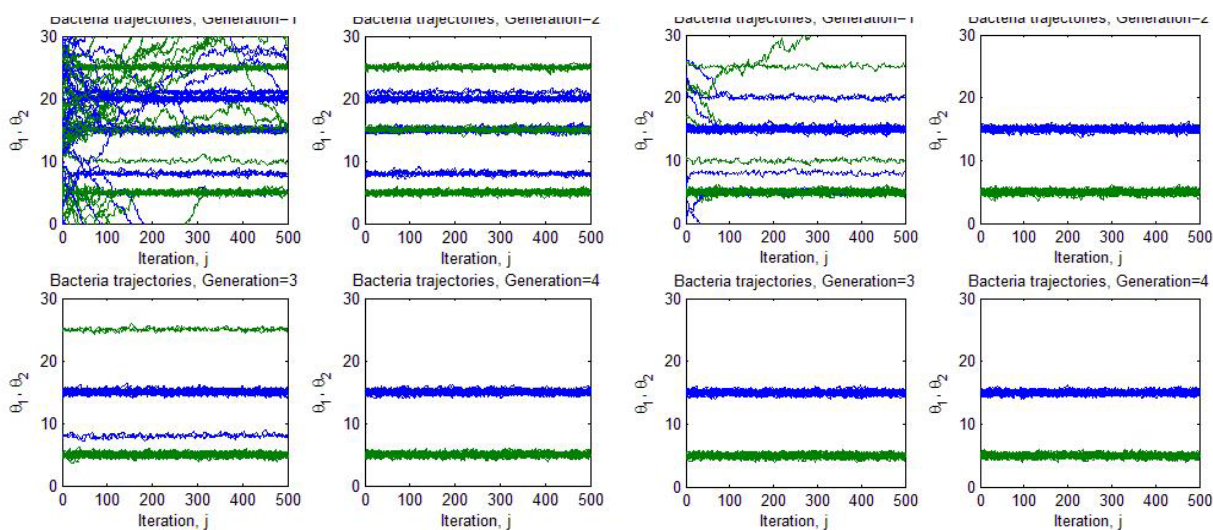


**Εικόνα 24** Τροχιές βακτηρίων μετά από 4 γεγονότα εξάλειψης / διασποράς ( $N_{ed} = 4$ ) Και σε αυτή την περίπτωση είναι εμφανής η συγκέντρωση των βακτηρίων *E. Coli* στο σημείο (15,5) , ενώ είναι αναμενόμενη η αυξημένη υπολογιστική πολυπλοκότητα κατά την εκτέλεση του αλγόριθμου BFO



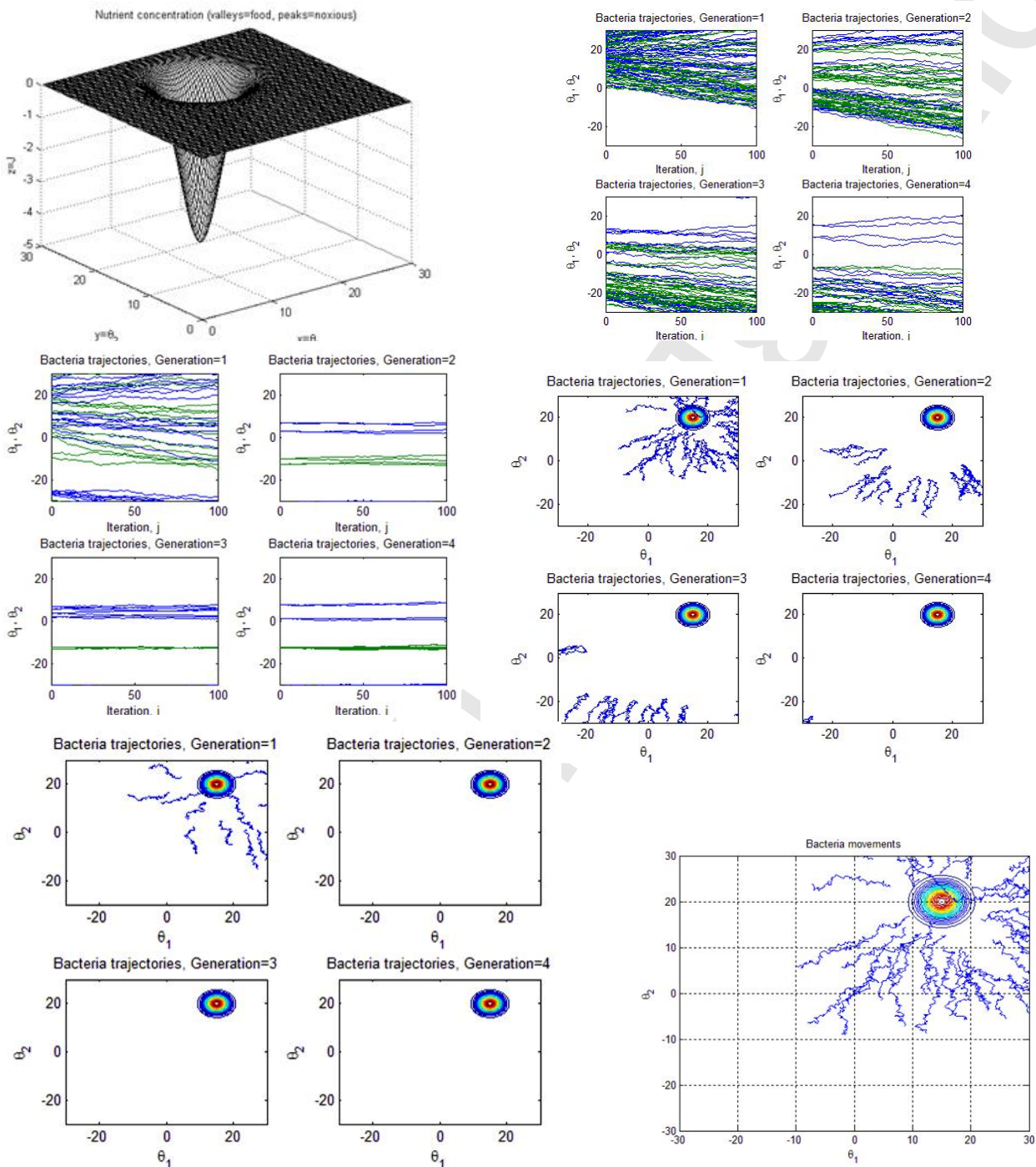


Εικόνα 25 Κινήσεις βακτηρίων για πληθυσμό  $S = 100$ . Παρά το μεγάλο «θόρυβο» κατά τις πρώτες γενιές, τελικά τα υγιέστερα βακτήρια (με μικρότερη στη συνάρτηση κόστους) συγκεντρώνονται στο ελάχιστο (15, 5). Σημαντικό επίσης είναι ότι εξ αρχής έχουμε πολλά βακτήρια κοντά στο ολικό βέλτιστο λόγω μεγάλου  $S$ .



Εικόνα 26 Γράφημα από την εκτέλεση του BFOA για πλήθος χημειοτακτικών βημάτων (iteration,  $j$ )  $Ned = 500$

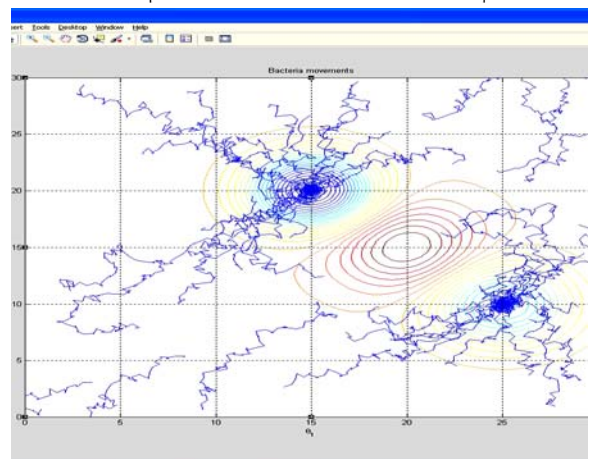
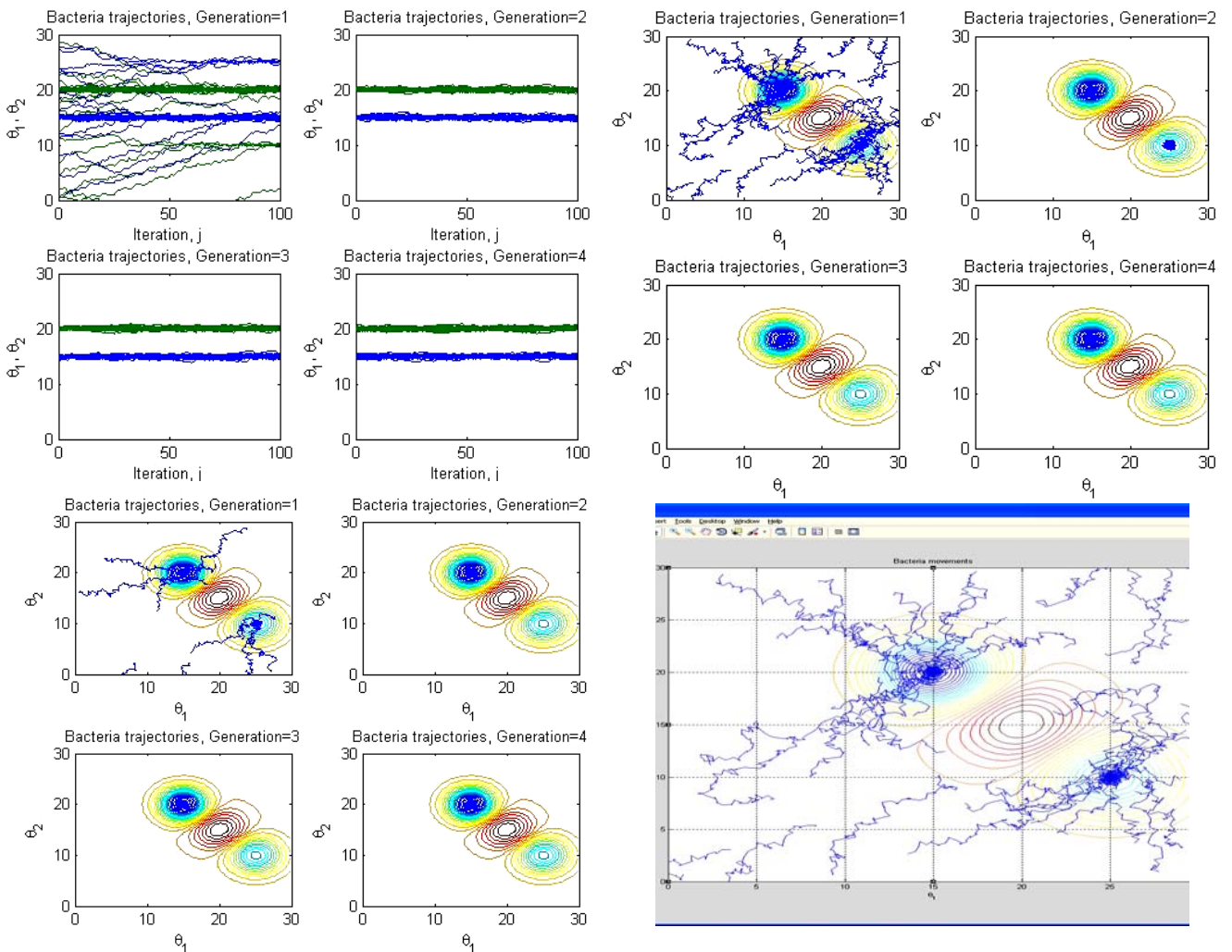
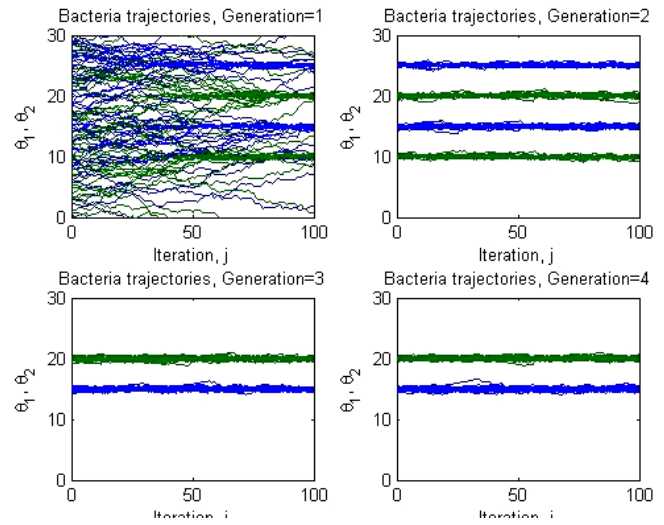
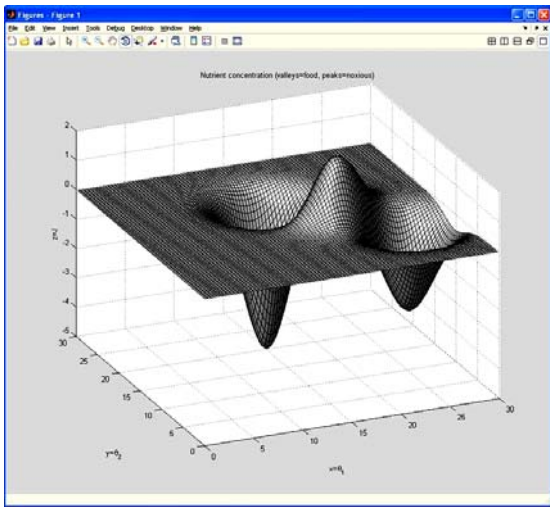
Συνάρτηση P2.



Εικόνα 27 Αποτελέσματα εκτέλεσης του BFOA για τη συνάρτηση  $f(x, y) = -5e^{-0.1((x-15)^2+(y-20)^2)}$  με ολικό ελάχιστο στο (15, 20) ίσο με 5



**Συνάρτηση P3.**



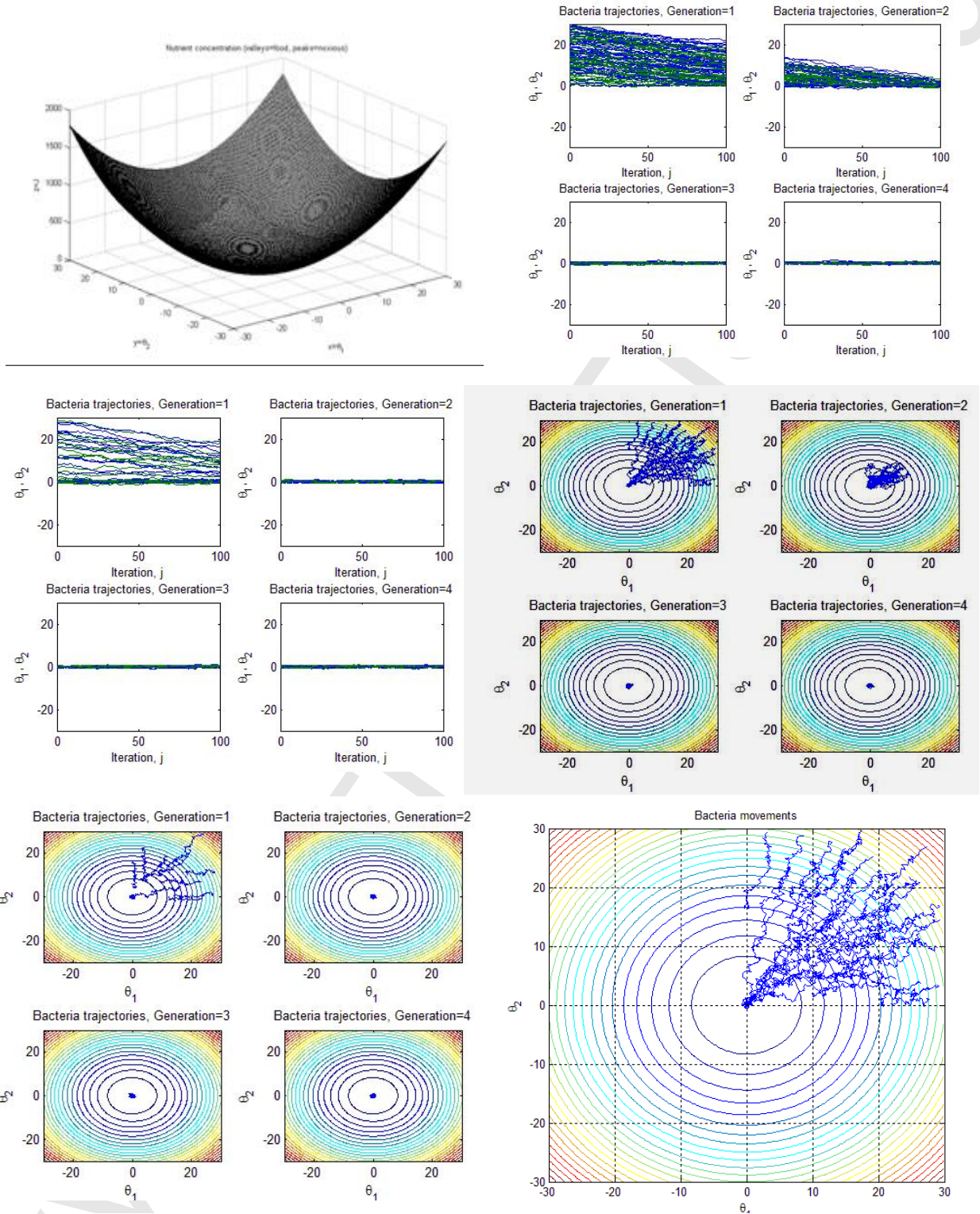
**Εικόνα 28** Αποτελέσματα για τη συνάρτηση:

$$J = -5e^{-0,1((x-15)^2+(y-20)^2)} + 2e^{-0,08((x-20)^2+(y-15)^2)} - 3e^{-0,08((x-25)^2+(y-10)^2)}$$

**(14.9718, 20.0282) ίσο με -4.96419**

**με ΤΟΠΙΚΟ ΕΛΑΧΙΣΤΟ ΣΤΟ**

**Συνάρτηση 1.**

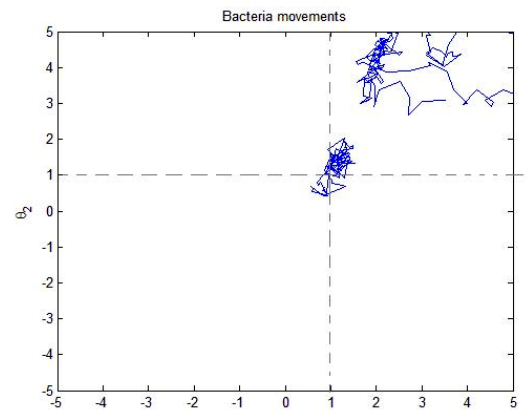
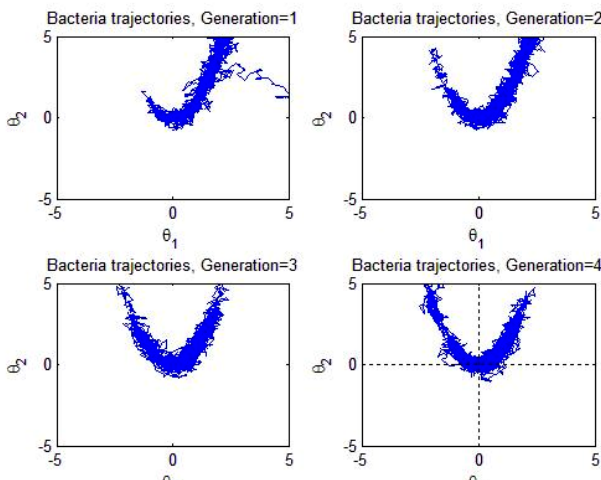
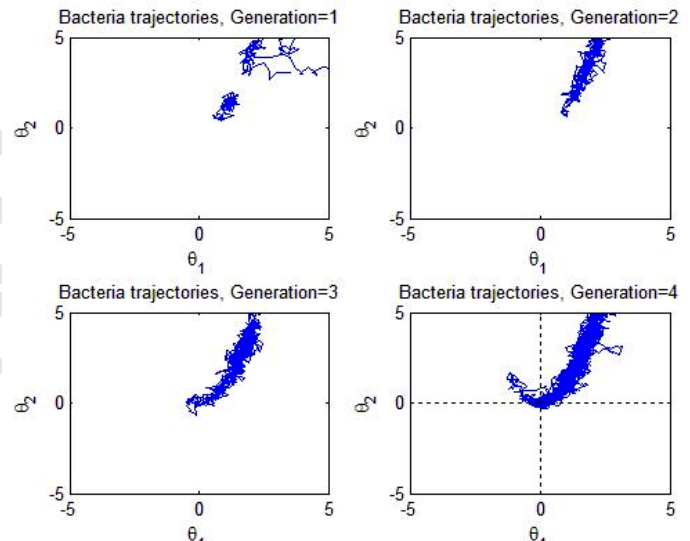
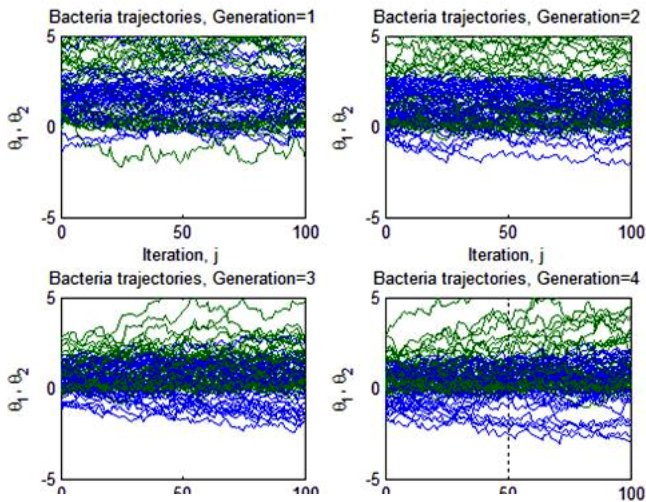
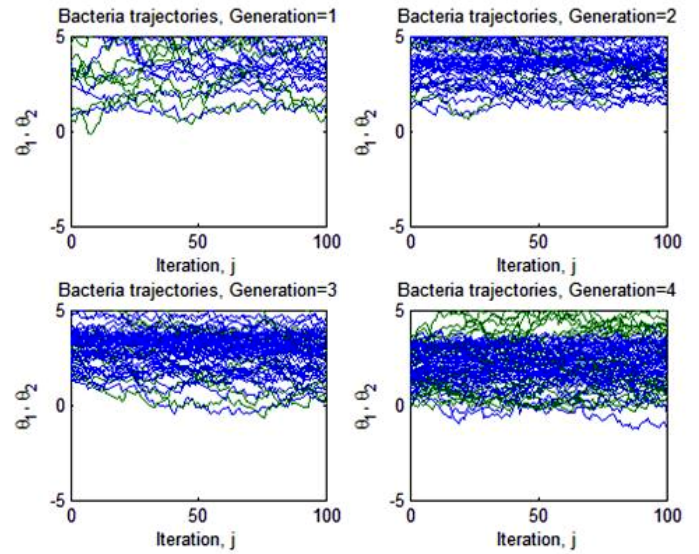
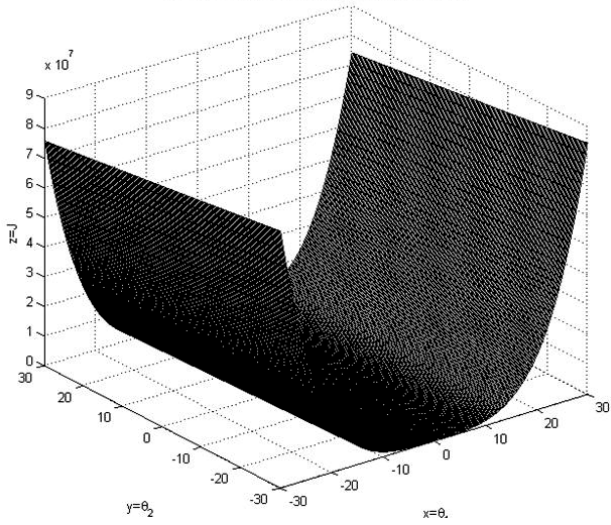


**Εικόνα 29** Τροχιές βακτηρίων για τη κατά την εκτέλεση του BFOA για τη συνάρτηση  $f(x, y) = x^2 + y^2$  (De Jong 1) ή Sphere . Ολικό ελάχιστο  $f(0,0) = 0$



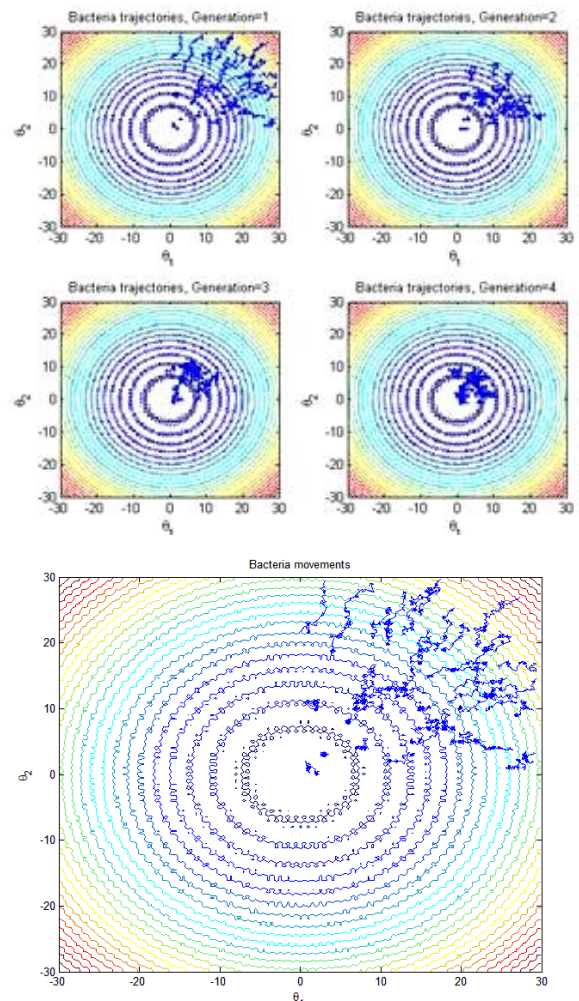
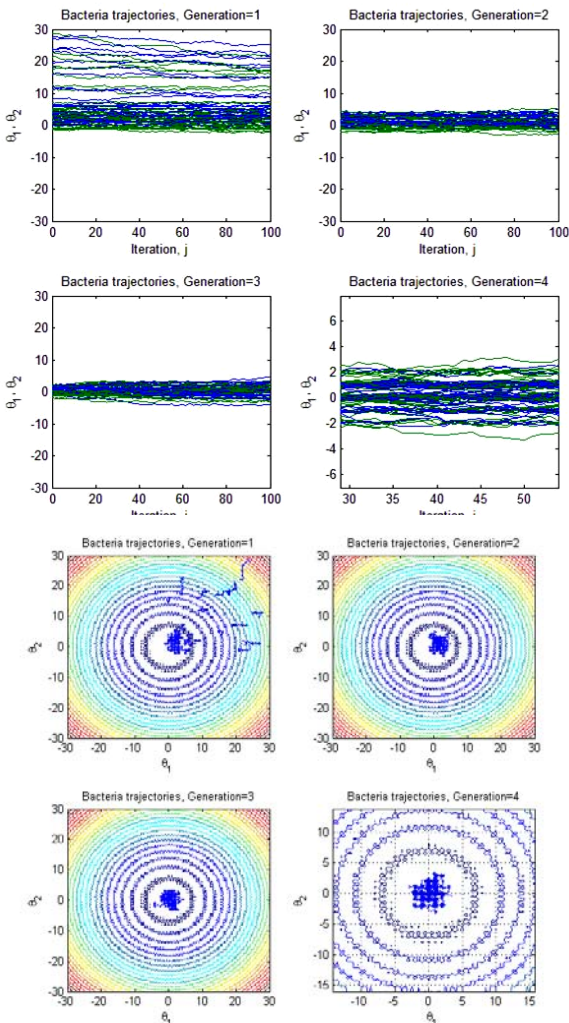
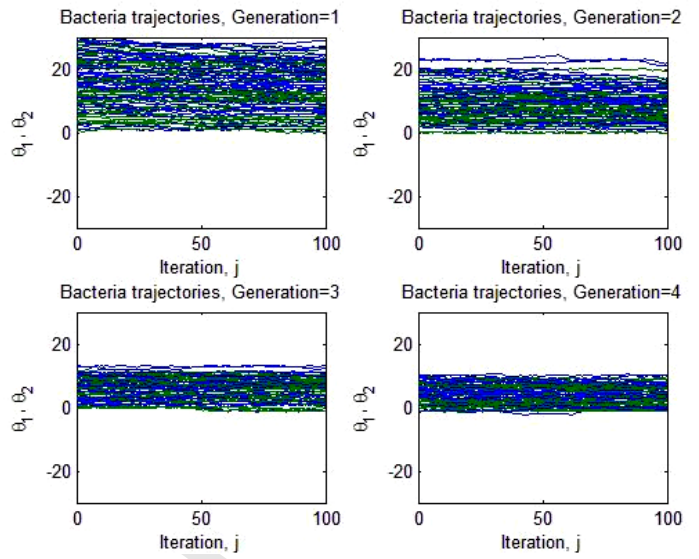
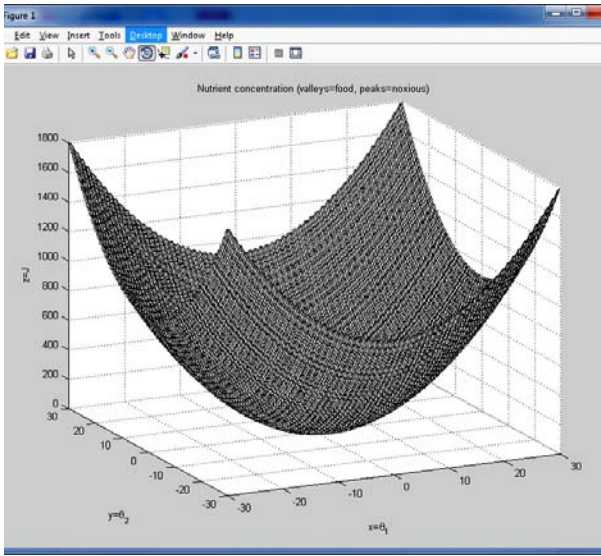
**Συνάρτηση 2.**

Nutrient concentration (valleys=food, peaks=noxious)



**Εικόνα 30. Τροχιές βακτηρίων για τη κατά την εκτέλεση του BFOA για τη συνάρτηση  $f(x, y) = 100(y - x^2)^2 + (1 - x)^2$  (De Jong fun 2) Rosenbrock (banana) Ολικό ελάχιστο στο  $f(1,1) = 0$**

Συνάρτηση 3.

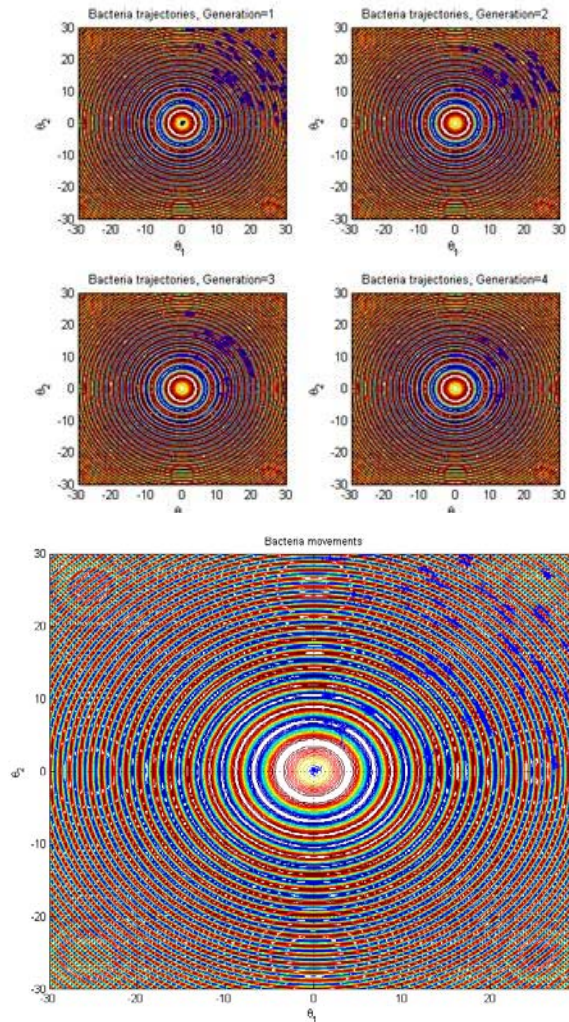
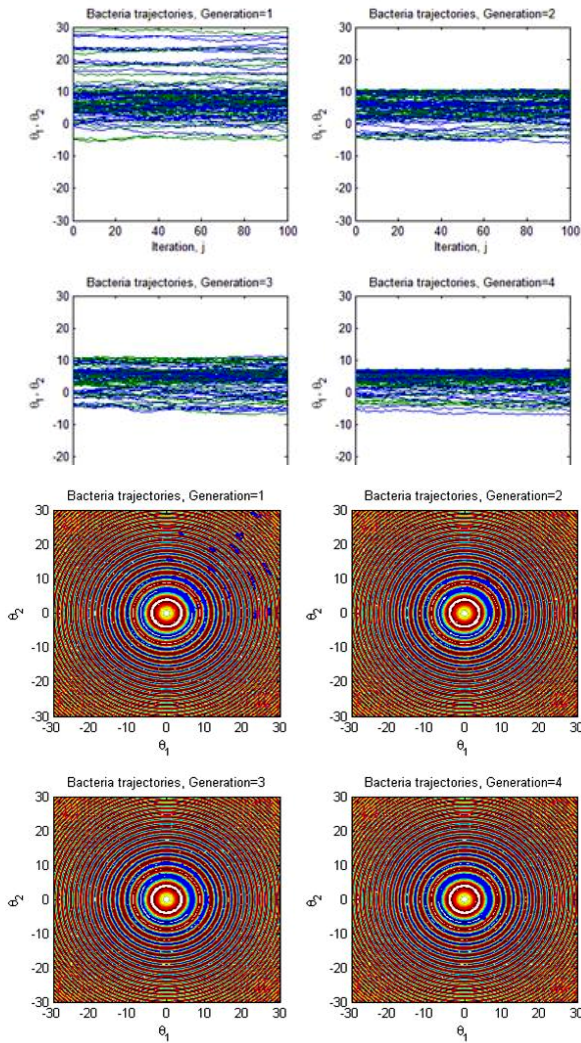
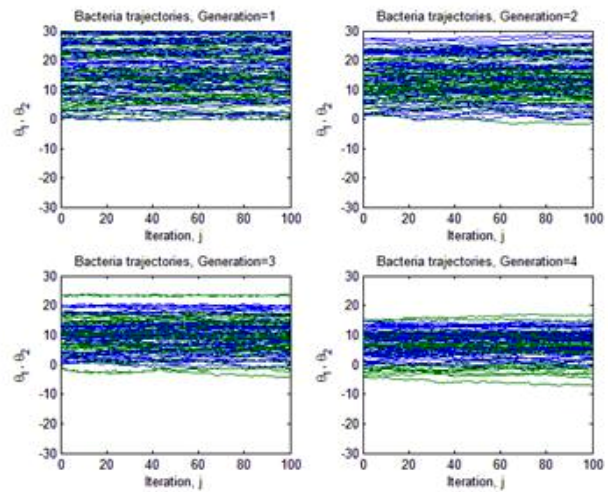
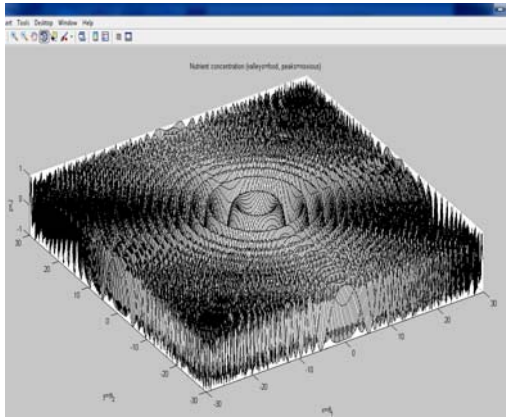


Εικόνα 31 Αποτελέσματα για τη συνάρτηση  $f(x, y) = 20 + (x^2 - 10\cos(2\pi x)) + (y^2 - 10\cos(2\pi y))$  (Rastring) με ολικό ελάχιστο στο  $f(0,0) = 0$

Βιομίμηση της αναζήτησης τροφής από το βακτήριο Escherichia Coli και εφαρμογές βελτιστοποίησης



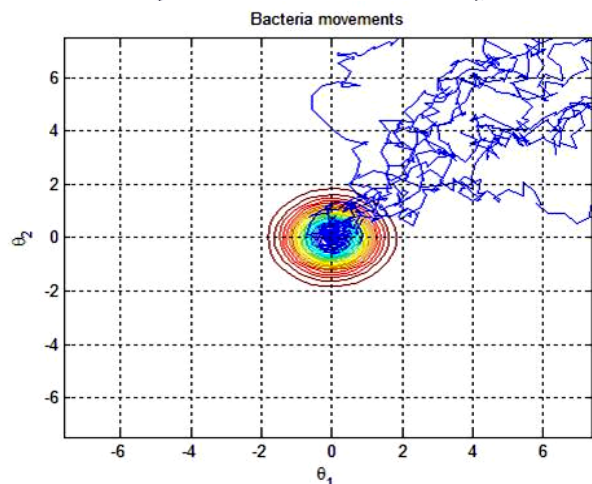
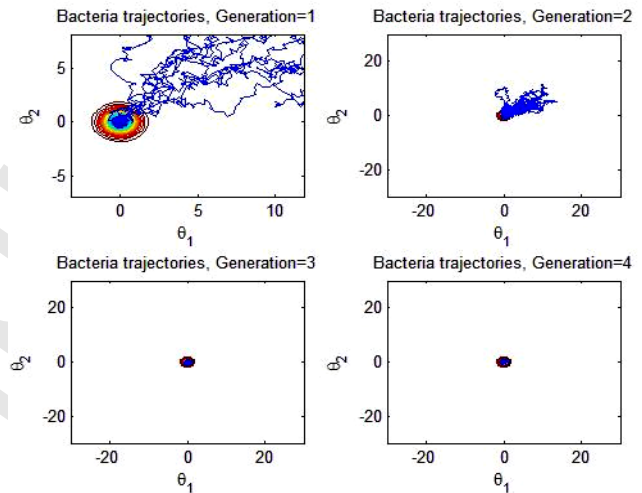
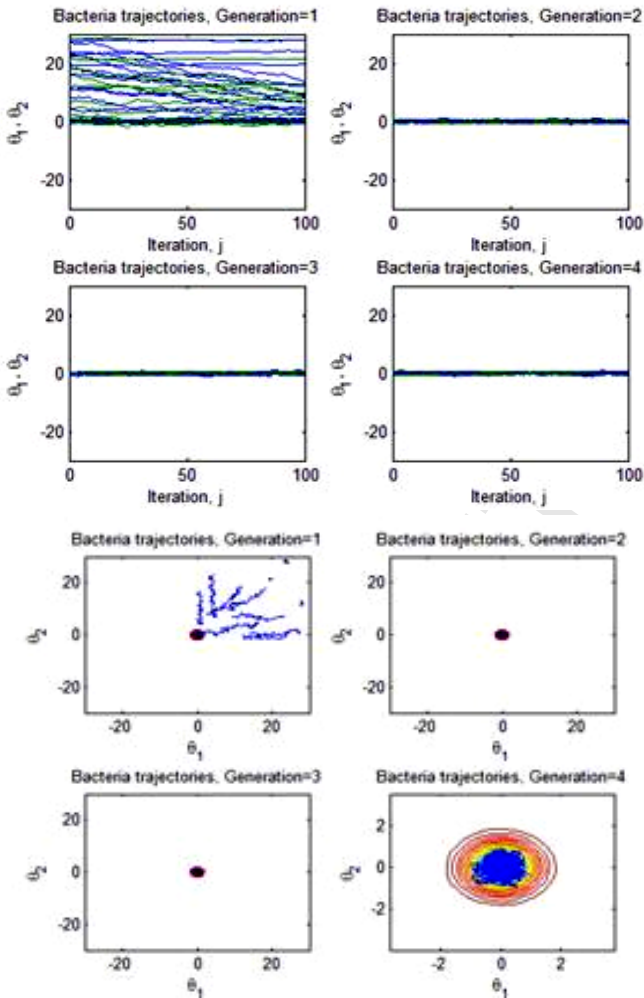
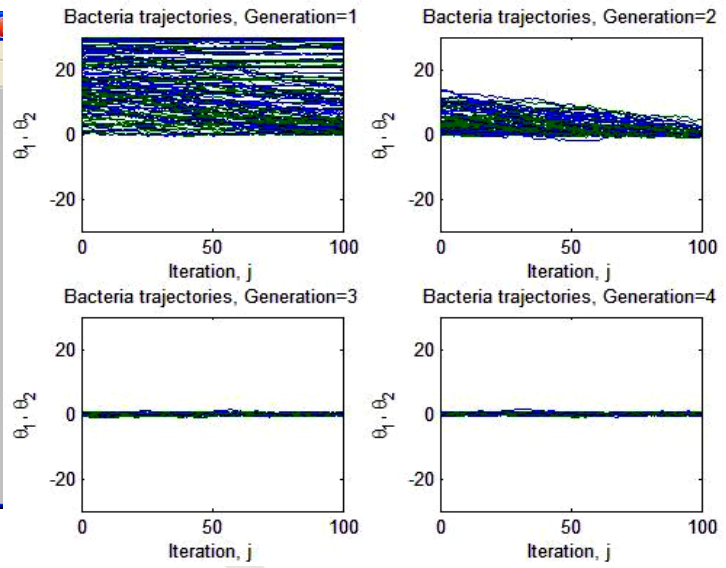
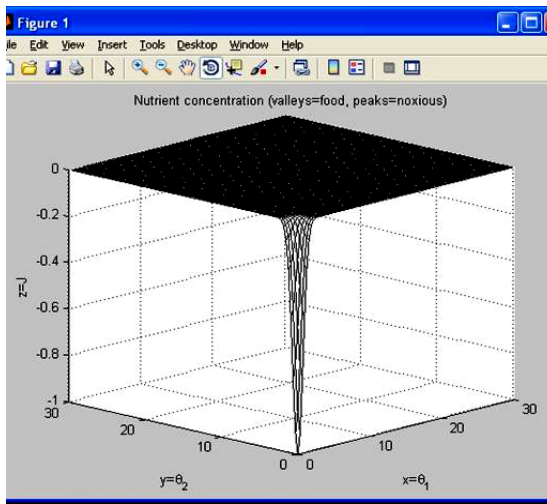
Συνάρτηση 4.



Εικόνα 32 Τροχιές των βακτηρίων κατά την εκτέλεση του BFOA για τη βελτιστοποίηση της

$$f(x, y) = \left( \frac{x^2}{10} + \frac{y^2}{10} \right), \text{ με τοπικό ελάχιστο στο } (0, 0) \text{ ίσο με } 0.$$

Συνάρτηση 5

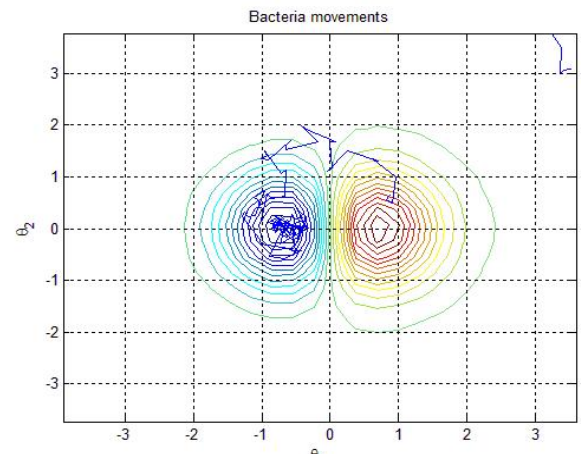
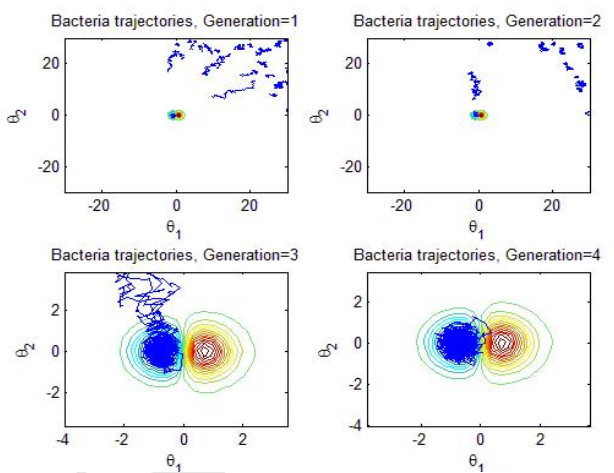
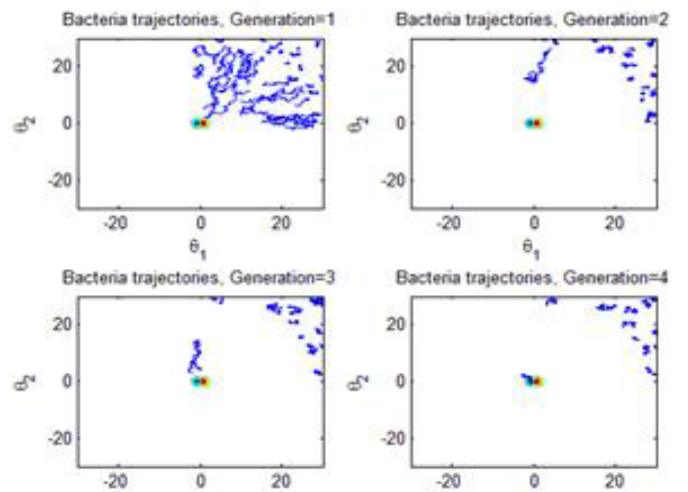
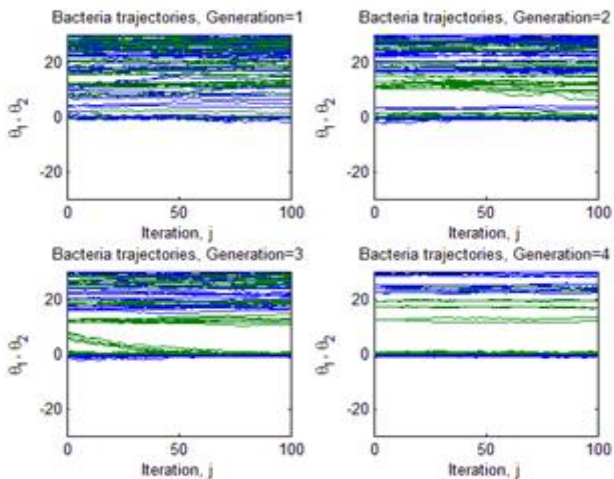
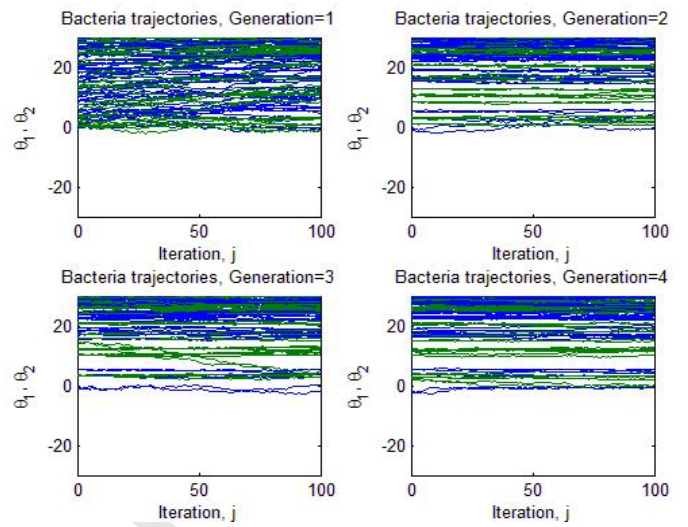
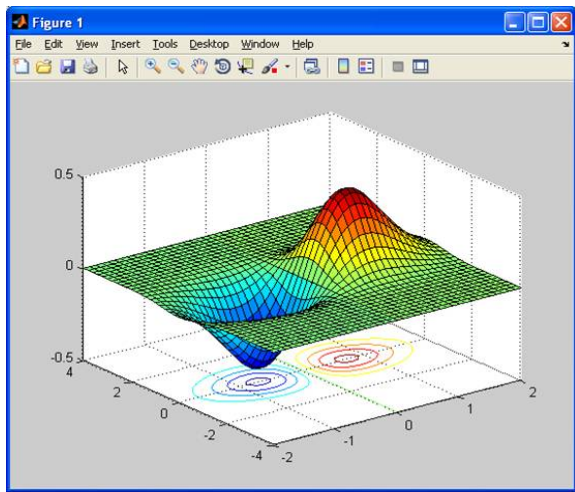


Εικόνα 33 Τροχιές των βακτηρίων κατά την εκτέλεση του BFOA για τη βελτιστοποίηση της

$f(x, y) = -e^{-x^2-y^2}$  (μια κορυφή) με ολικό ελάχιστο στο  $f(0,0) = -1$



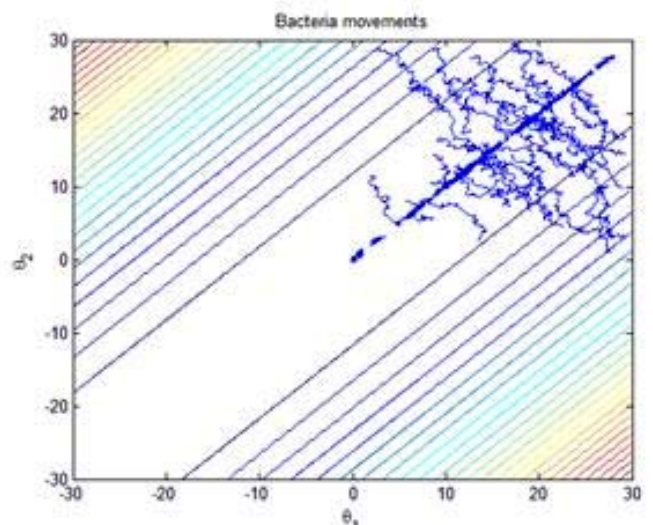
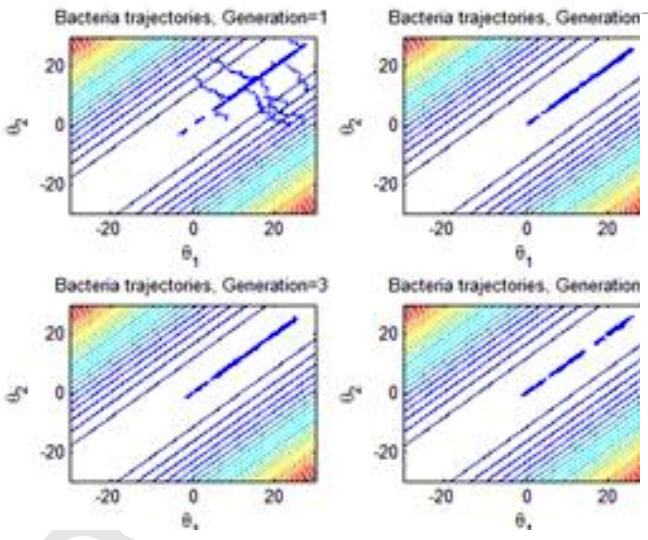
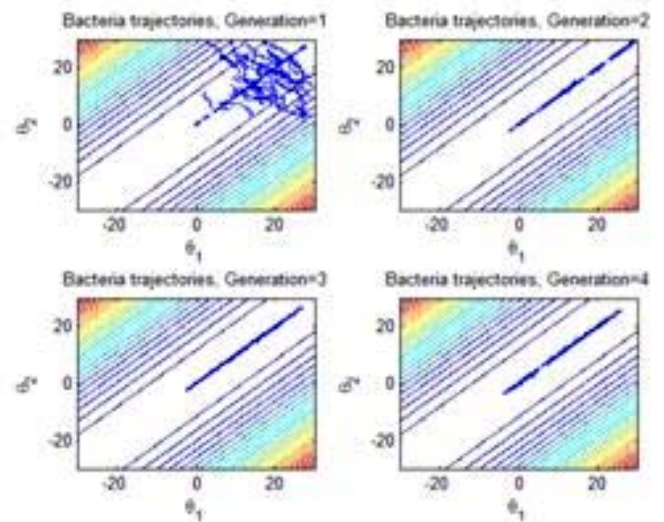
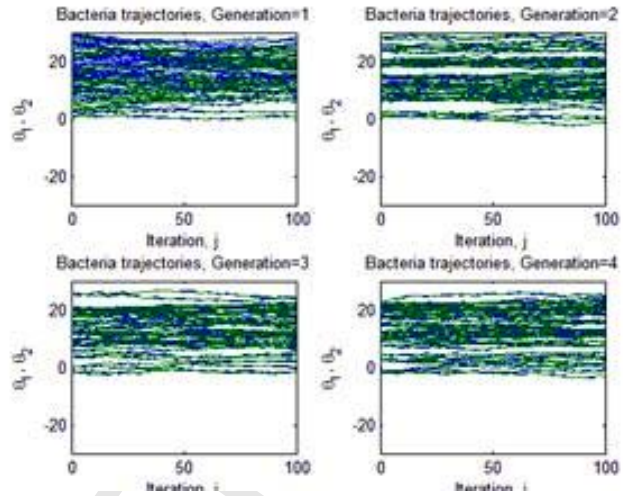
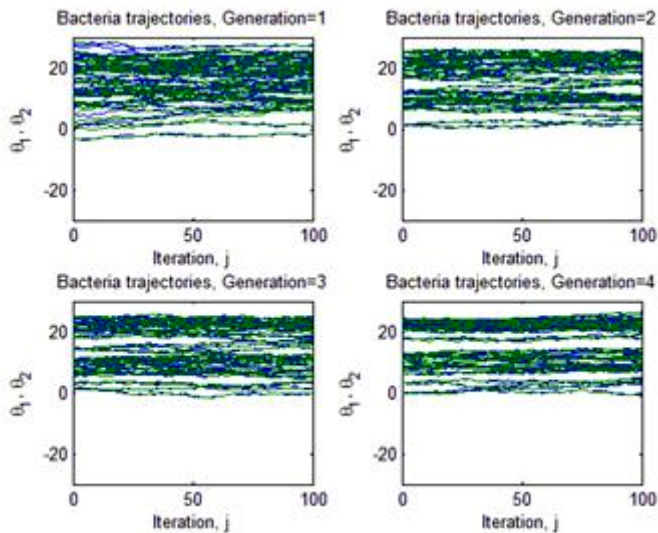
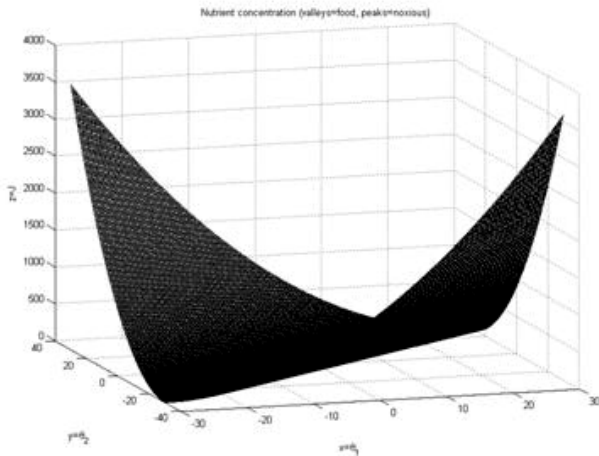
Συνάρτηση 6.



Εικόνα 34 Τροχιές των βακτηρίων κατά την εκτέλεση του BFOA για τη βελτιστοποίηση της

$f(x, y) = xe^{-x^2-y^2}$  (δου κορυφές) με τοπικό ελάχιστο στο:  $\left(\frac{1}{\sqrt{2}}, 0\right) \rightarrow \frac{1}{\sqrt{2e}} \approx -0,428$

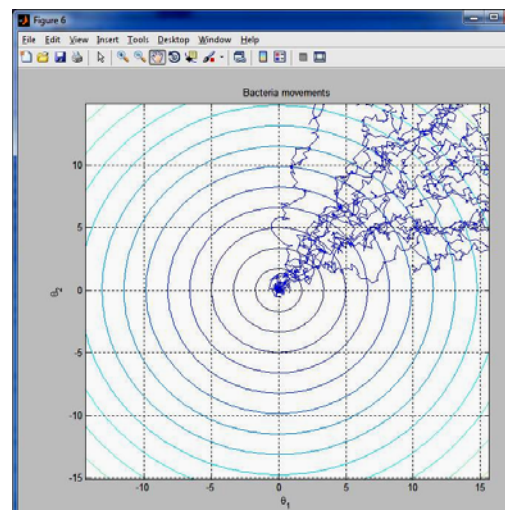
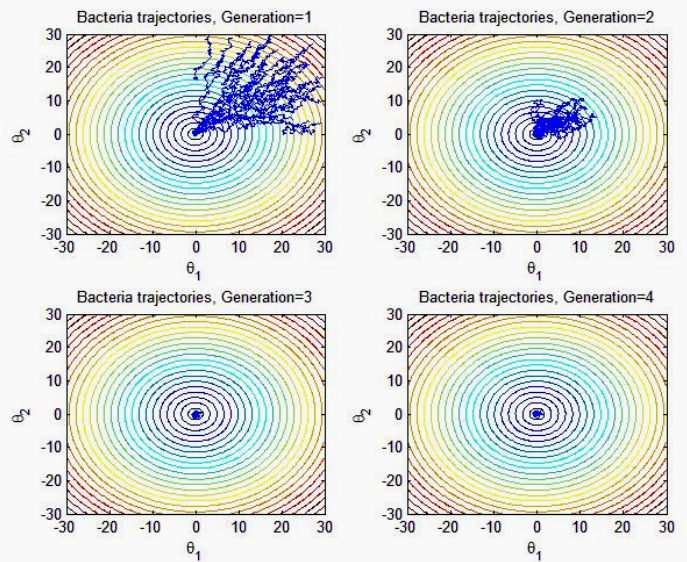
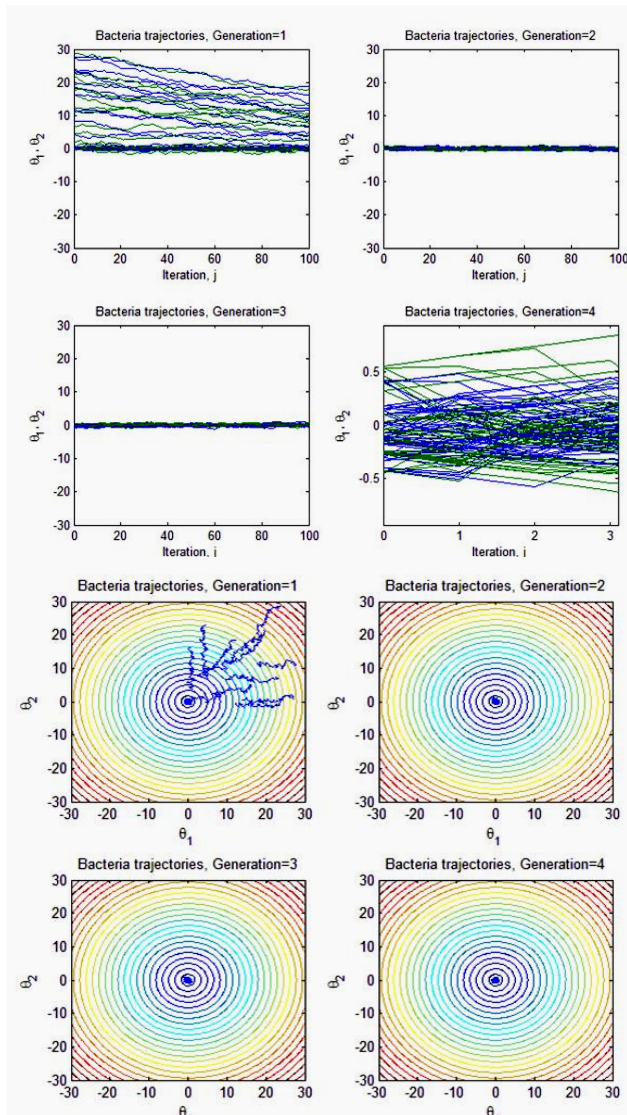
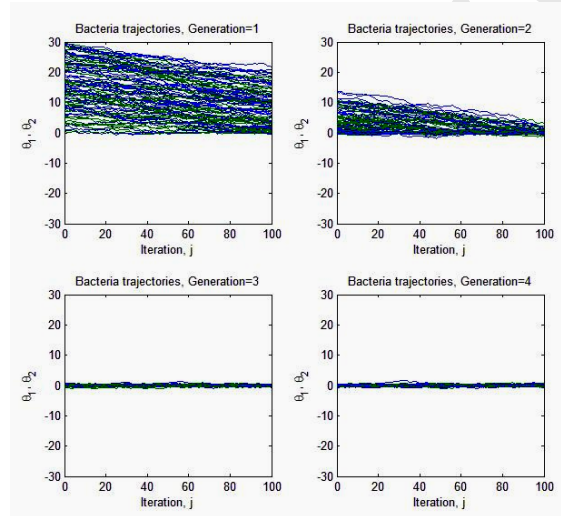
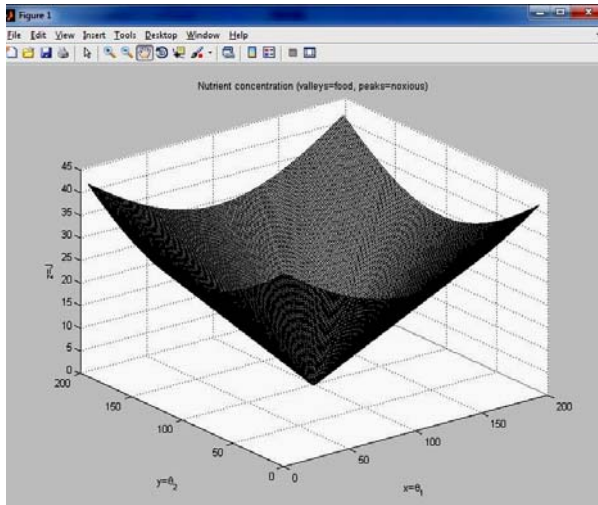
Συνάρτηση 7.



Εικόνα 35 Τροχιές των βακτηρίων κατά την εκτέλεση του BFOA για τη βελτιστοποίηση της  $f(x, y) = (x - y)^2$  με Ολικό για  $x=y$  ίσο με 0



Συνάρτηση 8.

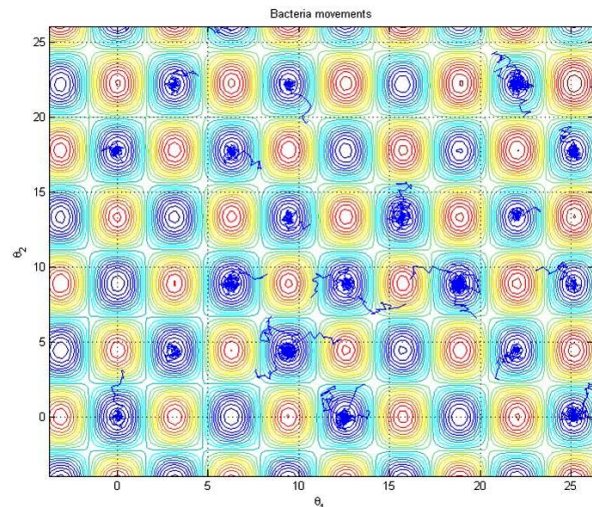
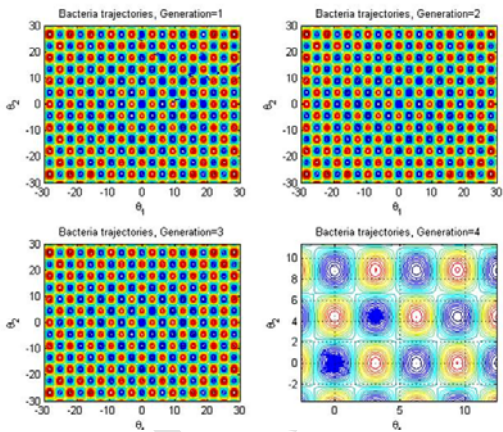
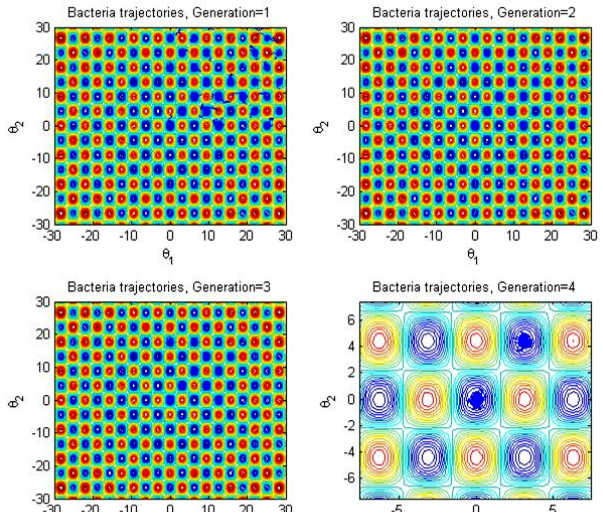
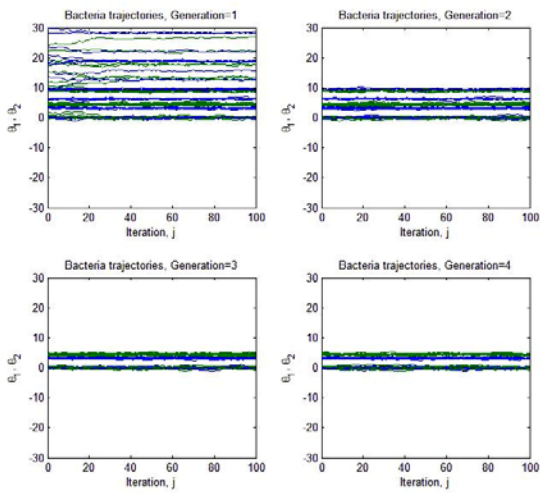
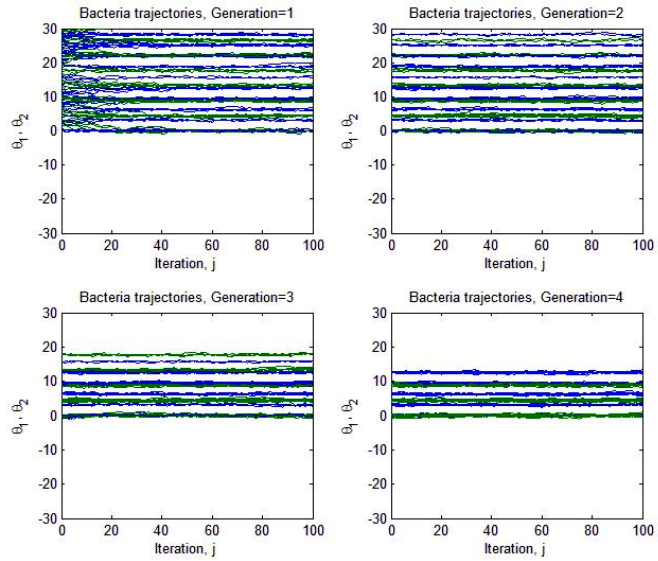
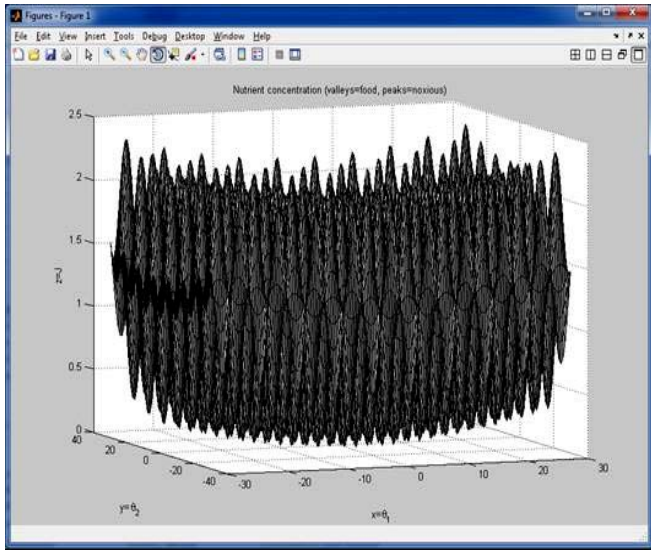


Εικόνα 36 Αποτελέσματα για τη συνάρτηση  $f(x, y) = \sqrt{x^2 + y^2}$  με ολικό ελάχιστο για  $(x,y)=(0,0)$  ίσο με 0

Βιομίμηση της αναζήτησης τροφής από το βακτήριο Escherichia Coli και εφαρμογές βελτιστοποίησης



Συνάρτηση 9



Εικόνα 37 Τροχιές των βακτηρίων κατά την εκτέλεση του BFOA για τη βελτιστοποίηση της  $f(x, y) = \frac{x^2}{4000} + \frac{y^2}{4000} - \cos\left(\frac{x}{\sqrt{1}}\right) \cos\left(\frac{y}{\sqrt{2}}\right) + 1$  με τοπικό ελάχιστο στο (0, 0) ίσο με 0

### 6.3.2 Μεθοδολογία στατιστικού προσδιορισμού των βέλτιστων σημείων

Όπως προαναφέρθηκε, δεν αρκεστήκαμε στην εκτέλεση του κλασικού BFOA αλλά τροποποιώντας 3 βασικές παραμέτρους (μια τη φορά) ξαναεκτελέσαμε τον αλγόριθμο και τα αποτελέσματα των μέσων όρων τα παραθέτουμε στο σχετικό συγκεντρωτικό πίνακα στο τέλος αυτού του κεφαλαίου. Αυτό έγινε για να εξετάσουμε αν κάποια παράμετρος επηρεάζει σημαντικά τον αλγόριθμο ώστε οι τιμές να είναι πιο κοντά στα μαθηματικά βέλτιστα. Τα σχετικά γραφήματα για τη συνάρτηση **P1** φαίνονται στις εικόνες 24, 25 και 26.

Με **X\_pass**, **X\_S100**, **X\_Ned4** και **X\_Nc500**, συμβολίσαμε τις τιμές για το  $x$  (ή  $\theta_1$  στα γραφήματα) που προέκυψαν από τον αλγόριθμο στην αρχική κατά Passino περιγραφή, με  $S=100$ , με  $Ned=4$  και με  $Nc=500$  αντίστοιχα, και με **Y\_pass**, **Y\_S100**, **Y\_Ned4**, και **Y\_Nc500** τις αντίστοιχες τιμές για το  $y$  (ή  $\theta_2$  στα γραφήματα).

One-Sample Statistics

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	15,032394	,2536376	,0252379
X_S100	101	14,954527	,1664129	,0165587
X_Ned4	101	15,017607	,2454494	,0244231
X_Nc500	501	14,987828	,2018119	,0090163

One-Sample Test

	Test Value = 15					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	1,284	100	,202	,0323939	-,017677	,082465
X_S100	-2,746	100	,007	-,0454727	-,078325	-,012621
<b>X_Ned4</b>	<b>,721</b>	<b>100</b>	<b>,473</b>	<b>,0176072</b>	<b>-,030848</b>	<b>,066062</b>
X_Nc500	-1,350	500	,178	-,0121718	-,029886	,005543

Για να εξετάσουμε αν οι 4 παραπάνω μέσοι όροι διαφέρουν από μια δοθείσα τιμή για κάθε μεταβλητή, δηλαδή την 15 για  $x$ , κάνουμε έναν **έλεγχο t-test για τον έλεγχο της μεταβλητής  $x$**  (με One-sample T test στο SPSS) για να ελεγχθεί εάν η μέση τιμή της μεταβλητής  $x$  είναι ίση ή διαφέρει από την τιμή 15 (σε ε.σ. 5%), που είναι η μαθηματική τιμή στο ελάχιστο (15, 5).

Τα δείγματα ελήφθησαν μετά από αλλαγή κάθε φορά μιας από τις ακόλουθες παραμέτρους:

- 1) Εκτέλεση του αλγόριθμου με τις αρχικές παραμέτρους (§ 6.2)
- 2) Μέγεθος αρχικού πληθυσμού βακτηρίων  $S=100$  (από 50 στον αρχικό BFOA)
- 3) Αριθμός γεγονότων Εξάλειψης / διασποράς  $Ned=4$  (από 2 αρχικά).
- 4) Αριθμός χημειοτακτικών βημάτων  $Nc=500$ , (από 100 που ορίστηκε στον αρχικό BFOA)

Οι υποθέσεις που εξετάζονται για κάθε εκτέλεση του αλγόριθμου (με μεταβολή της τιμής της αντίστοιχης παραμέτρου) είναι:

**Ho= Η μέση τιμή της μεταβλητής ισούνται με 15**

**H1= Η μέση τιμή της μεταβλητής δεν ισούνται με 15.**

Έτσι με την βοήθεια υπολογιστή στο SPSS, υπολογίζουμε ότι:

Οι μέσοι όροι είναι 15,032394, 14,954527, 15,017607 και 14,987828 για κάθε περίπτωση αντίστοιχα.

Όπως έχουμε αναφέρει, βασική προϋπόθεση για την αντιμετώπιση του προβλήματος, είναι η σωστή κατανόηση της Ho. Στο συγκεκριμένο παράδειγμα, για λόγους απλότητας, η υπόθεση αυτή είναι ξεκάθαρη και έχει διατυπωθεί σαφώς για έναν μη στατιστικό επιστήμονα.

Το δεύτερο που πρέπει να γνωρίζουμε είναι η πιθανότητα η υπόθεση μας να είναι αληθής.

Από τις 4 περιπτώσεις η καλύτερη πιθανότητα ισούται με:

0,473 (sig. 2-tailed). Επειδή το 0,473 (ή 47,3 %) είναι μεγαλύτερο από το 0,05 (ή 5%), μπορούμε να αποδεχτούμε την υπόθεση μας Ho. Έτσι συμπεραίνουμε, ότι η μέση τιμή της μεταβλητής  $x$  ανέρχεται στο 15 για την 3<sup>η</sup> επιλογή (ανάλογες σκέψεις θα μπορούσαμε να κάνουμε για τις περιπτώσεις 1 και 4, αλλά απλά αναζητούμε την καλύτερη από τις 4).

Το τρίτο που θέλουμε να ξέρουμε είναι το διάστημα εμπιστοσύνης. Σύμφωνα με τα αποτελέσματα, το διάστημα αυτό δεν είναι άμεσα εμφανές διότι στα αποτελέσματα παίρνουμε: Lower, Upper -0,030848 0,066062.

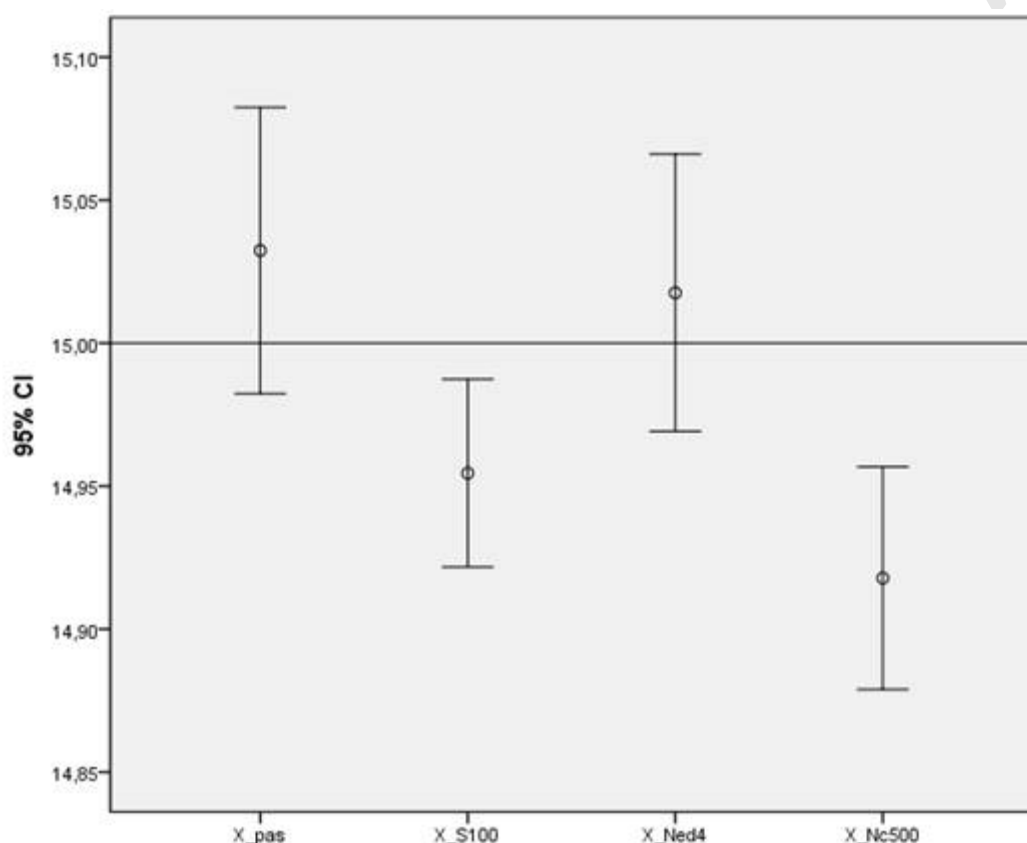
Αυτό απλά σημαίνει ότι το κάτω άκρο του διαστήματος εμπιστοσύνης είναι -0,030848 μονάδες κάτω από την υπόθεση που κάναμε (Ho=15) και το άνω άκρο 0,066062 μονάδες άνω της Ho. Ήτοι, το 95% διάστημα εμπιστοσύνης είναι το (14,986759 έως 15,083669) που μέσα σε αυτό περιλαμβάνεται και η ζητούμενη τιμή το 15 δηλαδή.

Συνακόλουθα, ένας πρακτικός, οπτικός κανόνας που διευκολύνει κάποιον και δίνει μεγαλύτερη κατανόηση των αποτελεσμάτων, είναι ότι όταν το lower και το upper, έχουν το ίδιο πρόσημο, τότε η αρχική μας υπόθεση δεν ισχύει. Και αυτό διότι αν και τα δύο είναι αρνητικά, σημαίνει ότι με πιθανότητα 95%, το διάστημα εμπιστοσύνης είναι μικρότερο της τιμής που θέσαμε ως υπόθεση και δεν την περιλαμβάνει εντός του. (Αποκλείεται η διαφορά των μέσων όρων να είναι 0). Κάτι που συμβαίνει στη δεύτερη περίπτωση. Το αντίστοιχο ισχύει αν και τα δύο είναι θετικά. Τότε σημαίνει ότι το διάστημα εμπιστοσύνης περιέχει τιμές μεγαλύτερες της τιμής που θέσαμε ως υπόθεση και δεν την περιλαμβάνει, επίσης.

Σύμφωνα λοιπόν με τα παραπάνω οριζόμενα, στον πίνακα διαπιστώνουμε πως αν στον πληθυσμό  $S=100$ , τότε ο MO σε αυτή την περίπτωση διαφέρει από το 15, με 95% βεβαιότητα.

Αυτό φαίνεται και στο γράφημα που ακολουθεί, όπου από τα 4 δείγματα, ο MO = 15,0176 πλησιάζει περισσότερο στην τιμή 15.

Ένα συμπέρασμα από αυτή τη σύγκριση είναι ότι από τις 3 περιπτώσεις αλλαγής των παραμέτρων μόνο ο διπλασιασμός του αρχικού πληθυσμού των βακτηρίων από 50 σε 100, φαίνεται να επηρεάζει αρνητικά την τιμή της μεταβλητής  $x$  του σημείου  $(x,y) = (15,5)$  που αντιστοιχεί στο βέλτιστο (ελάχιστο) που προσεγγίζει ο αλγόριθμος BFOA. Λογικό ως ένα βαθμό, αφού οι μελέτες προσδιορίζουν ότι αν τα βακτήρια είναι διπλάσια λόγω και του φαινομένου της έλξης / απώθησης από κύτταρο προς κύτταρο, θα προσεγγίζουν το ολικό ελάχιστο με λιγότερη ακρίβεια σε σχέση με το μισό πληθυσμό.



**Εικόνα 39** Γράφημα των τεσσάρων MO από την εκτέλεση του BFOA. Η περίπτωση για  $N_{ed} = 4$  είναι η πιο κοντινή στην πραγματική τιμή της μεταβλητής  $x$  (δηλαδή 15).

Όπως είναι λογικό απαιτείται και ο έλεγχος για το αν οι μέσες τιμές για τη μεταβλητή  $y$  προσεγγίζουν την τιμή 5, αφού όπως προείπαμε στο  $(x,y) = (15,5)$  έχουμε θεωρητικά ολικό βέλτιστο (ελάχιστο). Κάνουμε λοιπόν μια δεύτερη σύγκριση των MO 4 δειγμάτων που προέκυψαν κατά την εκτέλεση του BFOA και καταγράφηκαν ταυτόχρονα σε αρχείο .xls προκειμένου να ελεγχθούν στο SPSS οι μέσες τιμές και για τις 2 μεταβλητές. Τα αποτελέσματα φαίνονται στους ακόλουθους δύο πίνακες:

#### One-Sample Statistics

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	4,902709	,2225586	,0221454
Y_S100	101	4,926279	,2608822	,0259588
Y_Ned4	101	4,926279	,2608822	,0259588
<b>Y_Nc500</b>	<b>501</b>	<b>4,999038</b>	<b>,2386458</b>	<b>,0106619</b>

Από τις 4 περιπτώσεις η καλύτερη πιθανότητα ισούται με 0,928 (sig. 2-tailed). Επειδή το 0,928 (ή 92,8 %) είναι μεγαλύτερο από το 0,05 (ή 5%), έτσι μπορούμε να αποδεχθούμε την υπόθεση μας  $H_0$ , ότι η μέση τιμή της μεταβλητής  $y$  είναι ίση με 5 στην 4<sup>η</sup> περίπτωση ( $N_c = 500$ ).

## One-Sample Test

	Test Value = 5					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	-4,393	100	,000	-,0972908	-,141227	-,053355
Y_S100	-2,840	100	,005	-,0737214	-,125223	-,022220
Y_Ned4	-2,840	100	,005	-,0737214	-,125223	-,022220
<b>Y_Nc500</b>	<b>-,090</b>	<b>500</b>	<b>,928</b>	<b>-,0009625</b>	<b>-,021910</b>	<b>,019985</b>

Επειδή ο σκοπός του στατιστικού ελέγχου είναι να αποδώσει προσεγγιστικά τα αποτελέσματα της εκτέλεσης του αλγορίθμου, όταν έχουμε ήδη μια πρώτη εικόνα από τα αντίστοιχα γραφήματα, θα μπορούσαμε να αποδεχθούμε χωρίς σοβαρό σφάλμα την ορθότητα του ζεύγους (ή των ζευγών) των τιμών (x, y) που προσεγγίζουν καλύτερα αυτά των μαθηματικών βέλτιστων (ελαχίστων). Στην περίπτωση μας εδώ πρόκειται για τις περιπτώσεις που  $N_{ed} = 4$  ή  $N_c = 500$  που φαίνονται να βελτιώνουν την αποτελεσματικότητα εκτέλεσης του BFOA.

Η ίδια ανάλυση ακολουθήθηκε και στις υπόλοιπες 10 περιπτώσεις με τα συγκεντρωτικά αποτελέσματα να φαίνονται στον πίνακα της σελίδας .....

Η μόνη διαφορετική προσέγγιση έγινε στην περίπτωση της συνάρτησης (7), επειδή γνωρίζοντας εκ των προτέρων ότι το ελάχιστο 0, ισχύει για  $x=y$ , συγκρίναμε τους MO κατά ζεύγη ανά εφαρμοζόμενη μέθοδο (X\_pas & Y\_pas, X\_S100 & Y\_S100, X\_Ned4 & Y\_Ned4, X\_Nc500 & Y\_Nc500) εφαρμόζοντας στο SPSS **Paired-Samples T test**, και τ' αποτελέσματα φαίνονται στους σχετικούς πίνακες. Γενικά οι συγκρίσεις μέσω των όρων δειγμάτων με t-test είναι πολύ διαδεδομένη σε μελέτες που αφορούν στην απόδοση εξελικτικών αλγορίθμων και του BFOA [18], και ήταν ο λόγος που ακολουθήσαμε εδώ αυτή τη μεθοδολογία.

Οι επιμέρους πίνακες του SPSS με τα στατιστικά αποτελέσματα των t-test είναι οι ακόλουθοι (κατά συνάρτηση). Οι καλύτερες τιμές με έντονα γράμματα έχουν προκύψει με την αντίστοιχη μεθοδολογία που περιγράφηκε ως τώρα:

**Συνάρτηση P2**

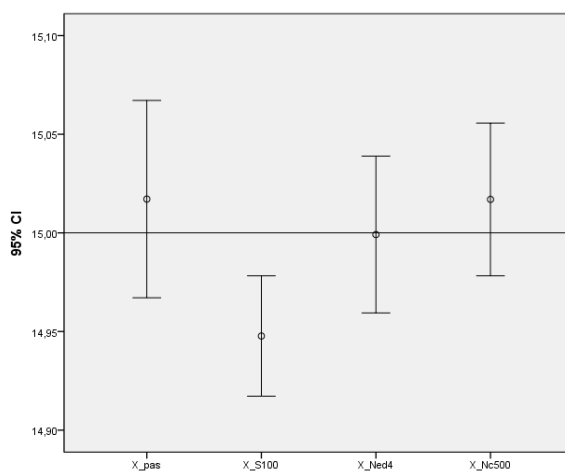
## One-Sample Statistics

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	15,0171215519 7675	,253335481399 133	,025207822559 189
X_S100	101	14,9477121755 9113	,154565570641 069	,015379849111 389
X_Ned4	101	<b>14,9991456668</b> <b>5732</b>	,201268952284 339	,020027009275 752
X_Nc500	501	15,0303183763 7725	,232266394612 792	,010376897230 896



## One-Sample Test

	Test Value = 15					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	,679	100	,499	,017121551976750	-,03289005002467	,06713315397817
X_S100	-3,400	100	,001	-,052287824408875	-,08280100700505	-,02177464181270
X_Ned4	-,043	100	<b>,966</b>	-,000854333142682	-,04058734914697	,03887868286161
X_Nc500	2,922	500	,004	,030318376377252	,00993068053636	,05070607221815

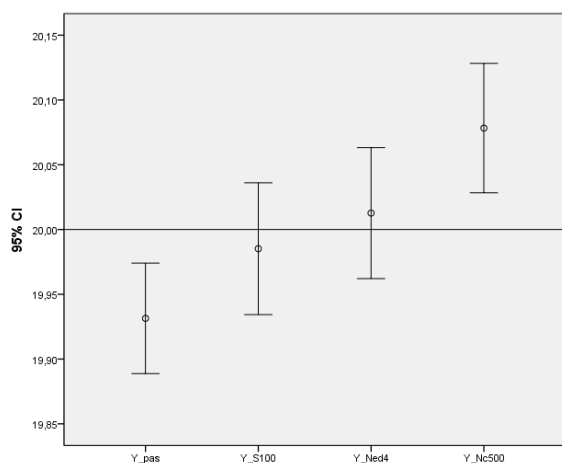


## One-Sample Statistics

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	19,9314138035276	,21602274791212	,02149506681039
Y_S100	101	19,98519870412988	,257790965647390	,025651159811930
Y_Ned4	101	<b>20,01268592663164</b>	,256135460705837	,025486430913388
Y_Nc500	501	20,05033075178313	,281192421320962	,012562750900830

## One-Sample Test

	Test Value = 20					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	-3,191	100	,002	-,06858619647239	-,1112317968130	-,0259405961318
Y_S100	-,577	100	,565	-,014801295870122	-,06569246635408	,03608987461383
Y_Ned4	,498	100	<b>,620</b>	,012685926631637	-,03787842640933	,06325027967261
Y_Nc500	4,006	500	,000	,050330751783132	,02564846587512	,07501303769115



### Συνάρτηση P3

#### One-Sample Statistics

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	14,934360	,1761450	,0175271
X_S100	101	14,883410	,2340204	,0232859
X_Ned4	101	14,891561	,2006635	,0199668
X_Nc500	501	14,937263	,2503001	,0111826

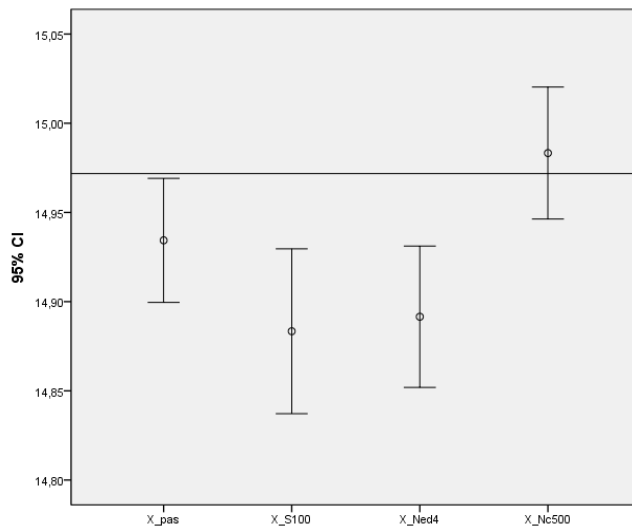
#### One-Sample Test

	Test Value = 14.9718					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	-2,136	100	,035	-,0374402	-,072213	-,002667
X_S100	-3,796	100	,000	-,0883900	-,134589	-,042191
X_Ned4	-4,019	100	,000	-,0802387	-,119852	-,040625
X_Nc500	-3,088	500	,002	-,0345373	-,056508	-,012567

#### One-Sample Statistics

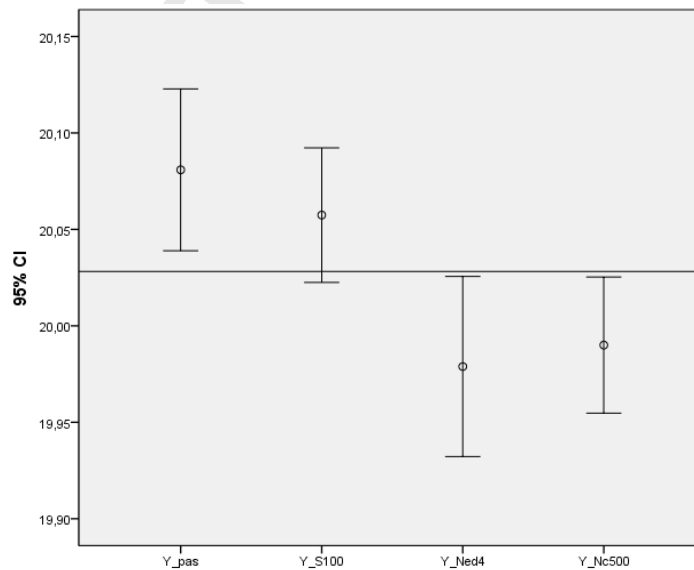
	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	20,080869	,2126173	,0211562
Y_S100	101	20,057414	,1766952	,0175818
Y_Ned4	101	19,978897	,2365338	,0235360
Y_Nc500	501	<b>20,016688</b>	,2155643	,0096307





**One-Sample Test**

	Test Value = 20.0282					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	2,490	100	,014	,0526694	,010696	,094643
Y_S100	1,662	100	,100	,0292139	-,005668	,064096
Y_Ned4	-2,095	100	,039	-,0493031	-,095998	-,002608
Y_Nc500	-1,195	500	<b>,233</b>	-,0115119	-,030433	,007410



**Συνάρτηση 1****One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	,048382	,1897886	,0188847
X_S100	101	-,024421	,2217478	,0220647
X_Ned4	101	<b>,007691</b>	,1729009	,0172043
X_Nc500	501	-,053958	,2408619	,0107609

**One-Sample Test**

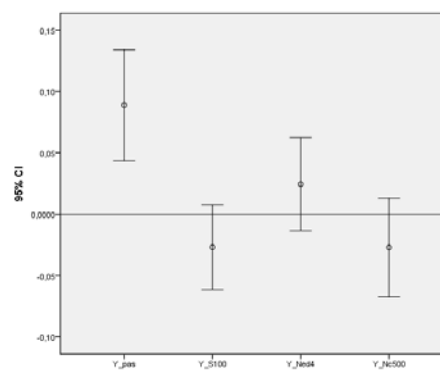
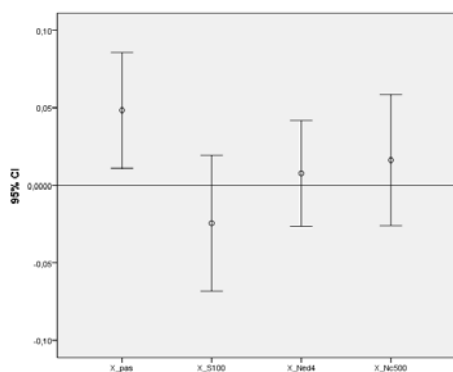
	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	2,562	100	,012	,0483815	,010915	,085848
X_S100	-1,107	100	,271	-,0244208	-,068197	,019355
X_Ned4	,447	100	<b>,656</b>	,0076907	-,026442	,041823
X_Nc500	-5,014	500	,000	-,0539579	-,075100	-,032816

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	,088794	,2285356	,0227401
Y_S100	101	-,026899	,1745473	,0173681
Y_Ned4	101	<b>,024430</b>	,1915592	,0190609
Y_Nc500	501	-,031263	,2539931	,0113476

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	3,905	100	,000	,0887943	,043678	,133910
Y_S100	-1,549	100	,125	-,0268988	-,061357	,007559
Y_Ned4	1,282	100	<b>,203</b>	,0244298	-,013386	,062246
Y_Nc500	-2,755	500	,006	-,0312632	-,053558	-,008968

**Συνάρτηση 2****One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	,39825337	,646551917	,064334320
X_S100	101	,32332963	,391467708	,038952493
X_Ned4	101	,05282377	,466182982	,046386940
X_Nc500	501	,89399916	1,164220113	,052013519

**One-Sample Test**

	Test Value = 1					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	-9,353	100	,000	-,601746629	-,72938409	-,47410917
X_S100	-17,372	100	,000	-,676670374	-,75395101	-,59938974
X_Ned4	-20,419	100	,000	-,947176228	-1,03920660	-,85514586
X_Nc500	-2,038	500	,042	-,106000844	-,20819284	-,00380885

**One-Sample Test**

	Test Value = 1					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	-10,310	100	,000	-,476903467	-,56867552	-,38513142
Y_S100	-30,153	100	,000	-,823203078	-,87736711	-,76903905
Y_Ned4	-31,625	100	,000	-,870142825	-,92473015	-,81555550
Y_Nc500	14,160	500	,000	1,059097533	,91214789	1,20604717

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	,52309653	,464874451	,046256737
Y_S100	101	,17679692	,274369748	,027300810
Y_Ned4	101	,12985718	,276513950	,027514166
Y_Nc500	501	2,05909753	1,674120652	,074794195

**Συνάρτηση 3****One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	,019174	,2044359	,0203421
X_S100	101	,136291	,3401220	,0338434
X_Ned4	101	-,546413	,7058632	,0702360
X_Nc500	501	,998505	,6980198	,0311852

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	,943	100	,348	,0191738	-,021184	,059532
X_S100	4,027	100	,000	,1362906	,069146	,203435
X_Ned4	-7,780	100	,000	-,5464133	-,685760	-,407067
X_Nc500	32,019	500	,000	,9985050	,937235	1,059775

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	2,531453	,4892282	,0486800
Y_S100	101	1,020570	,2321356	,0230984
Y_Ned4	101	1,553953	,5422478	,0539557
Y_Nc500	501	-3,199149	1,1473338	,0512591

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	52,002	100	,000	2,5314535	2,434874	2,628033
Y_S100	44,184	100	,000	1,0205699	,974743	1,066396
Y_Ned4	28,801	100	,000	1,5539535	1,446907	1,661000
Y_Nc500	-62,411	500	,000	-3,1991493	-3,299859	-3,098440

**Συνάρτηση 4****One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	6,200480	,2528096	,0251555
X_S100	101	1,565423	,9821651	,0977291
X_Ned4	101	-4,169178	,7224631	,0718878
X_Nc500	501	2,004103	2,4420527	,1091029

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	246,486	100	,000	6,2004800	6,150572	6,250388
X_S100	16,018	100	,000	1,5654226	1,371531	1,759314
X_Ned4	-57,996	100	,000	-4,1691777	-4,311801	-4,026554
X_Nc500	18,369	500	,000	2,0041026	1,789746	2,218459

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	2,849768	,5088294	,0506304
Y_S100	101	6,598119	,2890793	,0287645
Y_Ned4	101	5,353280	,4737243	,0471373
Y_Nc500	501	6,073039	,7133331	,0318694

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	56,286	100	,000	2,8497679	2,749319	2,950217
Y_S100	229,384	100	,000	6,5981195	6,541052	6,655187
Y_Ned4	113,568	100	,000	5,3532798	5,259761	5,446799
Y_Nc500	190,560	500	,000	6,0730390	6,010425	6,135653

**Συνάρτηση 5****One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	,089925	,1889321	,0187994
X_S100	101	-,086172	,2376561	,0236477
X_Ned4	101	,101118	,2408436	,0239648
X_Nc500	501	-,084090	,2666692	,0119139

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	4,783	100	,000	,0899252	,052628	,127223
X_S100	-3,644	100	,000	-,0861723	-,133089	-,039256
X_Ned4	4,219	100	,000	,1011178	,053572	,148663
X_Nc500	-7,058	500	,000	-,0840895	-,107497	-,060682

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	<b>-,000717</b>	,1744123	,0173547
Y_S100	101	,010833	,1932013	,0192242
Y_Ned4	101	-,035612	,2238577	,0222747
Y_Nc500	501	,004672	,2511545	,0112208

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	-,041	100	<b>,967</b>	-,0007167	-,035148	,033715
Y_S100	,564	100	,574	,0108333	-,027307	,048974
Y_Ned4	-1,599	100	,113	-,0356123	-,079805	,008580
Y_Nc500	,416	500	,677	,0046718	-,017374	,026717

**Συνάρτηση 6**

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	23,161704	,1461754	,0145450
X_S100	101	<b>-,705931</b>	,2216692	,0220569
X_Ned4	101	<b>-,714582</b>	,1930843	,0192126
X_Nc500	501	-,699883	,2152195	,0096153

**One-Sample Test**

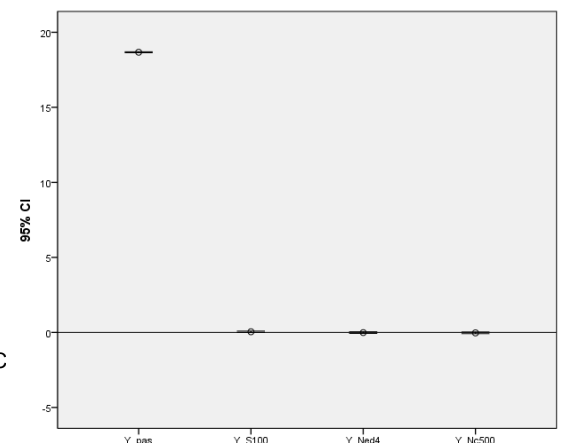
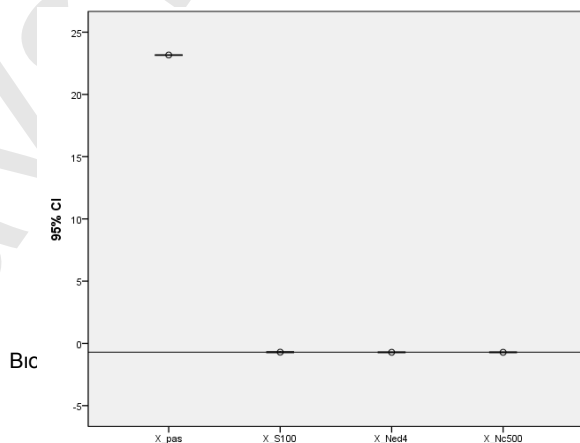
	Test Value = -0.707					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	1641,025	100	,000	23,8687041	23,839847	23,897561
X_S100	,048	100	<b>,961</b>	,0010690	-,042691	,044829
X_Ned4	-,395	100	<b>,694</b>	-,0075825	-,045700	,030535
X_Nc500	,740	500	,460	,0071166	-,011775	,026008

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	18,670841	,1716886	,0170837
Y_S100	101	<b>,044397</b>	,2291414	,0228004
Y_Ned4	101	<b>-,010947</b>	,2753041	,0273938
Y_Nc500	501	,044727	,2794063	,0124830

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	1092,907	100	,000	18,6708414	18,636948	18,704735
Y_S100	1,947	100	<b>,054</b>	,0443973	-,000838	,089633
Y_Ned4	-,400	100	<b>,690</b>	-,0109467	-,065295	,043402
Y_Nc500	3,583	500	,000	,0447266	,020201	,069252





**Συνάρτηση 7**

**Paired Samples Statistics**

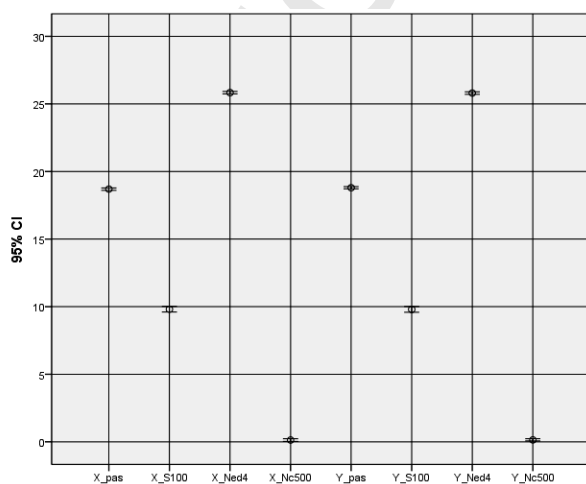
		Mean	N	Std. Deviation	Std. Error Mean
Pair 1	X_pas	18,697397	101	,4381453	,0435971
	Y_pas	18,800017	101	,4088354	,0406806
Pair 2	X_S100	<b>9,811929</b>	101	1,0560960	,1050855
	Y_S100	<b>9,797895</b>	101	1,0911397	,1085725
Pair 3	X_Ned4	<b>25,832772</b>	101	,4345621	,0432405
	Y_Ned4	<b>25,805300</b>	101	,4784918	,0476117
Pair 4	X_Nc500	<b>,662988</b>	501	,8215302	,0367033
	Y_Nc500	<b>,671008</b>	501	,8062619	,0360211

**Paired Samples Test**

		Paired Differences		
		Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Pair 1	X_pas - Y_pas	-,1026197	,2723232	,0270972
Pair 2	X_S100 - Y_S100	,0140340	,2003398	,0199346
Pair 3	X_Ned4 - Y_Ned4	,0274712	,2265569	,0225433
Pair 4	X_Nc500 - Y_Nc500	-,0080194	,2798480	,0125027

**Paired Samples Test**

		Paired Differences		t	df	Sig. (2-tailed)
		95% Confidence Interval of the Difference				
		Lower	Upper			
Pair 1	X_pas - Y_pas	-,1563798	-,0488597	-3,787	100	,000
Pair 2	X_S100 - Y_S100	-,0255156	,0535836	,704	100	<b>,483</b>
Pair 3	X_Ned4 - Y_Ned4	-,0172539	,0721964	1,219	100	<b>,226</b>
Pair 4	X_Nc500 - Y_Nc500	-,0325837	,0165448	-,641	500	<b>,522</b>



**Συνάρτηση 8**

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	,050872	,1892457	,0188306
X_S100	101	<b>-,005589</b>	,2467437	,0245519
X_Ned4	101	,056152	,2123660	,0211312
X_Nc500	501	-,041883	,3165036	,0141403

**One-Sample Test**

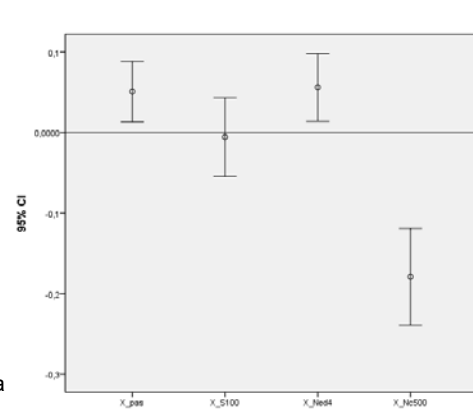
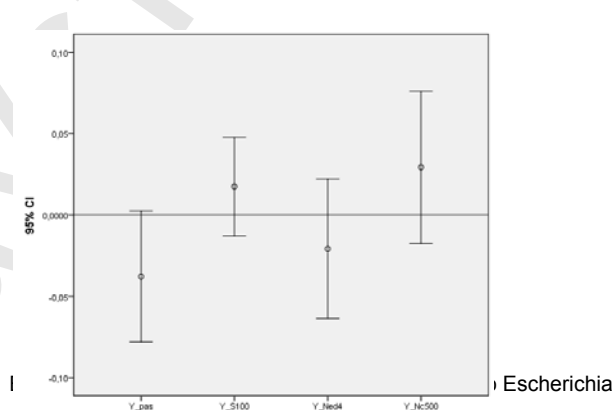
	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	2,702	100	,008	,0508719	,013512	,088231
X_S100	-,228	100	<b>,820</b>	-,0055892	-,054300	,043121
X_Ned4	2,657	100	,009	,0561524	,014229	,098076
X_Nc500	-2,962	500	,003	-,0418830	-,069665	-,014101

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	-,037844	,2036292	,0202619
Y_S100	101	<b>,017427</b>	,1532908	,0152530
Y_Ned4	101	-,020657	,2172310	,0216153
Y_Nc500	501	,047683	,2343780	,0104712

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	-1,868	100	,065	-,0378440	-,078043	,002355
Y_S100	1,143	100	<b>,256</b>	,0174271	-,012834	,047689
Y_Ned4	-,956	100	,342	-,0206567	-,063541	,022227
Y_Nc500	4,554	500	,000	,0476829	,027110	,068256



**Συνάρτηση 9**

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
X_pas	101	<b>-,003148</b>	,1884589	,0187524
X_S100	101	3,046688	,1911365	,0190188
X_Ned4	101	3,062394	,2454444	,0244226
X_Nc500	501	,015901	,2259386	,0100942

**One-Sample Test**

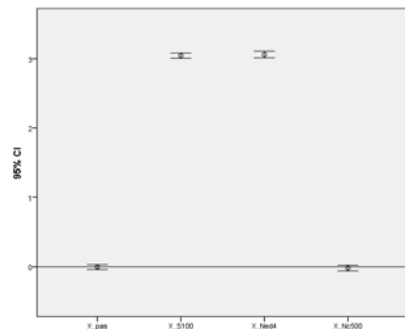
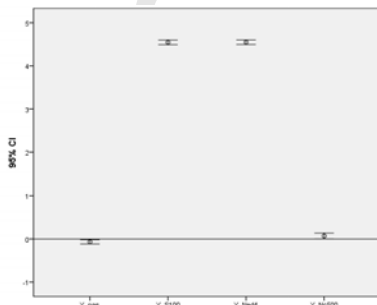
	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
X_pas	-,168	100	<b>,867</b>	-,0031479	-,040352	,034056
X_S100	160,194	100	,000	3,0466884	3,008956	3,084421
X_Ned4	125,392	100	,000	3,0623936	3,013940	3,110847
X_Nc500	1,575	500	,116	,0159006	-,003932	,035733

**One-Sample Statistics**

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean
Y_pas	101	<b>-,064176</b>	,2483043	,0247072
Y_S100	101	4,545383	,2690539	,0267719
Y_Ned4	101	4,548241	,2721760	,0270825
Y_Nc500	501	,067483	,2876662	,0128520

**One-Sample Test**

	Test Value = 0					
	t	df	Sig. (2-tailed)	Mean Difference	95% Confidence Interval of the Difference	
					Lower	Upper
Y_pas	-2,719	100	,008	-,0671763	-,116195	-,018158
Y_S100	169,782	100	,000	4,5453834	4,492269	4,598498
Y_Ned4	167,940	100	,000	4,5482415	4,494511	4,601972
Y_Nc500	5,017	500	,000	,0644833	,039233	,089734



Βιομίμηση της αναζήτησης τροφής από το βακτήριο Escherichia Coli και εφαρμογές βελτιστοποίησης

**Συγκεντρωτικός Πίνακας Αποτελεσμάτων από την εκτέλεση του BFOA**

AA	Συνάρτηση	Ελάχιστο		Passino Mean	Mean_S100	Mean_Ned4	Mean_Nc500
P1	$5e^{-0,1((x-15)^2+(y-20)^2)} - 2e^{-0,08((x-20)^2+(y-15)^2)} + 3e^{-0,08((x-25)^2+(y-10)^2}$ $+ 2e^{-0,1((x-10)^2+(y-10)^2)} - 2e^{-0,5((x-5)^2+(y-10)^2} - 4e^{-0,1((x-15)^2+(y-5)^2}$ $- 2e^{-0,5((x-8)^2+(y-25)^2} - 2e^{-0,5((x-21)^2+(y-25)^2} + 2e^{-0,5((x-25)^2+(y-16)^2}$ $+ 2e^{-0,5((x-5)^2+(y-14)^2}$	Ολικό στο $f(15,5) = -4$	x	15,032	14,954	<b>15,017</b>	<b>14,987</b>
			y	4,902	4,926	<b>4,926</b>	<b>4,999</b>
P2	$f(x, y) = -5e^{-0,1((x-15)^2+(y-20)^2)}$ (μια κορυφή)	Ολικό στο $f(15,20) = 5$	x	15,017	14,947	<b>14,999</b>	15,030
			y	19,931	19,985	<b>20,01</b>	20,050
P3	$J = -5e^{-0,1((x-15)^2+(y-20)^2)} + 2e^{-0,08((x-20)^2+(y-15)^2)} - 3e^{-0,08((x-25)^2+(y-10)^2)}$	Τοπικά ελάχιστα στα: (14.9718, 20.0282) - 4.96419, και (25.0564, 9.94359,)	x	14,934	14,883	14,891	<b>14,937</b>
			y	20,080	20,057	19,978	<b>20,016</b>
1	(De Jong fun 1) Sphere $f(x, y) = x^2 + y^2$	Ολικό στο $f(0,0) = 0$	x	0,0483	- 0,024	<b>0,007</b>	- 0,053
			y	0,088	- 0,026	<b>0,024</b>	- 0,031
2	(De Jong fun 2) Rosenbrock (banana) $f(x, y) = 100(y - x^2)^2 + (1 - x)^2$	Ολικό στο $f(1,1) = 0$	x	0,398	0,323	0,052	0,893
			y	0,523	0,176	0,129	2,059
3	Rastring $f(x, y) = 20 + (x^2 - 10\cos(2\pi x)) + (y^2 - 10\cos(2\pi y))$	Ολικό στο $f(0,0) = 0$	x	0,019	0,136	- 0,546	0,998
			y	2,531	1,020	1,553	- 3,199

ΑΑ	Συνάρτηση	Ελάχιστο		Passino Mean	Mean_S100	Mean_Ned4	Mean_Nc500
4	$f(x, y) = \left(\frac{x^2}{10} + \frac{y^2}{10}\right)$	Τοπικό για $(x,y) = (0,0) \rightarrow 90$ 0	x	6,200	1,566	- 4,169	2,004
			y	2,849	6,598	5,353	6,073
5	$f(x, y) = -e^{-x^2-y^2}$ (μια κορυφή)	Ολικό στο $f(0,0) = -1$	x	<b>0,089</b>	- 0,086	0,101	- 0,840
			y	<b>- 0,0007</b>	0,010	- 0,035	0,004
6	$f(x, y) = xe^{-x^2-y^2}$ (δυο κορυφές)	Τοπ. ελάχιστο στο: $\left(\frac{1}{\sqrt{2}}, 0\right) \rightarrow \frac{1}{\sqrt{2}e} \approx -0,428$	x	23,161	<b>- 0,705</b>	<b>- 0,714</b>	- 0,699
			y	18,670	<b>0,044</b>	<b>- 0,010</b>	0,044
7	$f(x, y) = (x - y)^2$	Ολικό για $x=y \rightarrow 0$	x	18,967	<b>9,811</b>	<b>25,832</b>	<b>0,662</b>
			y	18,800	<b>9,979</b>	<b>25,805</b>	<b>0,671</b>
8	$f(x, y) = \sqrt{x^2 + y^2}$	Ολικό για $(x,y) = (0,0)$ ίσο με 0	x	0,050	<b>- 0,005</b>	0,056	- 0,041
			y	- 0,037	<b>0,017</b>	- 0,020	0,047
9	$f(x, y) = \frac{x^2}{4000} + \frac{y^2}{4000} - \cos\left(\frac{x}{\sqrt{1}}\right)\cos\left(\frac{y}{\sqrt{2}}\right) + 1$ Griewank	Τοπικό για $(x,y) = (0,0) \rightarrow 0$	x	<b>- 0,003</b>	3,046	3,062	0,015
			y	<b>- 0,064</b>	4,545	4,548	0,067

## 6.4 Συμπεράσματα - Περίληψη

Από τις γραφικές παραστάσεις που προηγήθηκαν και από τη στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων προκύπτουν ορισμένα ενδιαφέροντα συμπεράσματα για τη συμπεριφορά του πολλά υποσχόμενου Αλγόριθμου Βελτιστοποίησης Αναζήτησης Τροφής των Βακτηρίων (Bacterial Foraging Optimization Algorithm - BFOA), ο οποίος όπως έχει ήδη αναφερθεί, έχει γίνει αποδεκτός από τους ερευνητές εδώ και μια δεκαετία σαν ένας μεγάλου ενδιαφέροντος εξελικτικός αλγόριθμος.

Κατ' αρχήν στην περίπτωση της συνάρτησης (**P1**) που έχει χρησιμοποιηθεί και από τον εμπνευστή Kevin Passino του αλγόριθμου BFOA και την παρουσιάζουμε αναλυτικά ως πρώτη περίπτωση, ήταν αναμενόμενο να αποδίδει ικανοποιητικά αποτελέσματα ο BFOA, ιδιαίτερα στις περιπτώσεις με αύξηση των γεγονότων εξάλειψης διασποράς ( $N_{ed}=4$ ) και αύξησης των βημάτων χημειοταξίας σε  $N_c=500$ .

Από την (**P1**) προέκυψαν οι (**P2**) και (**P3**), με περιορισμό των κορυφών σε μια και τρεις αντίστοιχα. Αξίζει να σημειωθεί ότι ο BFOA επιτυγχάνει πρακτικά πολύ καλά αποτελέσματα στις μονοκόρυφες συναρτήσεις όπως η (**P2**) και οι (**5**) και (**8**).

Η συνάρτηση (**1**) προέρχεται από τη γενική μορφή της **Sphere (De Jong fun 1)**, πολύ συνηθισμένη για την επίλυση προβλημάτων βελτιστοποίησης χωρίς περιορισμούς.

$f(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2$ , (σταθμισμένο μοντέλο της σφαίρας), όπου  $n=2$ . Και εδώ ο BFOA

αποδίδει ικανοποιητικά όπως άλλωστε πάντα σε συναρτήσεις με λίγα ακρότατα. Επίσης αξίζει να σημειωθεί ότι αν έχουμε μόνο ένα ελάχιστο (ολικό), δεν υπάρχει πιθανότητα να παγιδευτεί ο αλγόριθμος σε κάποιο τοπικό βέλτιστο και άρα η σύγκλιση κοντά στο μοναδικό σημείο θεωρείται δεδομένη. Επιπρόσθετα η καλύτερη βελτίωση του αλγόριθμου πάλι και εδώ διαφαίνεται από την αύξηση του αριθμού  $N_{ed}$  εξάλειψης/ διασποράς, καθώς μετά από τέτοια γεγονότα οι επανατοποθετήσεις των βακτηρίων που επιβιώνουν και αναπαράγονται γίνεται κοντά στα βέλτιστα.

Για τη συνάρτηση (**2**) (De Jong 2) ή **Rosenbrock** (banana), το ολικό βέλτιστο είναι μέσα σε μια μακριά, στενή, παραβολικού σχήματος επίπεδη κοιλάδα. Το ολικό ελάχιστο είναι 0, ωστόσο η σύγκλιση στο ολικό βέλτιστο είναι δύσκολη και συνεπώς αυτό το πρόβλημα έχει χρησιμοποιηθεί επανειλημμένα για την αξιολόγηση της απόδοσης των αλγόριθμων ως ένα κλασικό πρόβλημα βελτιστοποίησης. Αξίζει να σημειωθεί πως στην περίπτωση μας (όπως και σε πολλές μελέτες για τον BFOA) επιβεβαιώθηκε η προαναφερόμενη δυσκολία στην ακριβή προσέγγιση του σημείου ολικού ελαχίστου (1,1) στατιστικά (αν και στις γραφικές παραστάσεις μοιάζει να είναι καλή η συμπεριφορά του όπως και στη συνάρτηση (**3**)).

Η συνάρτηση (**3**) γνωστή και ως **Rastring** βασίζεται στη De Jong συνάρτηση (**1**) με την προσθήκη της διαμόρφωσης συνημίτονου για να παράγει πολλά τοπικά ελάχιστα. Πρόκειται για ένα από τα πιο δύσκολα προβλήματα βελτιστοποίησης γιατί η συνάρτηση αναφοράς είναι ιδιαίτερα πολύκορη με τη θέση των ελαχίστων να είναι κανονικά κατανεμημένη. Στις (2) και (3) όσο αυξάνονται οι διαστάσεις του χώρου αναζήτησης αυξάνει και η δυσκολία του αλγόριθμου να «ξεφύγει» από τα πολλά τοπικά ακρότατα και να προσεγγίσει το ολικό που είναι 0.

Η συνάρτηση (**4**) είναι μια ακόμα που παρουσιάζει δυσκολία (τη μεγαλύτερη θα μπορούσαμε να πούμε) για τον BFOA στην εξεύρεση του βέλτιστου (είναι 0 στο  $(x,y) = (0,0)$ ). Επίσης παρατηρήθηκε πολύ μεγάλη καθυστέρηση στην εκτέλεση του αλγόριθμου και στις 4 εκδοχές. Η πληθώρα των τοπικών ελαχίστων αποτρέπει τα βακτήρια να συγκλίνουν στο ελάχιστο στο (0,0).

Στις συναρτήσεις (**5**) έως και (**8**) έχουμε πολύ καλά αποτελέσματα με τον αλγόριθμο BFOA, όπως και στην (**9**) (ή **Griewank**), παρότι είναι και αυτή ένα δύσκολο πρόβλημα βελτιστοποίησης. Για τις μονοκόρυφες έχουμε ήδη επισημάνει πως δεν υπάρχει πρόβλημα, όπως και για όσες έχουν ένα τοπικό ελάχιστο στην περιοχή

αναζήτησης όπως η (6) στο  $\left(-\frac{1}{\sqrt{2}}, 0\right)$ . Για την (9) Griewank η κλασική εκδοχή του

BFOA είχε ικανοποιητικά αποτελέσματα παρά τα πολλά τοπικά ελάχιστα, γιατί όπως φαίνεται και στα διαγράμματα, αν και υπάρχει μεγάλη απόκλιση στις πρώτες γενιές, στο τέλος η προσέγγιση του ολικού ελαχίστου μετά από την τελευταία αναπαραγωγή είναι πολύ καλή (Εικόνα 37). Γενικά το βελτιωμένο ποσοστό επιτυχίας του BFOA, όπου συμβαίνει, είναι εξαιτίας της φύσης του να εξερευνά περιοχές ενδιαφέροντος και να επικεντρωθεί στις πιο υποσχόμενες σε κάθε επανάληψη.

Τα παραπάνω μπορούμε να τα δούμε και στις γραφικές απεικονίσεις της κίνησης των βακτηρίων στις αντίστοιχες εικόνες της ενότητας 6.3.

Βελτιωμένος παρουσιάζεται ο αλγόριθμος και στις περιπτώσεις που διπλασιάζουμε τον αρχικό πληθυσμό των βακτηρίων  $S$  σε 100 (ενώ διατηρείται σταθερός καθ' όλη τη διάρκεια της αναζήτησης). Προφανώς η αύξηση του μεγέθους του πληθυσμού  $S$  μπορεί ν' αυξήσει σημαντικά την υπολογιστική πολυπλοκότητα του αλγόριθμου. Ωστόσο, για μεγαλύτερες τιμές της  $S$ , είναι πιο πιθανό να αρχίσουμε με μερικά βακτήρια κοντά στο βέλτιστο σημείο, και με την πάροδο του χρόνου να συγκεντρωθούν σε αυτή την περιοχή πολλά βακτήρια, είτε λόγω χημειοτακτισμού είτε λόγω αναπαραγωγής. Στη συνολική συμπεριφορά του πληθυσμού παίζει ρόλο και τιμή του  $N_{re}$ , καθώς επηρεάζει το πώς ο αλγόριθμος παραγνώνει τις κακές περιοχές και εστιάζει σε καλές περιοχές, δεδομένου ότι τα βακτήρια σε σχετικά φτωχές σε θρεπτικά στοιχεία περιοχές πεθαίνουν (σ' αυτά τα μοντέλα, με ένα καθορισμένο μέγεθος πληθυσμού, τα βακτήρια έχουν το χαρακτηριστικό ν' αναπαράγονται με υψηλότερες τιμές σε ευνοϊκά περιβάλλοντα). Αν το  $N_{re}$  είναι πολύ μικρό, ο αλγόριθμος μπορεί να συγκλίνει πρόωρα, μεγαλύτερες τιμές του  $N_{re}$  σαφώς αυξάνουν την υπολογιστική πολυπλοκότητα.

Σ' ένα μεγάλο πληθυσμό επίσης αν το πλάτος προσέλευσης ανάμεσα στα βακτηριακά κύτταρα είναι υψηλό και πολύ βαθύ, τα κύτταρα θα έχουν μια δυνατή τάση να κάνουν σμήνος. Από την άλλη μεριά, αν το πλάτος προσέλευσης είναι μικρό και ρηχό στο βάθος, θα υπάρχει μικρή τάση για συνάθροιση και τα κύτταρα αναζητούν τροφή κατά μόνας. Η κοινωνική αναζήτηση τροφής σε αντίθεση με την ατομική, υπαγορεύεται από την ισορροπία ανάμεσα στα θετικά στοιχεία των σημάτων προσέλευσης μεταξύ των κυττάρων και της συγκεντρωσης θρεπτικών συστατικών.

Ο αριθμός των χημειοτακτικών βημάτων είναι μια άλλη παράμετρος που μεταβάλλαμε κατά τη διάρκεια εκτέλεσης των πειραμάτων και το πρώτο που διαπιστώσαμε είναι η σημαντική καθυστέρηση του BFOA. Μεγάλες τιμές του  $N_c$  έχουν ως αποτέλεσμα πολλά χημειοτακτικά βήματα, και αναμενόμενα πιο βελτιστοποιημένη πρόοδο αλλά και μεγαλύτερη πολυπλοκότητα υπολογισμού. Αν το μέγεθος  $N_c$  που έχει επιλεγεί είναι μικρό, ο αλγόριθμος θα στηρίζεται γενικά στην τύχη και στην αναπαραγωγή, και σε μερικές περιπτώσεις, θα μπορούσε να περιοριστεί σε τοπικό ελάχιστο (πρόωρη σύγκλιση).

Από τη συνολική εικόνα του συγκεντρωτικού πίνακα των σελίδων 82-83 παρατηρούμε ότι στην πλειονότητα των περιπτώσεων που αυξήθηκε το  $N_{ed}$  (γεγονότα εξάλειψης διασποράς), βελτιώθηκε και η απόδοση του αλγόριθμου. Μια χαμηλή τιμή του  $N_{ed}$  υπαγορεύει ότι ο αλγόριθμος δεν θα βασιστεί σε τυχαία γεγονότα μείωσης της διασποράς, στην προσπάθεια να βρεθούν ευνοϊκά περιβάλλοντα. Μια υψηλή τιμή αυξάνει μεν την υπολογιστική πολυπλοκότητα αλλά επιτρέπει στα βακτήρια να αναζητούν περιοχές με καλές συγκεντρώσεις θρεπτικών συστατικών. Επιπρόσθετα και ο ρόλος του  $p_{ed}$  είναι σημαντικός, με μια μεγάλη τιμή πιθανότητας γεγονότος εξάλειψης / διασποράς να οδηγεί τον αλγόριθμο να υποβαθμιστεί σε τυχαία εξαντλητική αναζήτηση. Αν επιλεγεί σωστά, (εδώ είναι σε όλες τις περιπτώσεις 0.25) μπορεί να βοηθήσει τον αλγόριθμο να βγει έξω από τοπικά βέλτιστα και να μπει μέσα σε ολικό βέλτιστο.

Σε αυτή την εργασία, καταβλήθηκε προσπάθεια να παρουσιαστεί μια όσο το δυνατόν σφαιρική εικόνα του φαινομένου της αναζήτησης τροφής στη φύση γενικά και στο βακτήριο *Escherichia Coli* ειδικά, ως μια διαδικασία βελτιστοποίησης για επίλυση



προβλημάτων του πραγματικού κόσμου. Η απλή σχετικά μαθηματική βάση του υλοποιεί με επιτυχία τις λειτουργίες της αναπαραγωγής, χημειοταξίας και εξάλειψης διασποράς μιμούμενη τις αντίστοιχες των πραγματικών βακτηρίων, ενώ η «συναθροιστική» αναζήτηση τροφής δια μέσου διαδικασιών έκλυσης προσελκυστικών/ απωστικών σημάτων ανάμεσα στα κύτταρα, επεκτείνει τις γνωστικές ικανότητες του πληθυσμού των μεμονωμένων βακτηριακών πρακτόρων. Αυτό μας επιτρέπει να είμαστε αισιόδοξοι γιατί με αφορμή την αναζήτηση τροφής της μικρότερης βιολογικής μορφής που έχει μελετηθεί ως τώρα επιτυγχάνεται η επίλυση σύνθετων προβλημάτων βελτιστοποίησης σε πληθώρα εφαρμογών.

Σύμφωνα με τα δικά μας περιορισμένα πειραματικά αποτελέσματα, ο BFOA επέδειξε πολύ καλά αποτελέσματα σε 12 συναρτήσεις αναφοράς. Εδώ έγινε μια προσπάθεια ανάλυσης της δυναμικής του BFOA, ο οποίος εμφανίζεται ως μια ελκυστική τεχνική ολικής βελτιστοποίησης με επίκαιρο ενδιαφέρον. Διεξοδικότερες μελλοντικές έρευνες θα μπορούσαν να εστιαστούν στην επέκταση των ως τώρα χρήσιμων συμπερασμάτων.

Προς την κατεύθυνση αυτή θα συνδράμει και η αυτονόητη συμπερίληψη του Αλγόριθμου Βελτιστοποίησης Αναζήτησης Τροφής από το βακτήριο E.Coli και των παραλλαγών του στην ομάδα των ήδη σημαντικών εξελικτικών αλγόριθμων, τόσο σε διδακτικό όσο και σ' ερευνητικό επίπεδο.



## **ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ**

1. **Berg, H., and D. Brown, 1972.** Chemotaxis in escherichia coli analysed by three-dimensional tracking, Nature, vol. 239, pp. 500-504, Oct.
2. **Biswas, A., et al, 2009.** Analysis of the reproduction operator in an artificial bacterial foraging system, Dep. of Electronics and Telecom. Engg., Jadavpur University, Kolkata, India, Elsevier Inc.
3. **Bonabeau,E., M. Dorigo, and G. Theraulaz, 1999.** Swarm Intelligence: From Natural to Artificial Systems. New York: Oxford Univ. Press.
4. **Cooper, J., Fountas,Gr.** Εισαγωγή στο MATLAB, σειρά minimax, Εκδ. Φούντας, Αθήνα.
5. **Das, S., Biswas, A., et al, 2009.** Bacterial Foraging Optimization Algorithm: Theoretical Foundations, Analysis, and Applications, Jadavpur University, Kolkata, Springer-Verlag Berlin Heidelberg.
6. **Dasguptra, S., et al, 2008.** Adaptive Computational Chemotaxis in Bacterial Foraging Algorithm, Dep. of Electronics and Telecommunication Engineering, Jadavpur University, India, IEEE Org.
7. **DeRosier, D., 1998.** The turn of the screw: The bacterial flagellar motor, Cell, vol. 93, pp. 17-20.
8. **Gazi, V., Passino, K., 2011.** Swarm stability and optimization. (Bacterial Foraging Optimization, , Pages, 233-249).
9. **Howitt, D., Cramer,D., 2006.** Στατιστική με το SPSS 13, Εκδόσεις Κλειδάριθμος, Αθήνα.
10. **Huang, T.-M. Yi, Y., M. Simon, and J. Doyle, 2000.** Robust perfect adaptation in bacterial chemotaxis through integral feedback control, PNAS, vol. 97, pp. 4649-4653, April 25.
11. **Jae Hoon Cho, Jin il Park, Ji Seok Jeong, and Myung Geun Chun, 2009.** Bacterial Foraging with Quorum Sensing based Optimization Algorithm, Science & engineering Foundation Korea.
12. **Kennedy, K., Eberhart, R., 1997.** A Discrete Binary Version of the Particle Swarm Algorithm, Proceedings of 1997 IEEE International Conference on Syst., Man and Cybernetics, 5.
13. **Korani., W., 2008.** Bacterial foraging oriented by particle swarm optimization strategy for PID tuning, In GECCO: Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference, Atlanta, USA.
14. **Levitin, A., 2008.** Εισαγωγή στην ανάλυση και σχεδίαση αλγορίθμων, 2<sup>η</sup> Εκδ. Τζιόλας, Αθήνα.
15. **Losick, P., and D. Kaiser, 1997.** Why and how bacteria communicate, Sci. Amer., vol. 276, no. 2, pp. 68-73.

16. **Lyshevski, S., 2003.** Modeling, Simulation, Control and Optimization Paradigms for E.coli Bacteria, Department of Electrical Engineering, Rochester Institute of Technology, Rochester, NY.
17. **Mishra, S., and M. Tripathy, 2007.** Bacteria foraging based to optimize both real power loss and voltage stability limit IEEE Transactions on Power Systems.
18. **Munoz, M., et al, 2010.** Simplifying the Bacteria Foraging Optimization Algorithm, University of Melbourne, Melbourne, Victoria, Australia.
19. **Niu, B., Xue, B., et al, 2010.** A Novel Bacterial Foraging Optimizer with Linear Decreasing Chemotaxis Step, The University of Hongkong, China.
20. **O'Brien, W., Browman, H., and B. Evans, 1990.** "Search strategies of foraging animals," Amer. Scientist, vol. 78, pp. 152-160, Mar./Apr.
21. **PMAS Organisation, 2001.** The preferred stoichiometry of c subunits in the rotary motor sector of Escherichia coli ATP synthasem, URL : <http://www.pnas.org/content/98/9/4966/F1.expansion.html>
22. **Passino, K., 2000.** Distributed Optimization and Control Using Only a Germ of Intelligence, The Ohio State University, Rio Patras, Greece.
23. **Passino, K., 2002.** Biomimicry of Bacterial Foraging for Distributed optimization and Control, The Ohio State University, IEEE Control System Magazine.
24. **Passino, K., 2003.** Biomimicry for Optimization, Control, and Automation, Dept. Electrical Engineering, The Ohio State University.
25. **Prasanna, K., Das S., 2010.** Multiple Robot Co-Ordination Using PSO and BFOA, Dept. of M.Eng. Nat. Intitute of Technhnology, Rourkela.
26. **Ramos, V., Fernandes, C., Rosa, A., and Abraham, A., 2007.** Computational Chemotaxis in Ants and Bacteria over Dynamic Environments Technical University of Lisbon, IEEE Congress on Evolutionary Computation.
27. **Segall, J., S. Block, and H. Berg, 1986.** Temporal comparisons in bacterial chemotaxis, Proc. Nat. Acad. Sci., vol. 83, pp. 8987-8991.
28. **Shen, H., Zhu, Y., Zhou, X., 2009.** Bacterial Foraging Optimization Algorithm with Particle Swarm Optimization Strategy for Global Numerical Optimization, Shanghai, China.
29. **Stephens, D., and J. Krebs, 1986.** Foraging Theory, Princeton, NJ: Princeton Univ. Press,.
30. **University of Utah, Biology Dep.** An overview of E. coli chemotaxis, URL: [http://chemotaxis.biology.utah.edu/Parkinson\\_Lab/projects/ecolichemotaxis/ecolichemotaxis.html](http://chemotaxis.biology.utah.edu/Parkinson_Lab/projects/ecolichemotaxis/ecolichemotaxis.html)
31. **U.S. Food & Drug Administration, 2011.** Bad Bug Book: Introduction Foodborne Pathogenic Microorganisms and Natural Toxins Handbook, E.Coli. New Hampshire.

32. **Woodward, D., R. Tyson, M. Myerscough, J. Murray, E. Budrene, and H. Berg,** 1995. Spatio-temporal patterns generated by salmonella typhimurium, *Biophys. J.*, vol. 68, pp. 2181-2189.
33. **Βλαχάβας,Ι., Κεφάλας, Π., Βασιλειάδης, Ν.,Κόκκορας,Φ., Σακελλαρίου, 2006.** Η. Τεχνητή Νοημοσύνη, Γ' Έκδοση, Εκδόσεις Β.Γκιουρδας, Αθήνα,.
34. **Γεωργίου, Α., Βασιλείου, Γ., 1993.** Μη γραμμικές Μέθοδοι Βελτιστοποίησης, Εκδ. ΖΗΤΗ, Θεσ/κη.
35. **Ευστρατιάδης, Α., & Χ., Μακρόπουλος, 2011.** Τοπικές και ολικές τεχνικές βελτιστοποίησης, Τομέας Υδατικών Πόρων και Περιβάλλοντος Εθνικό Μετσόβιο Πολυτεχνείο, Διδακτικές Σημειώσεις.
36. **Κουκάς, Σ., 2008.** Υλοποίηση και αξιολόγηση Καινοτόμου Μεθοδολογίας Εξελικτικής Βελτιστοποίησης, Αθήνα.
37. **Μαρινάκης, Ι., Μαρινάκη, Μ., Ματσατσίνης, Φ., Ζοπουνίδης,Κ., 2011.** Μεθευρετικοί και Εξελικτικοί Αλγόριθμοι σε Προβλήματα Διοικητικής Επιστήμης, Εκδ. Κλειδάριθμος, Αθήνα.
38. **Μοσχοβάκη, Α., 2008.** Κολοβακτηρίδιο *escherichia coli*, Άρθρο από Ιστότοπο Iatronet, [http://www.iatronet.gr/article.asp?art\\_id=4865](http://www.iatronet.gr/article.asp?art_id=4865) .
39. **Ξεκαλάκη, Ε., Πανάρετος,Ι.,1995.** Εισαγωγή στη στατιστική σκέψη, Διδακτικές Σημειώσεις Στατιστικής του Οικ. Πανεπιστημίου, Αθήνα.
40. **Πρωτόπαπας Ματθαίος, 2008** .«Γενετικοί Αλγόριθμοι στο παίγνιο Cournot, Πολυτεχνείο Κρήτης.
41. **Ροβιθάκης, Γ., 2006.** Τεχνικές Βελτιστοποίησης, Εκδόσεις Τζιόλα, Θεσσαλονίκη.
42. **Χαλκιαδάκης, Γ., 1999.** Αρχιτεκτονική Πρακτόρων για τη Διενέργεια Ψηφοφοριών, Ηράκλειο, , σελ. 16-22
43. **Χατζηδημητρίου Κ. , 2003.** Σχεδίαση και ανάπτυξη συστήματος πολλών πρακτόρων για τη διαχείριση της προμηθευτικής αλυσίδας, Θεσ/κη, , σελ. 19-27.





## ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ

### Προγραμματιστικός Κώδικας σε MATLAB

#### Αλγόριθμος BFOA

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
% Αναζήτηση Τροφής από σμήνος βακτηρίων Escherichia coli για %
% βελτιστοποίηση
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
% Αυτό το πρόγραμμα προσομοιώνει την ελαχιστοποίηση μιας απλής
% συνάρτησης
% με χημειοτακτισμό, συνάθροιση, αναπαραγωγή και εξάλειψη της
% διασποράς από
% έναν πληθυσμό βακτηρίων E.coli
%
% Μπορούμε ν' αλλάξουμε τη συνάρτηση θρεπτικών συστατικών
% (nutrientsfunc)
% για να μελετηθεί ένας άλλος τύπος συμπεριφοράς συνάθροισης
% (βελτιστοποίηση μιας άλλης συνάρτησης)
%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

clear all % Αρχικοποίηση μνήμης

p=2; % Πλήθος διαστάσεων του χώρου αναζήτησης

S=50; % Ο πληθυσμός των βακτηρίων στον πληθυσμό (για να γίνει
% πιο κατανοητό, απαιτείται ένας άρτιος αριθμός)

Nc=100; % Αριθμός των χημειοτακτικών βημάτων ανά διάρκεια ζωής
% βακτηρίων (ανάμεσα στα αναπαραγωγικά βήματα), θεωρώντας
% για ευκολία ότι είναι σταθερός για κάθε βακτήριο στον
% πληθυσμό
Ns=4; % Όρια του μήκους της πλευσης του βακτηρίου όταν βρίσκεται
% στην κλίση

Nre=4; % Αριθμός βημάτων αναπαραγωγής (τώρα το διάγραμμα έχει
% σχεδιαστεί για Nre=4)
Sr=S/2; % Ο αριθμός των βακτηριακών αναπαραγωγών (διαιρέσεις)
% ανά γενιά (αυτή η επιλογή διατηρεί
% τον αριθμό των βακτηρίων σταθερό)

Ned=2; % Ο αριθμός των γεγονότων εξάλειψης διασποράς (Nre βημάτων
% αναπαραγωγής ανάμεσα σε κάθε γεγονός)

```

```

ped=0.25; % Η πιθανότητα για κάθε ένα από τα βακτήρια να μπορεί να
εξάλειφθεί / διασπαρεί (θεωρούμε
    % τα γεγονότα εξάλειψης διασποράς με τέτοια συχνότητα
ώστε να
    % υπάρχουν μερικές γενιές από βακτήρια πριν το γεγονός
εξάλειψης/διασποράς
    % αλλά για ευκολία εδώ θεωρούμε ότι τα γεγονότα
εξάλειψης /
    % διασποράς συμβαίνει αμέσως μετά την αναπαραγωγή

flag=2; % Αν flag=0 υποδεικνύει ότι υπάρχουν θρεπτικά στοιχεία και
προσέλκυση μεταξύ κυττάρων
    % Αν flag=1 υποδεικνύει ότι δεν υπάρχουν θρεπτικά στοιχεία
και προσέλκυση μεταξύ κυττάρων
    % Αν flag=2 υποδεικνύει ότι υπάρχουν θρεπτικά στοιχεία και
καθόλου προσέλκυση μεταξύ κυττάρων

% Αρχικοποίηση Πληθυσμού

P(:, :, :, :, :)=0*ones(p, S, Nc, Nre, Ned); % Κατά πρώτον διευθετούμε
την απαραίτητη μνήμη

% Αρχικοποίηση τοποθεσιών των βακτηρίων στο κέντρο (για
εκπαιδευτική
% περίπτωση συνάθροισης - όταν χρησιμοποιείται η συνάρτηση
θρεπτικών συστατικών nutrientsfunc1)
%for m=1:S
%   P(:, m, 1, 1, 1)=[15;15];
%end

% Μια άλλη δυνατότητα προετοιμασίας: Τυχαία τοποθέτηση στον τομέα:

for m=1:S
    P(:, m, 1, 1, 1)=(15*((2*round(rand(p, 1))-1).*rand(p, 1))+[15;15]);
end

% Στη συνέχεια, αρχικοποιούμε τις παραμέτρους των βακτηρίων που
συγκρατούν
% μέρος της χημειοτακτικής συμπεριφοράς

C=0*ones(S, Nre); % Εκχώρηση μνήμης

% Ρυθμίζουμε το βασικό μήκος βήματος (ένα βήμα λαμβάνεται αυτό το
μέγεθος, αν δεν έχει μια ανοδική κλίση
% αλλά αν έχει μπορεί να λάβει τόσα πολλά βήματα Ns). C(i, k) είναι
το μέγεθος βήματος για τα i-οστά βακτήρια
% στο k-οστό αναπαραγωγικό βήμα. Προς το παρόν, το μέγεθος βήματος
αναμένεται να είναι σταθερό, εφόσον υποθέτουμε
% ότι κατασκευάζονται τέλεια αντίγραφα, αλλά αργότερα μπορεί να
προσθέσουμε εξελικτικά αποτελέσματα για τροποποίηση
% το τρέχον Ns και Nc.

runlengthunit=0.1;
C(:, 1)=runlengthunit*ones(S, 1);

```

```

% Αρχικοποίηση μνήμης για τη συνάρτηση κόστους:

J=0*ones(S,Nc,Nre,Ned);
Jhealth=0*ones(S,1);

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%

%-----
% Βρόγχος εξάλειψης διασποράς:
%-----

for ell=1:Ned

%-----
% Βρόγχος αναπαραγωγής:
%-----

for k=1:Nre

%-----
% Βρόγχος πλεύσης / περιστροφής (χημειοτακτισμού):
%-----

for j=1:Nc

    for i=1:S % Για κάθε βακτήριο

        % υπολογίζουμε τη συγκέντρωση σε θρεπτικά συστατικά στην
τρέχουσα
        % τοποθεσία κάθε βακτηρίου

        J(i,j,k,ell)=nutrientsfunc(P(:,i,j,k,ell),flag);
%        J(i,j,k,ell)=nutrientsfunc1(P(:,i,j,k,ell),flag);

        % Στη συνέχεια, εφαρμόζουμε το αποτέλεσμα της προσέλκυσης
μεταξύ κυττάρων:

J(i,j,k,ell)=J(i,j,k,ell)+bact_cellcell_attract_func(P(:,i,j,k,ell)
),P(:, :, j,k,ell),S,flag);

%-----
% Περιστροφή:
%-----

        Jlast=J(i,j,k,ell); % Αρχικοποίηση της συγκέντρωσης
θρεπτικών συστατικών για να είναι η αρχή κατά την περιστροφή
% για να χρησιμοποιηθεί παρακάτω όταν
% τεστάrouμε όταν ανέβει στην κλίση
ώστε να
% λάβει χώρα μια διαδρομή

```

```

% Δημιουργούμε πρώτα μια τυχαία κατεύθυνση

Delta(:,i)=(2*round(rand(p,1))-1).*rand(p,1);

% Έπειτα, μετακινούμε όλα τα βακτήρια από ένα μικρό ποσό
προς την κατεύθυνση ώστε η περιστροφή να έχει
% αποτέλεσμα (αυτό υλοποιεί την συμπεριφορά "αναζήτησης"
σε ένα
% ομοιογενές μέσο)

P(:,i,j+1,k,ell)=P(:,i,j,k,ell)+C(i,k)*Delta(:,i)/sqrt(Delta(:,i)'
*Delta(:,i));
% Αυτό προσθέτει το μοναδιαίο διάνυσμα προς τυχαία
κατεύθυνση,
% κλιμακούμενο από το μέγεθος του βήματος C(i,k)

%-----
% Πλεύση (για βακτήρια που φαίνεται να κατευθύνονται προς
τη σωστή κατεύθυνση):
%-----

J(i,j+1,k,ell)=nutrientsfunc(P(:,i,j+1,k,ell),flag); %
Συγκέντρωση θρεπτικών συστατικών για κάθε βακτήριο μετά από ένα
μικρό βήμα
% (που χρησιμοποιείται από το βακτήριο για να αποφασίσει αν
θα εξακολουθήσει να κολυμπά)

% Ακολουθως, επιπροσθέτως το αποτέλεσμα της έλξης μεταξύ
των κυττάρων:

J(i,j+1,k,ell)=J(i,j+1,k,ell)+bact_cellcell_attract_func(P(:,i,j+1
,k,ell),P(:,j+1,k,ell),S,flag);

m=0; % αρχικοποίηση του μετρητή για μήκος πλεύσης

while m<Ns % Ενώ είναι ανοδική η κλίση αλλά δεν έχει
κολυμπήσει για πολύ

    m=m+1;

    if J(i,j+1,k,ell)<Jlast %Δοκιμάζουμε αν κινείται
ανοδικά στην κλίση των θρεπτικών συστατικών.
% Αν ναι, τότε κινείται
παραπέρα προς την ίδια κατεύθυνση.

        Jlast=J(i,j+1,k,ell); % Αρχικά, σώζουμε τη
συγκέντρωση θρεπτικών συστατικών στην τωρινή θέση
% για μεταγενέστερη χρήση να
δούμε αν είναι ανοδική κλίση στο επόμενο βήμα

```

```

% Στη συνέχεια, επεκτείνουμε την πορεία προς την
ίδια κατεύθυνση από την άνοδο του τελευταίου βήματος

P(:,i,j+1,k,ell)=P(:,i,j+1,k,ell)+C(i,k)*Delta(:,i)/sqrt(Delta(:,i)
)'*Delta(:,i));

J(i,j+1,k,ell)=nutrientsfunc(P(:,i,j+1,k,ell),flag);
%
J(i,j+1,k,ell)=nutrientsfunc1(P(:,i,j+1,k,ell),flag);
% Βρίσκουμε τη συγκέντρωση όπου κολυμπούν και
δίνεται μια νέα τιμή στο κόστος
% Ακολουθώντας, επιπροσθέτως το αποτέλεσμα της έλξης
μεταξύ των κυττάρων:

J(i,j+1,k,ell)=J(i,j+1,k,ell)+bact_cellcell_attract_func(P(:,i,j+1
,k,ell),P(:, :, j+1,k,ell),S,flag);

else % Δεν κινείται ανοδικά στην κλίση, έτσι
σταματάει η κίνηση για αυτό το βακτήριο
m=Ns;
end

end % Τεστ αν θα τερματιζόταν η κίνηση του βακτηρίου
end % Αλλιώς πήγαινε στο επόμενο βακτήριο

%-----
end % j=1:Nc
%-----

% Αναπαραγωγή

Jhealth=sum(J(:, :, k, ell), 2); % Ορίζουμε την υγεία για κάθε
ένα από τα S βακτήρια
% Υπάρχουν πολλοί τρόποι να το
καθορίσουμε,
% εδώ έχουμε το άθροισμα των
συγκεντρώσεων θρεπτικών στοιχείων κατά τη διάρκεια της ζωής του
βακτηρίου

% Ταξινομώντας το κόστος και πληθυσμό για να καθορίσουμε ποιά
είναι σε πλεονεκτικότερη αναπαραγωγική θέση
% (σε καλύτερη θρεπτική κατάσταση κατά τη διάρκεια της ζωής
τους

[Jhealth, sortind]=sort(Jhealth); % Ταξινομεί κατά αύξουσα
σειρά κόστους την συγκέντρωση θρεπτικών συστατικών
% στην πρώτη διάσταση (αριθμό
βακτηρίων)

```

```

% sortind είναι οι δείκτες
στη νέα σειρά

P(:, :, 1, k+1, ell)=P(:, sortind, Nc+1, k, ell); % Ταξινομεί τον
πληθυσμό κατά αύξουσα Jhealth (αυτά που έλαβαν τα περισσότερα
θεραπευτικά
% συστατικά είναι
αυτά με τις
% χαμηλότερες τιμές
Jhealth )

C(:, k+1)=C(sortind, k); % Και διατηρεί τις χημειοτακτικές
παραμέτρους με κάθε βακτήριο στην επόμενη γενιά

% Διαιρεί τα βακτήρια (αναπαραγωγή)
for i=1:Sr
    P(:, i+Sr, 1, k+1, ell)=P(:, i, 1, k+1, ell); % Τα λιγότερο
κατάλληλα δεν αναπαράγονται
% όσα είναι
κατάλληλα διαιρούνται σε δύο πανομοιότυπα αντίγραφα
    C(i+Sr, k+1)=C(i, k+1); % και παίρνουν τις
ίδιες παραμέτρους με τη μητέρα τους
end

% Η εξέλιξη μπορεί να προστεθεί εδώ (μπορεί να προσθέσει
τυχαίες τροποποιήσεις στο C(i, k), Ns, Nc, κλπ)

%-----
end % k=1:Nre
%-----

% Εξάλειψη και διασπορά (σχετικά με τον τομέα μας για τη
συνάρτησή μας) - κρατά τις ίδιες παραμέτρους C

for m=1:S
    if ped>rand % Γεννά τυχαίο αριθμό και αν ped μεγαλύτερος
από τον τυχαίο τότε εξαλείφονται / διασπείρονται
        P(:, m, 1, 1, ell+1)=(15*((2*round(rand(p, 1))-
1).*rand(p, 1))+[15;15]);
    else
        P(:, m, 1, 1, ell+1)=P(:, m, 1, Nre+1, ell); % Τα βακτήρια
δεν διασπείρονται
    end
end

%-----
end % ell=1:Ned
%-----

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
% Γραφική παράσταση της συνάρτησης που θέλουμε να
βελτιστοποιήσουμε:

```

```

x=0:31/100:30; % Για τη συνάρτηση μας το εύρος των τιμών που
εξετάζουμε

y=x;

% Υπολογισμός της συνάρτησης της οποίας προσπαθούμε να βρούμε το
ελάχιστο

for jj=1:length(x)
    for ii=1:length(y)
        z(ii,jj)=nutrientsfunc([x(jj);y(ii)],flag);
%         z(ii,jj)=nutrientsfunc1([x(jj);y(ii)],flag);
    end
end

% Πρώτα, δείχνει την πραγματική συνάρτηση που μεγιστοποιείται

figure(1)
clf
surf(x,y,z);
colormap(jet)
% Χρησιμοποιούμε την επόμενη γραμμή για τη δημιουργία διαγραμμάτων
για τα
% ασπρόμαυρα έγγραφα
colormap(white);
xlabel('x=\theta_1');
ylabel('y=\theta_2');
zlabel('z=J');
title('Nutrient concentration (valleys=food, peaks=noxious)');

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
% Στη συνέχεια, παραθέτονται κάποια γραφήματα για τα αποτελέσματα
της
% προσομοίωσης
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

t=0:Nc; % Για χρήση σε σχεδίαση (κάνει το t=0 ν' αντιστοιχεί στο
δείκτη 1 και διάγραμμα στο Nc+1)

% Όπως στο σχήμα 2 (4) φαίνονται οι τροχιές για 4 γενιές, ενώ
μετά ακολουθεί γεγονός εξάλειψης / διασποράς
% Οι εικόνες 3 (5) δείχνουν τις τροχιές για τις επόμενες 4 γενιές
(μετά την εξάλειψη / διασπορά)

for kk=1:Ned
figure(kk+1)
clf
for mm=1:Nre
subplot(2,2,mm)
for nn=1:S % Σχεδιάζει όλες τις τροχιές των βακτηρίων για τη γενιά
mm
plot(t,squeeze(P(1,nn,:,mm,kk)),t,squeeze(P(2,nn,:,mm,kk)))

```



```

%plot(t,squeeze(P(1,nn,:,mm,kk)),'-',t,squeeze(P(2,nn,:,mm,kk)),'-')
axis([min(t) max(t) 0 30])
hold on
end
T=num2str(mm);
T=strcat('Bacteria trajectories, Generation=',T);
title(T)
xlabel('Iteration, j')
xlswrite('D:\MetablitiX.xls',squeeze(P(1,nn,:,mm,kk))) %
Εξαγωγή σε αρχείο Excel τα αποτελέσματα για την πρώτη μεταβλητή
xlswrite('D:\MetablitiY.xls',squeeze(P(2,nn,:,mm,kk))) %
Εξαγωγή σε αρχείο Excel τα αποτελέσματα για τη δεύτερη μεταβλητή
ylabel('\theta_1, \theta_2')
hold off
end
end

for kk=1:Ned
figure(Ned+kk+1)
clf
for mm=1:Nre
subplot(2,2,mm)
contour(x,y,z,25)
colormap(jet)
for nn=1:S % Σχεδιάζει όλες τις τροχιές των βακτηρίων για τη
γενιά mm
hold on
plot(squeeze(P(1,nn,:,mm,kk)),squeeze(P(2,nn,:,mm,kk)))
%plot(squeeze(P(1,nn,:,mm,kk)),squeeze(P(2,nn,:,mm,kk)),'-')
axis([0 30 0 30])
end
T=num2str(mm);
T=strcat('Bacteria trajectories, Generation=',T);
title(T)
% Χρησιμοποιούμε την επόμενη γραμμή για δημιουργία γραφημάτων για
A/M
% έγγραφα colormap(gray);
xlabel('\theta_1');
ylabel('\theta_2');
hold off
end
end

%%%%%%%%%%%%%
pause % Μπορούμε ν' αφήσουμε αυτό αν θέλουμε ν' αποφύγουμε την
κίνηση (Μετά control-C)
%%%%%%%%%%%%%
% Στη συνέχεια, φαίνεται μια ταινία των χημειοτακτικών βημάτων

figure(2*Ned+2)
clf
contour(x,y,z,25)
colormap(jet)
axis([0,30,0,30]);
xlabel('\theta_1');
ylabel('\theta_2');

```

```
        title('Bacteria movements');
hold on

M = moviein(Nc);
    for j=1:Nc;
% Μπορεί να αλλάξει το βήμα της γενιάς και της εξάλειψης/διασποράς
% στην επόμενη γραμμή.
% Επί του παρόντος για 1,1 - δηλώνουμε την πρώτη γενιά στο πρώτο
% βήμα εξάλειψης / διασποράς
        for i=1:S

v=plot(squeeze(P(1,i,j:j+1,1,1)),squeeze(P(2,i,j:j+1,1,1)),'-');
        set(v,'MarkerSize',3);
        end
        M(:,j)=getframe;
    end;

movie(M,0)
movie2avi(M,'D:\sinusoid.avi')
%movie2avi(M, 'D:\sinusoid.avi');
% αποθηκεύουμε τη συνάθροιση των βακτηρίων στο αρχείο
'D:\sinusoid.avi'

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
% End of program
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
```

### Συνάρτηση Βακτηριδιακής προσέλκυσης κυττάρου-προς- κύτταρο

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
% Συνάρτηση προσέλκυσης βακτηριακού κυττάρου προς κύτταρο
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

function [Jar]=bact_cellcell_attract_func(x,theta,S,flag)
% Λαμβάνοντας υπόψη τις τοποθεσίες όλων των βακτηρίων, μπορούμε να
% βρούμε την τιμή της Jar για όλα τα S βακτήρια
% Σημειώστε ότι οι θήτα γραμμές είναι οι διαστάσεις του
% προβλήματος βελτιστοποίησης, ενώ οι στήλες είναι τα S διαφορετικά
% βακτήρια. Επί του παρόντος είναι p=2

if flag==2 % Τεστ για να δούμε εάν το κυρίως πρόγραμμα
υποδεικνύει έλξη κυττάρου προς κύτταρο
    Jar=0;
    return
end

depthattractant=0.1; % Ορίζει το βάθος -μέγεθος της έκκρισης της
έλξης από ένα κύτταρο
widthattractant=0.2; % Καθορίζει πλάτος -το πως θα διαχέεται το
χημικό σήμα συνοχής (το μικρότερο καθιστά μεγαλύτερη διάχυση)

heightrepellant=1*depthattractant; % Ορίζει την απώθηση (τάση να
αποφευχθεί το κοντινό κελί)
widthrepellant=10; % Καθορίζει τη μικρή περιοχή όπου το κύτταρο
μπορεί να διαχύσει ένα χημικό σήμα

Jar=0;

for j=1:S

    % Καθορίζεται πως τα κύτταρα έλκουν άλλα κύτταρα από
    προσελκυστικές
    % εκλύσεις

    Ja=-depthattractant*exp(-widthattractant*((x(1,1)-
theta(1,j))^2+(x(2,1)-theta(2,j))^2));

    % Ορίζει πως το κύτταρο απωθεί άλλα κύτταρα αφού αυτό τρώει
    στη δική
    % του περιοχή (και τα άθικτα κύτταρα δεν αποτελούν προφανώς
    τροφή για άλλα
    % κύτταρα

    Jr=+heightrepellant*exp(-widthrepellant*((x(1,1)-
theta(1,j))^2+(x(2,1)-theta(2,j))^2));

    % Στη συνέχεια, ορίζουμε το συνδυασμένο αποτέλεσμα

    Jar=Jar+Ja+Jr;

end

```

**Υπόδειγμα συνάρτησης προς βελτιστοποίηση**

Συνάρτηση P1:

```
% Συνάρτηση προς βελτιστοποίηση:
function J=nutrientsfunc(theta,flag)

if flag==1 % Test για να δούμε αν το κύριο πρόγραμμα το see if
main program υποδεικνύει θρεπτικά συστατικά
    J=0;
    return
end

% Η συνάρτηση προς βελτιστοποίηση είναι η:
% (Ανάλογος τρόπος ακολουθείται για την εισαγωγή και των υπόλοιπων
% 11 συναρτήσεων)
J=...
+5*exp(-0.1*((theta(1,1)-15)^2+(theta(2,1)-20)^2))...
-2*exp(-0.08*((theta(1,1)-20)^2+(theta(2,1)-15)^2))...
+3*exp(-0.08*((theta(1,1)-25)^2+(theta(2,1)-10)^2))...
+2*exp(-0.1*((theta(1,1)-10)^2+(theta(2,1)-10)^2))...
-2*exp(-0.5*((theta(1,1)-5)^2+(theta(2,1)-10)^2))...
-4*exp(-0.1*((theta(1,1)-15)^2+(theta(2,1)-5)^2))...
-2*exp(-0.5*((theta(1,1)-8)^2+(theta(2,1)-25)^2))...
-2*exp(-0.5*((theta(1,1)-21)^2+(theta(2,1)-25)^2))...
+2*exp(-0.5*((theta(1,1)-25)^2+(theta(2,1)-16)^2))...
+2*exp(-0.5*((theta(1,1)-5)^2+(theta(2,1)-14)^2));
```