



Ingeniería. Investigación y Tecnología

ISSN: 1405-7743

iit.revista@gmail.com

Universidad Nacional Autónoma de

México

México

Ríos Willars, Ernesto; Liñán García, Ernesto; Batres, Rafael; Garza García, Yolanda
Perfiles de comportamiento numérico de los métodos de búsqueda immune network
algorithm y bacterial foraging optimization algorithm en funciones benchmark
Ingeniería. Investigación y Tecnología, vol. XVII, núm. 4, octubre-diciembre, 2016, pp. 479
-490

Universidad Nacional Autónoma de México
Distrito Federal, México

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=40447587007>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Perfiles de comportamiento numérico de los métodos de búsqueda *immune network algorithm* y *bacterial foraging optimization algorithm* en funciones *benchmark*

Performance Profiles of the Algorithms Immune Network Algorithm and Bacterial Foraging Optimization Algorithm in Benchmark Functions

Ríos-Willars Ernesto

Universidad Autónoma de Coahuila
Facultad de Ciencias Químicas
Departamento de Biotecnología
Correo: ernesto.rios.w@gmail.com

Liñán-García Ernesto

Universidad Autónoma de Coahuila
Facultad de Sistemas
Correo: ernesto_linan_garcia@uadec.edu.mx

Batres Rafael

Tecnológico de Monterrey, Campus Cuernavaca
Departamento de Ingeniería Industrial
Correo: rafael.batres@itesm.mx

Garza-García Yolanda

Universidad Autónoma de Coahuila
Facultad de Ciencias Químicas Departamento de Biotecnología
Correo: ygarza@uadec.edu.mx

Información del artículo: recibido: noviembre de 2015, aceptado: junio de 2016

Resumen

En este trabajo se reporta la aplicación del concepto de perfiles de comportamiento numérico en la comparación del desempeño numérico de los métodos *Immune Network Algorithm* y *Bacterial Foraging Optimization* en 18 funciones *benchmark* de optimización. Específicamente la robustez, eficiencia y el tiempo de ejecución de estos métodos se compararon en espacios de búsqueda con múltiples mínimos locales, *bowl-shaped*, *plate-shaped*, *valley-shaped*, *steep ridges* y otras conocidas funciones de optimización como *styblinski-tang* y *beale function*. Los resultados muestran que el método AiNet (Castro *et al.*, 2002) es más robusto que el método BFOA (Passino, 2010) para los casos de estudio considerados en este trabajo. Sin embargo, existen diferencias en la eficiencia (número de funciones evaluadas y tiempo de convergencia) entre ambos métodos. Donde BFOA es el algoritmo con mejor desempeño en cuanto al número de funciones evaluadas.

Descriptores:

- perfil de comportamiento
- funciones *benchmark*
- AiNet
- BFOA
- optimización

Abstract

This paper reports the application of the performance profiles model comparing the numerical methods Immune Network (AiNet) and Bacterial Foraging Optimization Algorithm (BFOA) in 18 benchmark optimization functions. Specifically robustness, efficiency and execution time of these methods were compared in search spaces with local minima multiple, bowl-shaped, plate-shaped, valley-shaped, steep ridges and other known optimization functions as styblinski-tang and beale function. The results show that the method AiNet (Castro et al., 2002) is more robust than the BFOA method (Passino, 2010) for the case studies considered in this work. However there are differences in the efficiency (number of evaluated functions and convergence time) between both methods. BFOA is the algorithm with best perform in terms of the number of evaluated functions.

Keywords:

- performance profile
- benchmark functions
- AiNet
- BFOA
- optimization

Introducción

Los métodos de búsqueda inspirados en procesos naturales se consideran confiables y adecuados para resolver diversos problemas de optimización que se caracterizan por tener funciones objetivo altamente no lineales y no convexas. De forma particular, en el área de ingenierías existen diversas funciones conocidas como *benchmark* con las que se pretende representar la complejidad de problemas reales. Estas funciones se emplean para el estudio y comparación del desempeño de métodos de optimización (Kämpf et al., 2010). En este contexto, varios estudios han demostrado que los métodos inspirados en procesos naturales, son robustos, fáciles de implementar y de aplicación general para la resolución de problemas en diversos contextos de la aplicación de meta heurísticas (Yang, 2010). Específicamente los métodos basados en optimización según la actividad celular emplean la estrategia de reproducción o clonación de aquellas que ofrecen mejores resultados en la búsqueda. Esta es una característica en común con el conocido algoritmo genético de Holland (1975).

En cuanto a las funciones *benchmark*, estas tienen diferentes complejidades y suelen ser multimodales, multidimensionales, y con un número n de diferentes mínimos locales. Cada uno de los espacios de búsqueda representa un problema particular para el algoritmo de optimización (Molga et al., 2005). Hasta ahora se han desarrollado diferentes algoritmos inspirados en la actividad celular, como por ejemplo los basados en el sistema inmune de los organismos, que se encargan de la detección y eliminación de potenciales amenazas externas, así como aquellos algoritmos inspirados en la actividad bacterial en búsqueda de nutrientes. También las conocidas redes neuronales son sistemas artificiales inspirados en las células del sistema nervioso, conocidas como neuronas, pero es principalmente explotado

en el área de reconocimiento de patrones y aprendizaje (Brownlee, 2011). Con base en lo anterior, en este trabajo se reporta un comparativo de comportamiento numérico entre dos algoritmos inspirados en procesos naturales, particularmente la actividad celular. Estos algoritmos son:

- a) Bacterial Foraging Optimization Algorithm (Passino, 2010) e
- b) Immune Network Algorithm (Castro et al., 2002).

La comparación de estos métodos se realizó empleando el concepto de perfiles numéricos propuesto por (Dolan et al., 2002) y recientemente empleado por (Bonilla et al., 2011) con el objeto de establecer las diferencias relativas entre los algoritmos en términos de robustez (capacidad de alcanzar el óptimo global), eficiencia (esfuerzo numérico requerido durante la secuencia de optimización).

Trabajos previos y justificación

El algoritmo *Bacterial Foraging Optimization Algorithm* (BFOA) se emplea en múltiples problemas del área de ingenierías y optimización en general, por ejemplo los siguientes: en (Kou, 2010) una aplicación de BFOA en el diseño de turbinas, o la que presenta Vaisakh (2009) donde se propone una aplicación al problema de ruteo de vehículos. En (Dehghan, 2011) se aplica BFOA como estrategia para el diseño de filtros activos en ingeniería eléctrica y en Ali (2013) para el problema de transferencia de potencia. Mientras que en Regis (2011) y Wu (2013) se emplea para el diseño de un PID un convertidor DC-DC electrónico. Asimismo en Jati (2012) se propone una aplicación al problema de la planificación de movimientos robóticos. Por otro lado, en Minshed (2012) hay una aplicación como estrategia de localiza-

ción en un radar lasser. En Wu (2013) se usa BFOA en el problema de *Hydro Power Dispatch*. En Bejinariu (2013) la aplicación de BFOA consiste en la optimización del registro de imágenes en procesadores *hardware* multi-núcleo. En Dasgupta (2008) existe una aplicación al problema de reconocimiento de patrones. Las implantaciones de este algoritmo en diferentes contextos han generado una serie de propuestas y adaptaciones a partir del algoritmo original de Passino. A continuación se clasifican y describen brevemente.

Adaptaciones y mejoras: Por ejemplo, en Dasgupta (2009a) se diseña una versión de BFOA adaptativo con una estrategia para acelerar la convergencia al óptimo. Señalan que este algoritmo puede quedar oscilante cuando está muy cerca del objetivo. Proponen un operador que cambia dinámicamente los pasos de quimiotaxis según los valores de *fitness* obtenidos. En Abraham (2008) se analiza la etapa de reproducción de BFOA como determinante en la convergencia a través de dos ecuaciones diferenciales y en un escenario de dos bacterias en un plano. En Dasgupta (2009b) se propone una versión BFOA donde la mejor bacteria se mantiene intacta (elitismo) mientras las otras, que son unas cuantas, se reinician. En Borovska (2011) se hace una paralelización de BFOA aplicado al problema de planeación de tareas.

Modelos matemáticos: en Das S.D. (2009); Das S.B. (2009) y Thomas (2013) se hace una descripción detallada del algoritmo desde el punto de vista matemático.

Comparativas de desempeño: en Jati (2012); Rout (2013); Mezura (2009); Baijal (2011) y Mezura (2008) se hace una comparativa del desempeño de BFOA con otros algoritmos de optimización y en el contexto de diferentes problemas.

Hibridaciones: en Praveena (2010) existe una descripción de la hibridación entre PSO, BFOA y *Differential Evolution* (DE). En Minshed (2012) se propone un híbrido entre BFOA y Firefly Optimization aplicado al problema de ruteo vehículos. En Narendhar (2012) se describe un híbrido entre ant colony y BFOA aplicado al problema de programación de labores. El trabajo en Moncayo (2014) es un híbrido entre algoritmo genético y BFOA aplicado al problema de distribución de plantas de celdas de manufactura. En Shen (2009) se aplica un híbrido de BFOA y PSO al problema de optimización numérica global.

En cuanto al algoritmo *Immune Network Algorithm* (AiNet), los trabajos previos también se encuentran en el contexto de ingeniería y optimización. Por ejemplo los siguientes: en Andrews (2006) se explora la eficiencia de un operador que asegura la diversidad en la población de soluciones. El trabajo de Li (2010)

se refiere al uso de AiNet en la predicción de desastres naturales a partir de bases de datos históricas del clima. En Ju (2012) se hace una comparativa de desempeño de AiNet en el problema de programación de tareas. Comparan resultados con el algoritmo genético, recocido simulado y colonia de hormigas. En Wei (2011) Aplican AiNet como estrategia de búsqueda en el modelo de aprendizaje cualitativo (QLM), mientras que en Rautenberg (2008) para la construcción de redes neuronales. El trabajo en De Franca (2010) y Agiza (2011) se refiere al desarrollo de dos versiones de AiNet para comparar su desempeño en funciones *benchmark*. En el contexto de la medicina, el trabajo de Tsankova (2007) se refiere al uso de AiNet en la predicción del desarrollo de Cáncer a partir de bases de datos genéticas y casos fatales versus casos de cura. En el contexto de la ingeniería, en Campelo (2006) existe una Aplicación de AiNet en el diseño de dispositivos electromagnéticos.

En el área optimización es frecuente hacer comparativas de desempeño entre algoritmos en problemas de interés, una de las prácticas comunes es trabajar con promedios de repeticiones de forma que faciliten la comparativa, y en algunos casos se realizan pruebas estadísticas como la conocida prueba *t* para contrastar promedios. Sin embargo, este procedimiento no permite observar en términos globales el desempeño de un conjunto de algoritmos a la luz de un conjunto de problemas. Ante esto existen herramientas como el perfil de comportamiento numérico. Este trabajo introduce la aplicación de esta herramienta como comparativa para estos algoritmos y se realiza para tres diferentes métricas. Se trata de un aporte para documentar y contrastar la eficiencia y eficacia de los algoritmos presentados.

Métodos inspirados en la naturaleza

Desde el comienzo de la humanidad, el hombre fue capaz de obtener recursos de la naturaleza, como alimentos y refugio que encontraba a su paso. Con el tiempo, fue posible comprender mejor las bases de diferentes procesos naturales hasta lograr cultivar alimentos, domesticar animales y construir refugios según las necesidades. Gradualmente, el conocimiento del hombre sobre los procesos naturales se ha incrementado, hasta los días modernos en que es posible “manejar la vida” en diferentes niveles, por ejemplo, crear alimentos transgénicos, combatir enfermedades y cultivar cepas de organismos unicelulares (Castro *et al.*, 2004).

Actualmente con los recursos de cómputo es posible observar la naturaleza como fuente de inspiración para

el desarrollo de técnicas de optimización y solución de problemas complejos en ingeniería y otros contextos. En el área de la computación inspirada en procesos naturales, existe la rama de computación inspirada en procesos biológicos que se refiere particularmente a procesos naturales de los organismos vivos. Entre los procesos naturales no biológicos existe por ejemplo el recocido de materiales que inspira el algoritmo de recocido simulado Kirkpatrick (1984).

En el área optimización existen modelos inspirados en procesos biológicos:

- a) *Bacterial Foraging* (forrajeo de bacterias). Este modelo se inspira en la forma en que las colonias de bacterias son capaces de trasladarse hacia un punto en el que perciben mayor cantidad de nutrientes. Así mismo, son capaces de apartarse de toxinas y factores desfavorables para la colonia. Este es un modelo relacionado con el algoritmo de *quimiotaxis bacterial de Muller* (2002) así como otros basados en el modelo de enjambres. Las bacterias como *E.Coli* segregan sustancias que atraen y repelen a otras bacterias de la misma especie. La movilidad bacterial está determinada por el uso de flagelos que se mueven en dirección o contra-dirección de las manecillas del reloj. El movimiento de una bacteria se puede dar en forma de tumbos (tumble) o nado (swim), y esto se determina por su percepción del entorno, es decir, el gradiente de nutrientes/toxinas en conjunto con la interacción de otras bacterias (Brownlee, 2011). Este trabajo se centra en el algoritmo BFOA.
- b) *Immune System* (sistema inmune). El área de *sistemas inmunes artificiales* (SIA) está relacionada con los métodos computacionales inspirados en el sistema inmuno-biológico de los organismos, principalmente el de los mamíferos, que permite la detección y eliminación de patógenos que significan un riesgo para el organismo en cuestión. Los patógenos pueden ser bacterias, virus, parásitos y polen. La identificación de patógenos se logra por diferenciación. El sistema inmune adquirido, también llamado adaptativo, es responsable de especializar la defensa para amenazas específicas. Este tipo de sistema de defensa está presente en organismos vertebrados, a diferencia del sistema inmune innato. Una característica del sistema inmune es la capacidad de retener información de los patógenos que atacan al sistema, como estrategia para futuras apariciones del mismo patógeno. Las células conocidas como glóbulos blancos, son los principales actores en el sistema inmune, ya que están involucrados tanto en

la identificación como en la eliminación de los patógenos (Brownlee, 2011). Los trabajos por incorporar a este modelo biológico en modelos algorítmicos enfocados a la optimización tienen orígenes en trabajos previos (Hoffmann, 1986 y Hofmeyr, 1999). Los SIA modernos están inspirados en alguna de las tres sub-áreas de estudio: *clonal selection*, *negative selection* o *immune network*. Estos modelos se emplean en problemas de optimización, clasificación y reconocimiento de patrones. Destaca el trabajo de Castro (2002) que es una introducción a inmunología con el grado de detalle para diseño de algoritmos. Este trabajo se centra en el algoritmo AiNet.

Algoritmo BFOA

La optimización por enjambre de bacterias o *bacterial foraging optimization algorithm* (BFOA) representa una aproximación diferente a la búsqueda de valores óptimos en funciones no lineales, desarrollado por Passino (2010), se basa en el comportamiento quimiotáctico de la bacteria *Escherichia Coli* (*E. Coli*). Si bien, utilizar la quimiotaxis como modelo para optimización se propuso por primera vez en Bremermann (1974) y se ha utilizado en trabajos de Leiviskä (2006), el trabajo de Passino incluye algunas modificaciones como la reproducción y la dispersión de los agentes. La *E.Coli* es quizás el microorganismo más comprendido, ya que su comportamiento y estructura genética están bien estudiados.

Esta consta de una cápsula que incluye sus órganos y flagelos, que utiliza para su locomoción; posee capacidad de reproducirse por división y también es capaz de intercambiar información genética con sus congéneres. Además, es capaz de detectar nutrientes y evitar sustancias nocivas, efectuando un tipo de búsqueda aleatoria, basado en dos estados de locomoción: el desplazamiento o nado (swim) y el giro o turbo (tumble). La decisión de permanecer en alguno de estos dos estados se basa en la concentración de nutrientes o sustancias nocivas en el medio. Este comportamiento se denomina quimiotaxis. A continuación se describen los pasos de la optimización con el algoritmo BFOA (Regis et al., 2011).

Paso 1: El ciclo de la quimiotaxis se describe en la figura 1. En este proceso el movimiento de *E.Coli* se simula. El movimiento se efectúa de dos formas: dando tumbos o a nado, una operación a la vez. Se calcula el valor de la función objetivo. La bacteria cambia su posición si el valor de la función objetivo modificada es peor que la anterior. Al completar la quimiotaxis la bacteria estará rondando un punto en el espacio de búsqueda.

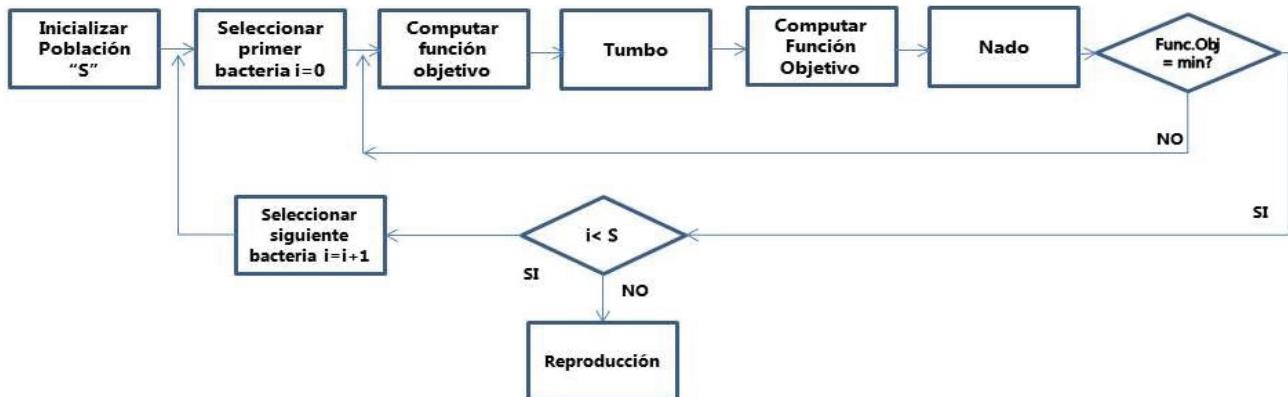


Figura 1. Proceso de Quimiotaxis: Las células o bacterias realizan movimiento en forma de nado (swim) o tumbos (tumble) como estrategia para su movilización en busca de nutrientes o apartarse de condiciones desfavorables

Paso 2: El proceso de reproducción. El valor de la función objetivo se calcula para cada una de las bacterias en la población ordenada. La peor mitad de la población se descarta y la mejor mitad se duplica. Para esta nueva generación de bacterias el ciclo de quimiotaxis se inicia y el proceso continúa por el número de pasos de reproducción.

Paso 3: En el ciclo de eliminación-dispersión, algunas bacterias se eliminan con baja probabilidad y se dispersan en un punto aleatorio del espacio de búsqueda. Este proceso mantiene constante el número de bacterias.

Los parámetros de entrada son el número de bacterias S_b , límite de pasos de quimiotaxis N_c , límite de pasos de nado N_s , límite de ciclos de reproducción N_{re} , número de bacterias a producir S_r , límite del ciclo de eliminación-dispersión N_{ed} , tamaño de paso C_i y probabilidad de eliminación-dispersión P_{ed} . El costo de cada bacteria se optimiza por su interacción con otras bacterias. La función de interacción se calcula de acuerdo con la expresión $g()$.

$$g(cell_k) = \sum_{i=1}^S [-d_{attr} * e^{(-w_{attr} * \sum_{m=1}^P (cell_m - other_m^i)^2)} + \sum_{i=1}^S [h_{repel} * e^{-w_{repel} * \sum_{m=1}^P (cell_m - other_m^i)^2}]]$$

donde

- $cell_k$ = bacteria en cuestión
- d_{attr} y w_{attr} = coeficientes de atracción
- h_{repel} y w_{repel} = coeficientes de repulsión
- S = número de bacterias en la población
- P = número de dimensiones o variables a optimizar en cada bacteria

La representación “other” es “otra célula” interactuando con $cell_k$.

Algoritmo AiNet

Recientemente el algoritmo de optimización basado en el sistema inmune (Castro y Timmis 2002) ha llamado la atención de los investigadores por su potente capacidad de manejo de información. El sistema inmune natural es complejo y con diferentes mecanismos de defensa contra organismos invasores, tiene características como: especificidad, reconocimiento de patrones, diversidad, tolerancia a fallas, memoria y aprendizaje, auto-organización, cooperación entre capas, entre otros.

El objetivo de una red inmune es el de preparar o construir un repertorio de detectores para un problema dado, donde las células con mejor desempeño suprimen a aquellas con baja afinidad en la red. Este objetivo se alcanza exponiendo a la población a información externa, a partir de la cual se generan respuestas en forma de clonaciones y dinámica iter-cellular.

Las dos teorías que principalmente motivaron el desarrollo de este modelo de optimización son (Aragón *et al.*, 2010): *Immune Network Theory* (IN) y *Clonal Selection Theory* (CS). El principio de CS es la teoría que se emplea para describir la respuesta adaptativa del sistema inmune hacia estímulos antigenicos. La premisa de este modelo establece que el sistema inmune reacciona únicamente cuando se invade por estímulos externos. Así que la respuesta del sistema es la producción de anticuerpos por las células B una vez que el antígeno ha entrado al sistema. Entonces en la presencia del antígeno, aquellos anticuerpos con mayor afinidad o capacidad de reconocer el antígeno son los privilegiados para proliferar, produciendo enormes cantidades de anticuerpos clones con diversidad

basada en mutación. Por otro lado, la teoría IN establece que los anticuerpos (receptores de las células B) tienen partes llamadas *idiotopes* que pueden reconocerse por otros anticuerpos en otras células B. Esta característica de reconocer y ser reconocido le da al sistema una dinámica intrínseca. A continuación se describe el pseudo código y la estrategia de optimización del algoritmo AiNet (Brownlee, 2011).

La cantidad de mutación de los clones es proporcional a la afinidad de la célula original (padre) con la función objetivo en términos de que a una mejor aptitud (afinidad) le corresponde menor mutación. También se adicionan células aleatorias. Para limitar la redundancia se efectúa la eliminación de células según su similitud con otras. El tamaño de la población es dinámico y si continúa creciendo, puede significar que el espacio de búsqueda tenga múltiples mínimos locales o que el umbral de afinidad necesite un ajuste. La mutación proporcional a la afinidad se hace con $c' = c + a \times N(1, 0)$ donde $a = 1/\beta \times \exp(-f)$, N es un número gaussiano aleatorio y f es el grado de aptitud o *fitness* de la célula original (padre), c' es la mutación de la célula c , β controla el decremento de la función y puede establecerse en 100. El umbral de afinidad es específico del problema y su representación. Por ejemplo, dicho umbral de afinidad se puede establecer en 0.1 como valor arbitrario o se puede calcular como porcentaje del tamaño del espacio de búsqueda. El número de células aleatorias insertadas puede ser 40% de la población. El número de clones a partir de una célula dada suele ser pequeño, por ejemplo 10.

Funciones Benchmark

Para asegurar una diversidad de pruebas se emplea un conjunto de 18 funciones de problemas conocidos en el área de optimización (Chase *et al.*, 2010; Molga, 2005) ver tabla 1. Estos se clasifican según la similitud y forma del espacio de búsqueda (Surjanovic, 2013), algunas funciones tienen múltiples mínimos locales, otras tienen forma plana, forma de valle o profundidad como tazón, otras son escalonadas y de varias formas. Para esta comparativa todas las funciones son bidimensionales ($d=2$).

Parámetros y recursos

Los algoritmos BFOA y AiNet se desarrollaron en lenguaje Ruby, en equipo de cómputo con procesador Intel core i7, 10Gb en memoria RAM y sistema operativo Windows 7. Las gráficas se generaron en el software Excel de Microsoft. En cuanto a los parámetros de los algoritmos, se adoptaron los considerados *default*, reportados por Brownlee (2011).

Determinación de los perfiles numéricos

La comparación del comportamiento numérico (robustez, eficiencia) de los métodos BFOA y AiNet se realizó al emplear el concepto de perfil de comportamiento numérico. El perfil de comportamiento para un método de optimización se define como la función de distribución acumulativa para una métrica de comportamiento o desempeño numérico (Dolan, 2002). Dicha métrica puede corresponder a algún factor de interés en la comparativa de desempeño, como el tiempo necesario para alcanzar la convergencia del método de optimización, la cantidad de funciones evaluadas durante la secuencia de cálculo o la capacidad del método para localizar al óptimo global de la función objetivo. En este trabajo, las siguientes métricas se consideran para la comparación de los dos métodos: la distancia relativa entre el óptimo localizado por el método de optimización y el óptimo global conocido: d . La cantidad de funciones evaluadas durante la secuencia de optimización (NFE) y el tiempo de ejecución (T) para la convergencia. La primera métrica se asoció con la robustez del método (es decir, la capacidad de la estrategia numérica para localizar al óptimo global de la función objetivo) mientras que la segunda y tercera corresponden a una medida de la eficiencia de los métodos estocásticos (Ali *et al.*, 2005).

Para la evaluación de estas métricas, se asume que existen $n_s = 2$ métodos de optimización y $n_p = 18$ problemas o casos de estudio. Cada uno de los casos de estudio se resolvió en 30 ocasiones con estimaciones iniciales aleatorias y diferentes secuencias de números aleatorios, considerando una tolerancia de 1.0E-06 en el valor de la función objetivo como criterio de convergencia para ambos métodos. Para cada problema y método de optimización, las métricas $t_{p,s}$ se calcularon empleando los resultados de 30 cálculos y las siguientes expresiones.

$$t_{p,s}^d = \frac{\hat{f}_{obj} - \dot{f}_{obj}}{\hat{f}_{obj}^w - \dot{f}_{obj}} \quad t_{p,s}^{NFE} = \hat{NFE} \quad t_{p,s}^T = \hat{T}$$

donde

\hat{f}_{obj}	= valor promedio de la función objetivo calculado por el método de optimización
\dot{f}_{obj}	= óptimo global de la función objetivo
\hat{f}_{obj}^w	= valor máximo para la función objetivo encontrado dentro la secuencia de cálculo
\hat{NFE} y \hat{T}	= valor promedio del número de funciones evaluadas y el tiempo para alcanzar la convergencia del método de optimización

Tabla 1. Conjunto de funciones Benchmark

Benchmark	Función	var	Espacio de Búsqueda	Mínimo Global
Cross in Tray	$f(x) = -0.0001 \left\{ \sin_{x_1} \sin_{x_2} e^{\left \left 100 \frac{\sqrt{x_1^2 + x_2^2}}{\pi} \right \right } + 1 \right\}^{0.1}$		$x_i \in [-10, 10]$	-2.06261
Drop Wave	$f(x) = -\frac{1 + \cos(12\sqrt{x_1^2 + x_2^2})}{0.5(x_1^2 + x_2^2) + 2}$		$x_i \in [-5.12, 5.12]$	-1
Holder Table	$f(x) = -\left \sin(x_1) \cos(x_2) e^{\left \left 1 \frac{\sqrt{x_1^2 + x_2^2}}{\pi} \right \right } \right $		$x_i \in [-10, 10]$	-19.2085
EggHolder	$f(x) = -(x_2 + 47) \sin\left(\sqrt{ x_2 + \frac{x_1}{2} + 47 }\right) - x_1 \sin\left(\sqrt{ x_1 - (x_2 + 47) }\right)$		$x_i \in [-512, 512]$	-959.6407
Rastrigin	$f(x) = 10d + \sum_{i=1}^d [x_i^2 - 10 \cos 2\pi x_i]$		$x_i \in [-5.12, 5.12]$	0
Shubert	$f(x) = \left(\sum_{i=1}^5 i \cos((i+1)x_i + 1) \right) \left(\sum_{i=1}^5 i \cos((i+1)x_i + 1) \right)$		$x_i \in [-10, 10]$	-186.7309
Schwefel	$f(x) = 418.9829d - \sum_{i=1}^d x_i \sin(\sqrt{ x_i })$		$x_i \in [-500, 500]$	0
Schaffer2	$f(x) = 0.5 + \frac{\sin^2(x_1^2 - x_2^2) - 0.5}{1 + 0.001(x_1^2 + x_2^2)^2}$		$x_i \in [-100, 100]$	0
Ackley	$f(x) = \alpha e^{-\frac{1}{d} \sum_{i=1}^d x_i^2} - e^{\frac{1}{d} \sum_{i=1}^d \cos(cx_i)} + \alpha + e^1$	$a = 20$ $b = 0.2$ $c = 2\pi$	$x_i \in [-32.768, 32.768]$	0
Booth	$f(x) = (x_1 + 2x_2 - 7)^2 + (2x_1 + x_2 - 5)^2$		$x_i \in [-10, 10]$	0
Matyas	$f(x) = 0.26(x_1^2 + x_2^2) - 0.48x_1x_2$		$x_i \in [-10, 10]$	0
Zakharov	$f(x) = \sum_{i=1}^d x_i^2 + \left(\sum_{i=1}^d 0.5ix_i \right)^2 + \left(\sum_{i=1}^d 0.5ix_i \right)^4$		$x_i \in [-5, 10]$	0
Sphere	$f(x) = \sum_{i=1}^d x_i^2$		$x_i \in [-5.12, 5.12]$	0
Rosenbrok	$f(x) = \sum_{i=1}^{d-1} [100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (x_i - 1)^2]$		$\in [-5, 10^-]$	0
Michalewicz	$f(x) = -\sum_{i=1}^d \sin(x_i) \sin^{2m}(\pi x_i^2 / \pi)$	$m = 10$	$x_i \in [0, \pi]$	-1.8013
Easom	$f(x) = -\cos(x_1) \cos(x_2) e^{-(x_1 - \pi)^2 - (x_2 - \pi)^2}$		$x_i \in [-100, 100]$	-1
Beale	$f(x) = (1.5 - x_1 + x_1 x_2)^2 + (2.25 - x_1 + x_1 x_2^2)^2 + (2.62 - x_1 + x_1 x_2^3)^2$		$x_i \in [-4.5, 4.5]$	0
Styblinski-Tang	$f(x) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^d (x_i^4 - 16x_i^2 + 5x_i)$		$x_i \in [-5, 5]$	-39.16599d

Tabla 2. Parámetros de los algoritmos BFOA y AiNet

Algoritmo BFOA		Algoritmo AiNet	
Parámetro	Valor	Parámetro	Valor
Población	50	Límite de Generaciones	150
Step size	0.1	Población	20
Ciclos de eliminación-dispersión (Ned)	1	Número de Clones	10
Ciclos de reproducción (Nre)	4	Beta	100
Ciclos de quimiotaxis (Nc)	70	Números aleatorios	2
Longitud de nado (Ns)	4	Umbral de afinidad	0.05 del espacio de búsqueda
Prob. de eliminación (Ped)	0.25		
d_attr	0.1		
w_attr	0.2		
h_rep	d_attr		
w_rep	10		

Es importante señalar que los valores de \hat{f}_{obj} , \hat{NFE} y \hat{T} se determinaron empleando los 30 experimentos numéricos realizados para el caso de estudio. Conforme a lo establecido por Ali *et al.* (2005) y Bonilla *et al.* (2011), en la literatura se suelen usar valores promedio para las métricas de comportamiento con el objeto de describir el desempeño de los métodos. Con base en lo anterior, este estudio también emplea dicho enfoque. Por otro lado, para las tres métricas, la tasa de comportamiento numérico $r_{p,s}$ se define como

$$r_{p,s} = \frac{t_{p,s}}{\min\{t_{p,s} : s \in S\}}$$

Donde S corresponde al conjunto de métodos de optimización analizados. Se puede observar que el valor de dicha tasa es igual a 1 para el método que presenta el mejor comportamiento en un problema específico, ya que para ambas métricas es deseable obtener el valor mínimo posible (Dolan, 2002 y Ali *et al.*, 2005). Finalmente, la tasa de probabilidad acumulativa $\rho_s(\tau)$ para el método de optimización s y la métrica en cuestión se define como

$$\rho_s(\tau) = \frac{1}{n_p} \text{ cantidad } \{p \in P : r_{p,s} \leq \tau\}$$

Donde τ es un factor que se define en $(1, \infty)$. La gráfica del perfil de comportamiento, es decir, el gráfico de ρ_s versus τ , compara el desempeño relativo entre los métodos de optimización para el grupo de problemas considerados (Dolan, 2002). Hasta el momento los perfiles de compor-

tamiento se han utilizado por Montaz *et al.* (2005) empleando funciones objetivo clásicas del área de optimización, y por Bonilla *et al.* (2011) empleando funciones del área de la ingeniería química. No obstante, dicho concepto no se ha empleado en la comparativa de los métodos descritos en este estudio.

Resultados y discusión

El perfil de comportamiento para la métrica $t_{p,s}^d$, que se asocia a la capacidad del método de optimización para acercarse al óptimo global en los problemas considerados, se muestra en la figura 2. Como se puede observar, el método AiNet presenta un mejor comportamiento para esta métrica, en contraste con el método BFOA dentro del rango analizado para τ . También estos resultados indican que en 81% de los casos de estudio el método AiNet proporciona mejor solución ($\tau = 1$), mientras que BFOA solamente lo consigue en 19% de los casos.

Para el caso de la eficiencia, en la métrica \hat{NFE} es indudable que el método BFOA supera al método AiNet (figura 3) para todos los casos de estudio.

Para el caso de la eficiencia, en la métrica del tiempo empleado por el método de optimización \hat{T} , se puede observar en la figura 4 que el método AiNet tuvo un mejor desempeño en contraste con BFOA.

Con el objeto de proporcionar más elementos para el comparativo de estos métodos de optimización, en la tabla 3 se muestran los valores de \hat{f}_{obj} , \hat{NFE} y \hat{T} para las dos estrategias de optimización en todos los casos de estudio considerados.

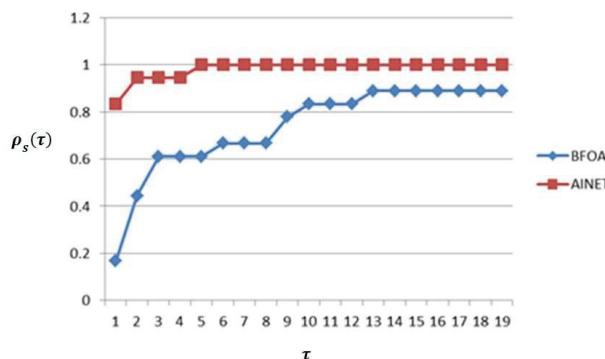


Figura 2. Perfil de comportamiento numérico para la métrica de costo $t_{p,s}^d$

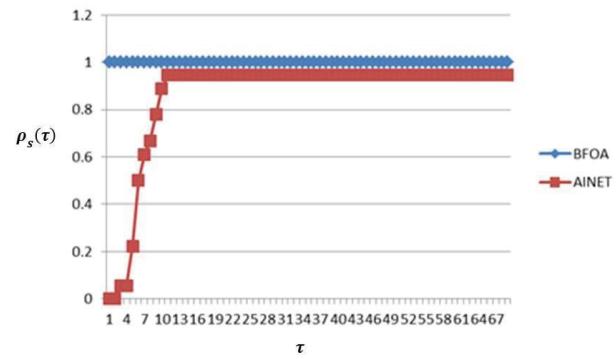


Figura 3. Perfil de comportamiento numérico para la métrica NFE

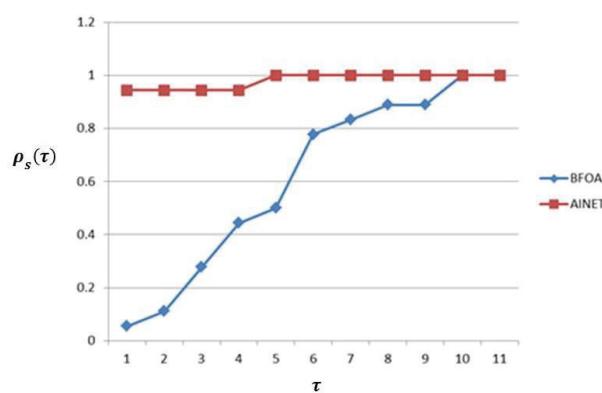


Figura 4. Perfil de comportamiento numérico para la métrica \hat{t}

Es de notar el valor de la métrica \hat{f}_{obj} para el caso de las funciones de optimización Schwefel y EggHolder para los algoritmos de optimización, donde se observa una diferencia que contrasta con el resto de los experimentos.

Los parámetros de atracción y repulsión en el caso del algoritmo BFOA son determinantes y para este estudio todos los experimentos se realizaron con valores propuestos en la literatura, pero pueden ajustarse con base en el juicio (Dasgupta *et al.*, 2009). En este sentido, para el caso de la métrica que corresponde al número de funciones evaluadas NFE , destaca el resultado del algoritmo AiNet para la función de optimización Easom, donde considerablemente el algoritmo realiza un esfuerzo computacional mayor que BFOA. De acuerdo con la literatura, el parámetro de umbral de similitud puede ajustarse para problemas específicos (Brownlee, 2011). En cuanto al tiempo empleado por el método de optimización, la métrica \hat{t} describe dicha característica para los casos de estudio. Destaca el algoritmo AiNet haciendo uso de menos tiempo en todos los experimentos excepto el correspondiente al de la función Easom, que como es de esperarse y en congruencia con la métrica NFE presenta mayor tiempo de ejecución.

Tabla 3. Promedios de las métricas a comparar para los algoritmos BFOA y AiNet

Núm	Óptimo	Benchmark	BFOA	AINET	BFOA	AINET	BFOA	AINET
			\hat{f}_{obj}	\hat{f}_{obj}	NFE	NFE	\hat{t}	\hat{t}
1	0	Ackley	9.3442	4.3250	28616.8333	150853.1000	3764.5153	1829.0026
2	-1.8013	Michalewicz	-1.8012	-1.7999	29372.3667	75678.2000	3873.6549	1253.0574
3	0	Rastrigin	0.7107	0.2212	28588.8000	129441.1330	3762.2486	2043.7369
4	0	Rosenbrok	0.0007	0.0762	32261.7667	136271.8330	4275.7113	2134.2732
5	0	Schwefel	201.1314	79.9905	40398.7333	149165.7000	2474.1749	1192.5015
6	0	Sphere	0.0000	0.0000	38576.77667	76409.0333	4499.3907	1091.4825
7	-78.33198	Styblinski	-78.3323	-78.2564	32229.9000	108285.3670	1959.0027	1093.2016
8	0	Zakharov	0.0001	0.0033	38901.1333	100223.0000	5398.3088	1015.1348
9	0	Beale	0.0000	0.0026	31692.7000	107971.2000	5485.3804	1063.6682
10	0	Booth	0.0001	0.2168	37141.1333	128546.3000	4843.2103	1405.6686
11	-2.06361	Cross In Tray	-2.0626	-2.0527	43420.5667	144084.0670	5238.7663	1565.3355
12	-1	Drop Wave	-0.8708	-0.9426	33297.1667	150218.1330	4514.5249	1609.6689
13	-1	Easom	-0.0333	-0.0232	56335.3333	4007564.3700	6101.5156	15623.0552
14	-959.6407	Egg Holder	-719.0541	-838.0015	40293.5667	151782.8670	5974.6418	1639.7758
15	-19.2085	Holder Table	-19.2081	-19.1766	35989.3333	114001.6000	4941.5826	1607.4575
16	0	Matyas	0.0000	0.0031	40177.0000	112702.1330	5371.4072	1679.3944
17	0	Schaffer 2	0.0023	0.0002	26183.6000	146886.2330	3376.0931	2373.0716
18	-186.7309	Shubert	-178.8117	-186.5650	28487.7667	146344.9670	3935.1918	2535.8996

Conclusiones

Este trabajo describe la aplicación del método BFOA y AiNet en comparativa, empleando el modelo de perfil de comportamiento numérico (Dolan, 2002) para un conjunto de conocidas funciones *benchmark*. Los resultados obtenidos indican que el método AiNet (Castro, 2002) es más robusto que el método BFOA (Passino, 2010) para los casos de estudio considerados en este trabajo. Sin embargo, existen diferencias en la eficiencia (número de funciones evaluadas y tiempo de convergencia) entre ambos métodos. Donde BFOA es el algoritmo con mejor desempeño en cuanto al número de funciones evaluadas.

Con base en los resultados obtenidos, para futuras aplicaciones de los algoritmos aquí descritos se hacen los siguientes contrastes:

El algoritmo AiNet tuvo mejor desempeño en términos globales en comparación con BFOA, pero debe señalarse el caso de la función benchmark Easom, en la que AiNet tuvo particularmente dificultades. Esto aparentemente se debe a que la naturaleza de su estrategia basada en clonación puede ser ineficiente en la región plana del espacio de búsqueda, donde el algoritmo "parece perderse", se recomienda observar la gráfica del espacio de búsqueda Easom. Esto debe tomarse en cuenta para futuras aplicaciones.

En el caso de la función benchmark Schwefel, los dos algoritmos tuvieron resultados alejados del óptimo esperado, donde BFOA fue el peor. Al observar la gráfica del espacio de búsqueda destacan los múltiples mínimos locales. Tal parece que ambos algoritmos tienen dificultades en un escenario de tal complejidad. Se recomienda hacer una sintonización no basada en los default para el parámetro de umbral de afinidad respecto a AiNet y los parámetros de atracción/repulsión (d_attr , w_attr , h_rep , w_rep) respecto a BFOA.

Referencias

- Abraham A.B. Analysis of reproduction operator in bacterial foraging optimization algorithm, Evolutionary Computation, CEC 2008, IEEE World Congress on Computational Intelligence, IEEE Congress, 2008, pp. 1476-1483.
- Agiza H.N., Hassan A.E., Salah A.M. An improved version of opt-AiNet algorithm (I-opt-AiNet) for function optimization. *IJC-SNS International Journal of Computer Science and Network Security*, volumen 11 (número 3), 2011: 80-85.
- Andrews P.S. y Timmis J. *On diversity and artificial immune systems: Incorporating a diversity operator into aiNet*, Neural Nets, Springer Berlin Heidelberg, 2006, pp. 293-306.
- Ali E.S.E. Hybrid BFOA-PSO approach for SSSC damping controller design, Control, Decision and Information Technologies (CoDIT), International Conference, 2013, IEEE, pp. 464-469.
- Ali M.M., Khompatoraporn C., Zabinsky Z.B. A numerical evaluation of several stochastic algorithms on selected continuous global optimization test problems. *Journal of Global Optimization*, volumen 31 (número 4), 2005: 635-672.
- Aragón-Victoria S., Esquivel S.C., Coello-Coello C.A. Artificial immune system for solving global optimization problems, *Inteligencia Artificial. Revista Iberoamericana de Inteligencia Artificial*, volumen 14, 2010 [en línea] [Fecha de consulta: 13 de agosto de 2015]. Disponible en:<<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=92513108001>> ISSN 1137-3601.2010.
- Baijal A.C. Application of PSO, artificial bee colony and bacterial foraging optimization algorithms to economic load dispatch: An analysis. arXiv preprint , 1111.2988. 2011.
- Bejinariu S.I. Image registration using bacterial foraging optimization algorithm on multi-core processors. *Electrical and Electronics Engineering (ISEEE)*, en: 4th International Symposium, 2013, IEEE, pp. 1-6.
- Bonilla-Petriciolet A., Soto-Becerra C., Tapia-Picazo J.C., Zapain-Salinas J.G. Perfiles de comportamiento numérico de los métodos estocásticos simulated annealing y very fast simulated annealing en cálculos termodinámicos. *Ingeniería Investigación y Tecnología*, volumen 12 (número 1), enero-marzo, 2011: 51-62.
- Borovska P.A. Exploring the efficiency of parallel bacteria foraging metaheuristics for job shop scheduling problem optimization, Proceedings of the 12th International Conference on Computer Systems and Technologies, ACM, 2011, pp. 88-94.
- Bremermann H. Chemotaxis and optimization. *Journal of the Franklin Institute*, volumen 297 (número 5), mayo de 1974: 313-428.
- Brownlee J. *Clever algorithms: nature-inspired programming recipes*, 1^a ed., Jason Brownlee, 2011.
- Castro L.N. y Timms J. An artificial immune network for multimodal function optimization, en *Evolutionary Computation*, 2002, (CEC '02), Proceedings of the 2002 Congress, Honolulu, HI, 2002, pp. 699-704.
- Castro L.N. y Von-Zuben F.J. From biologically inspired computing to natural computing. *Recent developments in biologically inspired computing*, 2004: 1-8.
- Campelo F., Guimaraes F.G., Igarashi H., Ramírez J., Noguchi S. A modified immune network algorithm for multimodal electromagnetic problems. *Magnetics, IEEE Transactions on*, volumen 42 (número 4), 2006: 1111-1114.
- Chase N., Redemacher M., Goodman E., Averill R., Sidhu R. A benchmark study of optimization search algorithms, MI, USA, Red Cedar Technology, enero 2010.
- Das S.D. On stability of the chemotactic dynamics in bacterial-foraging optimization algorithm. *Systems, Man and Cyberne-*

- tics, Part A: systems and humans. *IEEE Transactions on*, volumen 39 (número 3), 2009: 670-679.
- Das S.B. *Bacterial foraging optimization algorithm: theoretical foundations, analysis, and applications*, Foundations of Computational Intelligence, volumen 3, Springer, 2009, pp. 23-55.
- Dasgupta S.B. Automatic circle detection on images with an adaptive bacterial foraging algorithm, Proceedings of the 10th annual conference on genetic and evolutionary computation, ACM, 2008, pp. 1695-1696.
- Dasgupta S., Das S., Abraham A., Biswas A. Adaptive computational chemotaxis in bacterial foraging optimization: an analysis. *Evolutionary Computation. IEEE Transactions on*, volumen 13 (número 4), 2009: 919-941.
- Dasgupta S.B. A micro-bacterial foraging algorithm for high-dimensional optimization, *Evolutionary Computation, CEC'09, IEEE Congress*, 2009, pp. 785-792.
- De França F.O., Coelho G. P., Von-Zuben F.J. On the diversity mechanisms of opt-aiNet: A comparative study with fitness sharing, *Evolutionary Computation (CEC)*, IEEE Congress on IEEE, 2010, pp. 1-8.
- Dehghan N. Optimization placement apf based on bacterial foraging algorithm. *Universities' Power Engineering Conference (UPEC)*, Proceedings of 46th International, 2011, VDE, pp. 1-4.
- Dolan E.D. Moré J.J. Benchmarking optimization software with performance profiles. *Mathematical programming*, volumen 91 (número 2), 2002: 201-213.
- Hoffmann G.W. A neural network model based on the analogy with the immune system. *Journal of Theoretical Biology*, volumen 122 (número 1), 1986: 33-67.
- Hofmeyr S. y Forrest S. Immunity by design: An artificial immune system. Proceedings of the genetic and evolutionary computation conference (GECCO), San Francisco, 1999, pp. 1289-1296.
- Holland J.H. *Adaptation in natural and artificial systems: An introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence*, MIT Press, Cambridge, MA, 1975.
- Jati A.S. A hybridisation of improved harmony search and bacterial foraging for multi-robot motion planning, *Evolutionary Computation (CEC)*, IEEE Congress, 2012, pp. 1-8.
- Ju Ch. y Chen T. Simplifying multiproject scheduling problem based on design structure matrix and its solution by an improved aiNet algorithm. *Discrete Dynamics in Nature and Society*, volumen 2012.
- Kämpf J.H., Wetter M., Robinson D. A comparison of global optimization algorithms with standard benchmark functions and real-world applications using EnergyPlus. *Journal of Building Performance Simulation*, volumen 3 (número 2), 2010: 103-120.
- Kou P.Z. Identification of hydraulic turbine governor system parameters based on bacterial foraging optimization algorithm, *Natural Computation (ICNC)*, Sixth International Conference, 2010, volumen 7, IEEE, pp. 3339-334.
- Kirkpatrick S. Optimization by simulated annealing: Quantitative studies. *Journal of statistical physics*, volumen 34 (números 5-6), 1984: 975-986.
- Leiviskä K., Joensuu I., Oyy K. Chemotaxis for controller tuning (NiSIS 2006), en: Memorias del 2nd Annual Symposium of the Natureinspired Smart Information Systems, 2006.
- Li Ch., Tuhua M., Xinsheng Z. aiNet-and GIS-based regional prediction system for the spatial and temporal probability of rainfall-triggered landslides. *Natural hazards*, 52.1, 2010: 57-78.
- Minshed M. LADAR Signal modeling using bacterial foraging optimization algorithm (BFOA). *Information Science and Digital Content Technology (ICIDT)*, 8th International Conference, IEEE, 2012, pp. 352-355.
- Mezura-Montes E.O. Bacterial foraging for engineering design problems: preliminary results, en: Memorias del 4o Congreso Nacional de Computación Evolutiva (COMCEV'2008), 2008, CIMAT, Gto., México.
- Mezura-Montes E.O. *Modified bacterial foraging optimization for engineering design. Intelligent engineering systems through artificial neural networks*, ASME Press, 2009.
- Molga M., Smutnicki C. Test functions for optimization needs, Kwietyńia 2005 [en línea]. Disponible en: http://eccsia013.googlecode.com/svn/trunk/Ecc1/functions_benchmark.pdf
- Moncayo C.M. Métodos discretos basados en quimiotaxis de bacterias y algoritmos genéticos para solucionar el problema de la distribución de planta en celdas de manufactura. *Ciencia e Ingeniería Neogranadina*, volumen 24 (número 1), 2014.
- Müller S.D., Marchetto J., Airaghi S., Kournoutsakos P. Optimization based on bacterial chemotaxis. *Evolutionary Computation, IEEE Transactions*, volumen 6 (número 1), 2002: 16-29.
- Narendhar S. A hybrid bacterial foraging algorithm for solving job shop scheduling problems, arXiv preprint, 1211.4971, 2012.
- Passino K. Bacterial foraging optimization. *International Journal Of Swarm Intelligence Research*, volumen 1 (número 1), January-March 2010: 1-16.
- Praveena P.V. A bacterial foraging and pso-de algorithm for solving dynamic economic dispatch problem with valve-point effects. *Integrated Intelligent Computing (ICIIC)*, First International Conference, IEEE, 2010, pp. 227-232.
- Rautenberg S., Medeiros L.F.D., Igarashi W., Gauthier F.O., Bastos R.C., Todesco J.L. Iterative application of the ainet algorithm in the construction of a radial basis function neural network. *Learning and Nonlinear Models-Revista da Sociedade Brasileira de Redes Neurais (SBRN)*, volumen 4 (número 1), 2008: 24-31.
- Regi, D.M.S., Kumar S.P., Devadhas G. An optimum setting of controller for a dc-dc converter using bacterial intelligence technique, en: Innovative Smart Grid Technologies-India (ISGT India), IEEE PES, diciembre 2011, pp. 204-210.
- Rout U.K. Gravitational search algorithm based automatic generation control for interconnected power system,Circuits,

- Power and Computing Technologies (ICCPCT), International Conference, IEEE, 2013, pp. 558-563.
- Shen H.Z. Bacterial foraging optimization algorithm with particle swarm optimization strategy for global numerical optimization. Proceedings of the first ACM/SIGEVO Summit on Genetic and Evolutionary Computation, ACM, 2009, pp. 497-504.
- Surjanovic S. y Bingham D. Virtual library of simulation experiments: test functions and datasets, 2013 [en línea][Fecha de consulta: agosto 14, 2015]. Disponible en: <http://www.sfu.ca/~ssurjano>
- Thomas R.M. Survey of bacterial foraging optimization algorithm. *International Journal of Science and Modern Engineering (IJISME)*, volumen 1 (número 4), 2013: 11.
- Tsankova D., y Rangelova V. Modeling cancer outcome prediction by aiNet: Discrete artificial immune network, Control & Automation, 2007, MED'07, Mediterranean Conference IEEE, 2007, pp. 1-6.
- Vaisakh K.P. Pso-dv and bacterial foraging optimization based dynamic economic dispatch with non-smooth cost functions. Advances in Computing, Control, & Telecommunication Technologies, ACT'09, International Conference, IEEE, 2009, pp. 135-139.
- Wei P. y George M.C. A fast opt-AINet approach to qualitative model learning with modified mutation operator, Proceedings of UKCI 2011, pp. 43-54.
- Wu G. Economic dispatch of hydro power system based on bacterial foraging optimization algorithm, Control and decision conference (CCDC), 2013, 25th Chinese, IEEE, pp. 865-868.
- Wu G. Application of adaptive PID controller based on bacterial foraging optimization algorithm, Control and Decision Conference (CCDC), 2013, 25th Chinese, IEEE, pp. 2353-2356.
- Yang X.S. *Nature-inspired metaheuristic algorithms*, Luniver Press, 2010.

Este artículo se cita:

Citación estilo Chicago

Ríos-Willars, Ernesto, Ernesto Liñán-García, Rafael Batres, Yolanda Garza-García. Perfiles de comportamiento numérico de los métodos de búsqueda *immune network algorithm* y *bacterial foraging optimization algorithm* en funciones *benchmark*. *Ingeniería Investigación y Tecnología*, XVII, 04 (2016): 479-490.

Citación estilo ISO 690

Ríos-Willars E., Liñán-García E., Batres R., Garza-García Y. Perfiles de comportamiento numérico de los métodos de búsqueda *immune network algorithm* y *bacterial foraging optimization algorithm* en funciones *benchmark*. *Ingeniería Investigación y Tecnología*, volumen XVII (número 4), octubre-diciembre 2016: 479-490.

Semblanzas de los autores

Ernesto Ríos-Willars. Es participante del programa de doctorado en Biotecnología de la Universidad Autónoma de Coahuila. Su trabajo se refiere al área de optimización y metaheurísticas en bioinformática.

Ernesto Liñán-García. Doctorado en ciencias computacionales, maestro en sistemas computacionales e ingeniero en sistemas electrónicos. Su línea de investigación es sobre la aplicación de metaheurísticas aplicadas a problemas NP-Hard, especialmente plegamiento de proteínas, alineamiento de secuencias ADN y ruteo de vehículos.

Rafael Batres. Profesor investigador en la Escuela de Ingeniería y Ciencias del Tecnológico de Monterrey. Las áreas de investigación incluyen: métodos computacionales para el diseño de productos, síntesis de procesos, cadenas de suministro, ingeniería de ontologías, razonamiento basado en casos, optimización meta-heurística, reutilización de modelos matemáticos, minería de datos, modelado basado en agentes y simulación dinámica.

Yolanda Garza-García. Doctora en ciencias biológicas por la Universidad Autónoma de Nuevo León. Es investigadora y jefe del departamento de Biotecnología de la Universidad Autónoma de Coahuila.