

Theorie künstlicher Immunsysteme

Christine Zarges

Department of Computer Science, University of Warwick
Coventry CV4 7AL, United Kingdom
zarges@dcs.warwick.ac.uk

Abstract: Künstliche Immunsysteme sind adaptive Systeme, die sich bezüglich ihrer Komponenten und Funktionsweisen an Theorien natürlicher Immunsysteme orientieren und diese nachahmen. Wir analysieren verschiedene Mechanismen, die dabei typischerweise zum Einsatz kommen. Mit dieser Arbeit stellen wir uns damit einer der größten Herausforderungen des Gebietes und leisten einen signifikanten Beitrag zu dessen Weiterentwicklung. Wir untersuchen zwei zentrale Komponenten künstlicher Immunsysteme, Variation und Alterung. Da unsere theoretischen Analysen zum Verständnis der verwendeten Verfahren in der Praxis beitragen sollen, liegt unser Fokus auf der praktischen Relevanz. Einem grundlegenden Aspekt dieser Fragestellung ist abschließend ein eigener Abschnitt gewidmet.

1 Einleitung

Unter künstlichen Immunsystemen versteht man eine Klasse von der Natur inspirierter Algorithmen, die sich an Prozessen in natürlichen Immunsystemen orientieren [dCT02]. Ihre Entwicklung und Untersuchung ist ein noch recht junges Forschungsgebiet, das sich zum Einen der Computational Intelligence und zum Anderen dem Gebiet der randomisierten Suchheuristiken zuordnen lässt. Weitere bekannte Suchheuristiken sind beispielsweise evolutionäre Algorithmen, Ameisen- und allgemein Schwarmssysteme oder auch simulierte Abkühlung und randomisierte lokale Suche. Im Gegensatz zu diesen anderen Verfahren ist das Gebiet der künstlichen Immunsysteme jedoch weitergehender oder enger verzahnt mit der Forschung innerhalb der Immunologie. Aus diesem Grund lassen sich zwei wesentliche Teilaspekte der Erforschung künstlicher Immunsysteme identifizieren: zum Einen die Modellierung von natürlichen Immunsystemen mit Hilfe informatischer Methoden mit dem Ziel, die Arbeitsweise natürlicher Immunsysteme besser zu verstehen; zum Anderen die Entwicklung immun-inspirierter Verfahren zur Problemlösung. Typische Anwendungen künstlicher Immunsysteme sind Lernmethoden, Klassifikation, Anomalie-Erkennung sowie Optimierung. Wir beschäftigen uns mit diesem zweiten Aspekt künstlicher Immunsysteme. Der Fokus liegt auf künstlichen Immunsystemen, die dem Vorbild der klonalen Selektion folgen und in der Optimierung eingesetzt werden. Optimierung ist eine der wichtigsten Anwendungen randomisierter Suchheuristiken.

Ein oft genanntes Problem in diesem Bereich der künstlichen Immunsysteme war das Fehlen einer theoretischen Fundierung. Ein Grund ist insbesondere die Tatsache, dass die

meisten Algorithmen auf der direkten Anwendung einzelner Immunprinzipien auf das vorliegende Problem basieren. Es existierten lediglich einige wenige Konvergenzanalysen. Ergebnisse über erwartete Laufzeiten der Algorithmen oder theoretische Arbeiten, die die Funktionsweise der Algorithmen erklären, fehlten vollständig. Um eine strukturierte Entwicklung dieser Algorithmen und Verfahren weiter voranzutreiben, ist jedoch ein theoretisches Verständnis der grundlegenden Elemente unverzichtbar. Dieses Problem wurde von führenden Wissenschaftlern im Bereich der künstlichen Immunsysteme erkannt und in einem wegweisenden Positionspapier als eine der grundlegenden und wichtigsten Herausforderung für die Zukunft des Gebietes hervorgehoben [THSC08]. Hier liegt der Fokus insbesondere auf dem Verständnis der einzelnen Komponenten von künstlichen Immunsystemen, mit dem Ziel Vorhersagen darüber zu treffen, für welche Problemklassen bestimmte Algorithmen besonders vielversprechend sind.

Wir stellen uns genau dieser Fragestellung und leisten damit einen entscheidenden und grundlegenden Beitrag zur Weiterentwicklung des Forschungsgebietes. Als erster derartiger Beitrag schaffen wir die Grundlage für weitergehende Forschungsarbeiten. Aufgrund der Ähnlichkeit zu anderen von der Natur inspirierten Verfahren ist es wünschenswert, künstliche Immunsysteme mit anderen solchen Verfahren zu vergleichen und damit allgemeine Resultate im Bereich randomisierter Suchheuristiken zu erzielen. Deshalb orientiert sich unsere Methodik an Analysen aus diesem Gebiet und vergleicht Ergebnisse mit vorhanden Ergebnissen zu anderen randomisierten Suchheuristiken.

Um Vergleichbarkeit zu gewährleisten, betrachten wir künstliche Immunsysteme in einem allgemeinen Rahmen, der sich an allgemeinen randomisierten Suchheuristiken orientiert. Dieses allgemeine Schema ist in Abbildung 1 skizziert. Wir beschränken unsere Betrachtungen auf pseudo-boolesche Optimierungsprobleme der Dimension n , d. h. der Optimierung von Funktionen $f: \{0, 1\}^n \rightarrow \mathbb{R}$. Der betrachtete Algorithmus ist rundenbasiert und verwaltet eine in der Regel rein zufällig initialisierte Menge von μ Suchpunkten (Population). In jeder Runde des Algorithmus wird ein Nachkomme erzeugt. Dazu werden einer oder mehrere der Suchpunkte ausgewählt (Elter), variiert und bewertet. Die Variation kann dabei entweder eine Mutation, d. h. eine zufällige Veränderung eines einzelnen Suchpunktes, oder eine Rekombination mehrerer Suchpunkte sein. Anschließend werden aus den ursprünglichen Suchpunkten sowie des Nachkommen basierend auf deren Bewertung (Fitness) μ Suchpunkte für die nächste Runde ausgewählt. Dieses Vorgehen wird solange wiederholt, bis ein vorher definiertes Abbruchkriterium erfüllt ist.

Meist ist man bei der Analyse derartiger Algorithmen insbesondere an der Zeit interessiert, die benötigt wird, um das erste mal einen optimalen Suchpunkt zu finden. Das erlaubt das Abbruchkriterium in der Analyse zu ignorieren. Da angenommen wird, dass die Funktionsauswertung die teuersten Operationen des Algorithmus darstellen, beschränkt man sich auf die Analyse der Anzahl an Funktionsauswertungen bzw. Runden, die benötigt werden, um ein Optimum zu erreichen. Diese Anzahl bezeichnet man als Optimierzeit.

Um bestimmte Eigenschaften eines Algorithmus herauszuarbeiten, betrachtet man meist Beispielfunktionen. Im Rahmen der folgenden Betrachtungen ziehen wir hierzu zum Einen bekannte und häufig betrachtete Beispielfunktionen zu Rate, um vergleichende Ergebnisse zu anderen Algorithmen zu erhalten. Zum Anderen konstruieren wir eigene Funktionen, um Eigenschaften der betrachteten Operatoren exemplarisch herauszuarbeiten.

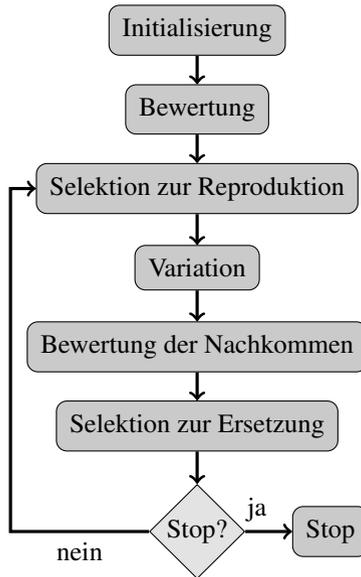


Abbildung 1: Allgemeines Schema einer randomisierten Suchheuristik.

Im Folgenden geben wir einen Überblick über zentrale Ergebnisse und einen Ausblick auf mögliche weitergehende Arbeiten. Wir betrachten zunächst immun-inspirierte Variationsoperatoren, d. h. Mutationsoperatoren, die in realen künstlichen Immunsystemen zum Einsatz kommen (Abschnitt 2). Anschließend befassen wir uns mit dem Konzept des Alterns, einem in vielen künstlichen Immunsystemen wichtigen Diversitätsmechanismus (Abschnitt 3). Ein Schwerpunkt liegt dabei auf dem Verständnis der betrachteten Konzepte und der Anwendbarkeit der theoretischen Ergebnisse in der Praxis. Hierbei gilt es insbesondere verschiedene Parametrisierungen zu vergleichen und so Leitfäden für die weitergehende Anwendung zu erarbeiten. Dieser praktischen Relevanz theoretischer Ergebnisse ist zum Abschluss ein eigener Teil gewidmet (Abschnitt 4). Die Darstellung hier konzentriert sich auf eine verständliche Darstellung der zentralen Ergebnisse und Folgerungen, die aus diesen gezogen werden können. Konkrete (asymptotische) Ergebnisse, vollständige Definitionen und rigoros bewiesene Theoreme können in [Zar11] nachgelesen werden. Die interessanten analytischen und methodischen Probleme bei der Betrachtung künstlicher Immunsysteme werden ebenfalls nur dort diskutiert.

2 Mutation in künstlichen Immunsystemen

Im Gegensatz zu anderen randomisierten Suchheuristiken kommen bei künstlichen Immunsystemen meist große Mutationswahrscheinlichkeiten zum Einsatz. Man spricht von Hypermutation. Basierend auf immunologischen Theorien existiert eine Vielzahl derartiger Hypermutationen. Besonders verbreitet sind sogenannte invers fitness-proportionale

Mutationen. Wir betrachten im Folgenden diese Gruppe der Hypermutationen sowie das relativ neue Konzept der zusammenhängenden Hypermutationen. Abschließend beschäftigen wir uns allgemein mit den Effekten großer Mutationswahrscheinlichkeiten.

Invers fitness-proportionalen Mutationen liegt die Idee zugrunde, dass bereits „gute“ Zellen weniger stark mutiert werden sollten als „schlechte“ Zellen. Zur Umsetzung dieser Idee existieren verschiedene konkrete Implementierungen. Den hier betrachteten Varianten ist gemeinsam, dass sie die Mutationswahrscheinlichkeit, d. h. die Wahrscheinlichkeit mit der ein einzelnes Bit des Suchpunktes kippt, durch eine von der Fitness abhängigen Funktion beschreiben. Dabei stellen die adaptive Mutation, welche die invers fitness-proportionale Idee direkt umsetzt, und eine auf dem Hamming-Abstand basierende Mutation die einfachsten und im Grunde nicht immun-basierten Methoden der Implementierung dar. Im Gegensatz dazu sind CLONALG und opt-aiNet die in den entsprechend benannten Immunalgorithmen verwendeten Mutationsoperatoren. Wir analysieren das Verhalten dieser Operatoren auf einer sehr einfachen und weit verbreiteten Beispielfunktion namens ONEMAX, die die Anzahl der Einsen in einem gegebenen Bit-String maximiert. Diese Beispielfunktion ist häufig der Startpunkt theoretischer Analyse, da sie zum Einen einfach zu optimieren ist und zum Anderen exemplarisch aufzeigt, ob ein betrachteter Algorithmus grundsätzlich in der Lage ist, zum Beispiel eine lokale Suche nachzuahmen.

Wir stellen fest, dass die adaptive Mutationswahrscheinlichkeit keine Probleme mit der Optimierung der betrachteten Funktion hat, wohingegen die auf dem Hamming-Abstand basierende Methode mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht in der Lage ist, diese sehr einfache Beispielfunktion effizient zu optimieren. Dies liegt an zu großen Mutationswahrscheinlichkeiten, die lokale Suche nicht mehr simulieren können. Dies stellt insbesondere ein Problem dar, wenn der Algorithmus sich bereits dem Optimum angenähert hat und nur noch kleinere lokale Änderungen nötig sind.

Ähnliche Effekte lassen sich bei den beiden betrachteten immun-inspirierten Operatoren beobachten. Hierbei ist allerdings zu beachten, dass die Funktionsweise der Operatoren erheblich von der gewählten Parametrisierung abhängt. Zum Einen muss ein Anwender über die Größe eines Dämpfungparameter entscheiden, zum Anderen stellt sich die Frage, auf welche Art und Weise die hier notwendige Normalisierung der Fitness durchgeführt wird. Wir betrachten verschiedene Werte für Dämpfungparameter sowie zwei unterschiedliche Normalisierungsmethoden. Bei der ersten Methode gehen wir davon aus, dass wir nur eine Population der Größe 1 betrachten und zur Normalisierung den optimalen Funktionswert zur Rate ziehen. Bei der zweiten Methode betrachten wir allgemeine Populationen der Größe μ und verwenden jeweils den aktuell besten bekannten Funktionswert zur Normalisierung. Diese Methodik wird in der Praxis meist verwendet. Wir beweisen, dass die Verwendung einer größeren Population und dieser zweiten Normalisierungsmethode entscheidend für den Erfolg der CLONALG-Mutation ist, wohingegen opt-aiNet für beide Varianten gute Ergebnisse erzielen kann. In beiden Fällen ist eine angemessene Wahl für den Dämpfungparameter entscheidend.

Für Hypermutationen ist es also entscheidend, dass die Mutationswahrscheinlichkeit zumindest in der Nähe des Optimums nicht zu groß wird. Sonst kann man globale Optima nicht exakt finden. Hypermutationen sind also eher dazu geeignet, „robuste“ Lösungen zu finden, da sie große lokale Optima gegenüber isolierten globalen Optima bevorzugen.

Die praktische Relevanz der theoretischen Ergebnisse ist ein zentraler Aspekt unserer Betrachtungen. Aus diesem Grund werden für die meisten Resultate begleitende Experimente durchgeführt. Im Fall von CLONALG bringen diese experimentellen Betrachtungen wichtige zusätzliche Erkenntnisse. Versuche mit verschiedenen Suchraumdimensionen belegen, dass der Operator mit passendem Dämpfungsparameter auch für die einfache Normalisierungsmethode funktionieren kann. Insbesondere ist bis zu einer Dimension von 10^5 kaum ein Unterschied zum optimalen mutations-basierten evolutionären Algorithmus zu erkennen. Dies erklärt, warum der Operator bislang trotz seiner potenziellen Probleme in der Praxis erfolgreich eingesetzt wurde.

Im Gegensatz zu invers fitness-proportionalen Mutationen bestimmen zusammenhängende Mutationen keine fitness-abhängige Funktion für die Mutationswahrscheinlichkeit. Sie legen einen Teilbereich des betrachteten Suchpunktes, in dem die Mutation stattfindet, fest. Innerhalb dieses Bereiches wird dann jedes Bit mit einer festgelegten Wahrscheinlichkeit p gekippt. Der restliche Teil des Suchpunktes bleibt unverändert. Wir betrachten drei verschiedene Instanzierung dieser Idee. Bei der ersten Variante wählen wir zwei zufällige Positionen im Bit-String und betrachten den durch diese Positionen begrenzten Bereich. Bei der zweiten und dritten Variante wählen wir hingegen zufällig einen Startpunkt und eine Länge für den Bereich, wobei der Bereich bei der zweiten Variante am Ende des Bit-Strings abgeschnitten wird und die dritte Variante zyklisch ist.

Trotz ihrer Ähnlichkeit sind zentrale Unterschiede zwischen den Varianten zu beobachten. Während Variante 1 eine Tendenz hat, Bits in der Mitte des Bit-Strings zu kippen, weist Variante 2 eine Tendenz zu Bits am Ende des Bit-Strings auf. Variante 3 hingegen hat keine derartige Tendenz und kippt jedes Bit mit gleicher Wahrscheinlichkeit. Des Weiteren ist festzuhalten, dass die bei Variante 1 beobachtete Tendenz im Gegensatz zu Variante 2 symmetrisch ist. Variante 2 weist eine höhere Wahrscheinlichkeiten für 1-Bit-Mutationen am Ende des Bit-Strings auf. Da 1-Bit-Mutationen für die Optimierung zentral sein können, ist eine derartige Tendenz ohne zusätzliches Problemwissen nicht wünschenswert. Dies gilt insgesamt, so dass in der Regel die Verwendung von Variante 3 vorzuziehen ist.

Eine weitere Eigenschaft der betrachteten Operatoren ist, dass die Wahl eines Extremwertes für p im Allgemeinen nicht empfehlenswert ist, da beispielsweise für $p = 1$ keine Konvergenz garantiert werden kann. In diesem Fall unterliegt der gesamte ausgewählte Bereich einer Mutation, was zu einer Stagnation des Optimierungsprozesses führen kann.

Wir stellen fest, dass zusammenhängende Mutationen trotz ihrer sehr hohen Mutationswahrscheinlichkeit keine Probleme mit der zuvor betrachteten Beispielfunktion ONEMAX haben, weil man mit nicht zu geringer Wahrscheinlichkeit 1-Bit-Mutationen durchführt. Allerdings ist man bei Problemen, bei denen dies entscheidend ist, im Vergleich zu Standardmutation in evolutionären Algorithmen bzw. lokaler Suche langsamer. Andererseits weisen zusammenhängende Mutationen enorme Vorteile bei Problemen auf, bei denen Mehr-Bit-Mutationen zentral sind, so dass solche Operatoren da vorzuziehen sind. Wir erkennen, dass eine Kombination aus Standardmutationen aus evolutionären Algorithmen sowie zusammenhängenden Mutationen zu robusteren Algorithmen führen kann.

Wir widmen uns abschließend allgemeinen Konsequenzen großer Mutationswahrscheinlichkeiten. Wir betrachten die Funktionsklasse der strikt monotonen Funktionen, d. h. Funk-

tionen, bei denen sich der Funktionswert erhöht, wenn ausschließlich Nullen zu Einsen gekippt werden. Werden sowohl Nullen als auch Einsen gekippt, führt dies zu unvergleichbaren Suchpunkten, bei denen die Fitness beliebig festgelegt werden kann. Wir untersuchen Mutationswahrscheinlichkeiten der Form c/n für eine Konstante c und interessieren uns für den Einfluss des Parameters c auf die Optimierzeit.

Der bisher betrachtete Algorithmus mit Populationsgröße 1 hat mit $c \leq 1$ eine polynomielle Optimierzeit für jede monotone Funktion. Die Erhöhung von c lässt die Optimierzeit für einige monotone Funktionen von polynomiell auf exponentiell steigen. Das zeigt erstmalig, dass bereits die Erhöhung der Mutationswahrscheinlichkeit um einen konstanten Faktor drastische Auswirkungen auf die Optimierzeit haben kann. Darum ist bei der Verwendung von Hypermutationen besondere Vorsicht geboten.

3 Alterungsmechanismen

In künstlichen Immunsystemen orientieren sich Alterungsmechanismen an der endlichen Lebensdauer von Immunzellen. Wir betrachten das weit verbreitete Konzept des statischen Alterns, bei dem jeder Suchpunkt ein Alter hat, das in jeder Runde um eins wächst. Ein Parameter bestimmt die maximale Lebensdauer eines Suchpunktes. Neue Suchpunkte erhalten Alter 0, falls sie eine Verbesserung gegenüber ihren Eltern darstellen, sonst erben sie das Alter. Verkleinert sich die Population durch das Entfernen zu alter Zellen, wird sie mit rein zufälligen neuen Suchpunkten mit Alter 0 aufgefüllt. Diesen Mechanismus aus dem Bereich künstlicher Immunsysteme vergleichen wir mit ähnlichen Mechanismen aus anderen randomisierten Suchheuristiken und betrachten einen evolutionären Alterungsmechanismus. Der zentrale Unterschied zum statischen Altern ist, dass ein neuer Suchpunkt in jedem Fall Alter 0 zugewiesen bekommt.

Es ist leicht einzusehen, dass die Wahl der Lebensdauer entscheidend für die Performanz ist. Diese Wahl ist problemabhängig und sehr schwierig. Man kann aber zentrale Eigenschaften für die beiden betrachteten Operatoren festhalten.

Ein Alterungsmechanismus kann nur dann Einfluss auf das Verhalten des Algorithmus haben, wenn die maximale Lebensdauer nicht so groß gewählt wurde, dass kein Punkt der Population sie je erreicht. Auf der anderen Seite muss sie ausreichend groß gewählt werden, damit dem Algorithmus genügend Zeit für die Verbesserung der Suchpunkte bleibt. Dies ist insbesondere für das statische Altern entscheidend, da neue Suchpunkte hier das Alter des Elter erben können. So kann es dazu kommen, dass sämtliche Suchpunkte in der Population das gleiche Alter haben und gemeinsam aussterben. Dies entspricht einem Neustart des Algorithmus. Ein derartiger Neustart ist wünschenswert, falls der Algorithmus in einem lokalen Optimum stecken geblieben ist. Passiert ein derartiger Neustart aber zu früh, gleicht der Algorithmus einer rein zufälligen Suche und kann kaum noch optimieren. Die maximale Lebensdauer für statisches Altern muss daher so gewählt sein, dass mindestens lokale Verbesserungen der Suchpunkte möglich sind.

Beim evolutionären Altern ist die Perspektive eine leicht andere. Hier kann es ausreichend sein, Kopien eines aktuell besten Suchpunktes zu erzeugen, da hier Nachkommen in je-

dem Fall Alter 0 erhalten. Hier muss also das Alter groß genug sein, um aktuell beste Suchpunkte zu kopieren, so lange lokale Verbesserungen möglich sind.

Beim Vergleich der beiden Operatoren in typischen Situationen fällt auf, dass das statische Altern in der Lage ist, Neustarts zu simulieren, da das Ausbleiben von Verbesserungen dazu führt, dass irgendwann alle Suchpunkte gleich alt sind. Beim evolutionären Altern ist dies mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht der Fall, da jeder Nachkomme Alter 0 erhält, was eine größere Altersdiversität impliziert. Diese Altersdiversität ist von Vorteil, wenn der Algorithmus während des Optimierungsprozesses auf ein sogenanntes Plateau trifft, einen Bereich im Suchraum, in dem benachbarte Punkte gleiche Fitness haben. Im Gegensatz zum statischen Altern erlaubt das evolutionäre Altern hier einen zufälligen Lauf auf dem Plateau und so sein Durchschreiten. Statisches Altern beobachtet lediglich die Fitness der Punkte und behandelt diese Situation identisch zu einem lokalen Optimum. Bei nicht sehr kleinen Plateaus geschieht also ebenfalls ein Neustart, so dass sie zu unüberwindlichen Hindernissen werden.

Eine zentrale Beobachtung ist, dass die Vorteile beider Varianten des Alterns miteinander kombiniert werden können. Hierzu ist es ausreichend, das statische Altern so zu erweitern, dass ein Nachkomme nur das Alter seines Elter erbt, falls er entweder eine Verschlechterung oder eine Kopie darstellt. So erben unterschiedliche Punkte mit gleicher Fitness –wie auf dem Plateau– ihr Alter nicht. Diese einfache Ergänzung führt zu einem beweisbar besseren Operator, der in der Praxis vorzuziehen ist.

Als wichtigen Vorteil von Alterungsmechanismen haben wir die Fähigkeit, Neustarts zu simulieren, erkannt. Neustarts sind ein weit verbreitetes und oft erfolgreiches Konzept, das sich leichter und effizienter auch direkt implementieren lässt. Die Fähigkeit Neustarts zu simulieren sollte darum nicht der zentrale Vorteil von Alterungsmechanismen sein.

Wir nehmen eine strukturiertere Sichtweise auf Alterungsmechanismen ein und betrachten andere potenzielle Vorteile sowie das Zusammenspiel mit anderen Teilen der Algorithmen. Hierbei ist insbesondere die Selektion zur Ersetzung spannend, da diese entscheidenden Einfluss auf die Altersdiversität hat. Wir betrachten sogenannte partielle Neustarts, d. h. Runden, in denen nur ein Teil der Suchpunkte ausstirbt und durch zufällige neue Suchpunkte ersetzt wird. Diese neuen Punkte sind in der Regel deutlich schlechter als die bereits über einen längeren Zeitraum verbesserten Suchpunkte, so dass sie meist nur für einen kurzen Zeitraum in der Population verweilen und rasch durch Kopien besser Suchpunkte ersetzt werden. Falls dies dazu führt, dass nach einer Weile alle Punkte gleich alt sind, kommt es wieder zu einem vollständigen Neustart. Für einen partiellen Neustart braucht man Altersdiversität. Dann können Alterungsmechanismen zum Beispiel in Algorithmen, die neben Mutation auch Rekombination mehrerer Suchpunkte verwenden, Vorteile bringen. Wir demonstrieren das für Probleme, bei denen die Rekombination eines lokalen Optimums mit einem rein zufälligen Punkt zu signifikanten Verbesserung führen kann und weisen immense Effizienzsteigerungen nach.

Wir untersuchen mehrere Varianten der Selektion zur Ersetzung und ihre Fähigkeiten eine für unser Ziel ausreichende Altersdiversität sicherzustellen. Hierzu betrachten wir einen Algorithmus, der in jeder Runde einen neuen Suchpunkt mittels Mutation oder Rekombination erzeugt. Wir untersuchen Diversitätsmechanismen, die genau dann zum Einsatz

kommen, wenn es mehrere „schlechteste“ Suchpunkte gibt, von denen einer eliminiert werden muss, und zeigen, dass bereits relativ einfache Mechanismen den gewünschten Effekt erzielen können. Hierzu gehören insbesondere die Methode, einen Suchpunkt zu eliminieren, dessen Alter am häufigsten in der aktuellen Population vorkommt. Eine weitere erfolgsversprechende Methode entfernt einen Suchpunkt mit minimaler Altersdifferenz zu dem Suchpunkt, der in der aktuellen Runde erzeugt wurde. Die Eliminierung eines rein zufälligen schlechten Punktes reicht hingegen nicht aus.

In experimentellen Untersuchungen wird deutlich, dass bei derartigen Anwendungen größere Populationsgrößen helfen, da auf diese Weise mehr partielle Neustarts durchgeführt werden. Vorher waren hierfür lediglich Beispielprobleme bekannt, die speziell derart konstruiert wurden, um die Existenz solcher Probleme zu beweisen. Wir halten abschließend fest, dass unsere Untersuchungen zeigen, dass die häufig in der Literatur zu findende Aussage, Alterungsmechanismen an sich tragen zur Diversität der Population bei, so nicht korrekt ist, da andere Elemente der Algorithmen wie die Selektion ebenfalls einen entscheidenden Beitrag leisten müssen.

4 Praktische Relevanz theoretischer Resultate

Die bisher vorgestellten Ergebnisse geben Einblick in die Funktionsweise verschiedener Mechanismen aus dem Bereich randomisierter Suchheuristiken. Diese Algorithmen werden in der Praxis angewendet, wenn kein problem-spezifischer Algorithmus verfügbar ist. Primäres Ziel unserer Analysen ist daher die Entwicklung besserer Heuristiken voranzutreiben. Das Erreichen wir zum Einen durch Erlangung eines tiefergehenden Verständnisses der unterschiedlichen Verfahren und zum Anderen durch die Entwicklung von Leitfäden für Praktiker zur Auswahl und Parametrisierung verschiedener Operatoren. Die praktische Relevanz ist für theoretische Resultate hierbei von entscheidender Bedeutung. Natürlich sind Praktiker an realen Rechenzeiten interessiert. Darum ist es entscheidend, dass das für unsere Analyse zugrunde liegende Kostenmodell Rechenzeiten realistisch abbildet. Es stellt sich also die Frage, ob und wenn ja unter welchen Bedingungen das Zählen von Runden bzw. Funktionsauswertungen ein ausreichend realistisches Maß ist.

Wir erinnern daran, dass bei der Wahl des Kostenmaßes angenommen wird, dass Funktionsauswertungen die teuersten Operationen des Algorithmus sind und sämtliche andere Operationen vernachlässigt werden können, so dass die Anzahl der Funktionsauswertungen eine gute Schätzung der tatsächlichen Laufzeit dargestellt. Es stellt sich die Frage, ob dies bei in der Praxis betrachteten Problemen und Algorithmen der Fall ist. Insbesondere die Verwendung von zusätzlichen Mechanismen, wie Rekombination oder Diversitätsmechanismen erhöhen die Laufzeit einer einzelnen Runde, so dass der Vergleich eines relativ komplizierten mit einem sehr einfachen Algorithmus irreführende Ergebnisse liefern kann. Wir beweisen, dass dieser Effekt bereits bei sehr einfachen Funktionen und Algorithmen auftreten kann, wenn die Funktionsauswertung in Realität nicht viel teurer ist als beispielsweise die Mutation. Dies ist selbstverständlich auch abhängig von der jeweiligen Implementierung der Algorithmen. Des Weiteren kann es sein, dass asymptotische Ergebnisse für praktisch relevante Aussagen zu grob sind. Hier können exakte Analysen weiterhelfen.

Motiviert durch diese Beobachtung entwickeln wir ein weitergehendes Kostenmodell, das ähnlich wie im Algorithm Engineering Implementierungsdetails in die Analyse mit einbezieht und eine genauere Analyse liefert. Wir betrachten die konkrete Implementierung einer einfachen randomisierten Suchheuristik mit Populationsgröße 1, bei der in jeder Runde ein Nachkomme durch Mutation erzeugt und jedes Bit mit Wahrscheinlichkeit c/n gekippt wird. Wir identifizieren zwei unterschiedliche Arten von Runden, zum Einen Runden, in denen kein Bit kippt, d. h. es wird nur eine Kopie des ursprünglichen Suchpunktes erzeugt. In diesem Fall ist keine neue Funktionsauswertung notwendig. Zum Anderen gibt es Runden, in denen Bits gekippt werden, so dass eine teure Funktionsauswertung durchgeführt werden muss. Wir bestimmen experimentell das Kostenverhältnis dieser beiden Rundenarten und führen mit Hilfe dieses neuen Kostenmodells eine exakte Analyse durch, anhand derer wir einen optimalen Wert für c bestimmen können. Bestimmt man solche optimalen Werte für c mit der herkömmlichen Methode, bei der jede Runde Kosten 1 verursacht, erhält man andere Resultate, die im Gegensatz zu unseren Ergebnissen mit realen Laufzeiten nicht konsistent sind. Unsere Art der Kombination von experimenteller und praktischer Analyse ist neu auf dem Gebiet der randomisierten Suchheuristiken und hat das Potenzial die Lücke zwischen Theorie und Praxis zu verkleinern.

5 Zusammenfassung und Ausblick

Die hier vorgestellte Arbeit ist die erste rigorose Laufzeitanalyse im Bereich der künstlichen Immunsysteme, was sie bahnbrechend und wegweisend macht. Ihr Hauptziel ist es, zum Verständnis der Arbeitsweise von künstlichen Immunsystemen beizutragen, Hinweise auf vielversprechende Anwendungsgebiete zu geben und zum Entwurf besserer künstlicher Immunsysteme beizutragen. Wir haben verschiedene Aspekte praktisch eingesetzter künstlicher Immunsysteme theoretisch betrachtet – zum Einen Hypermutationen, zum Anderen Altersmechanismen. Sämtliche Resultate wurden mit bereits vorhanden theoretischen Resultaten für andere randomisierte Suchheuristiken verglichen, um die unterschiedlichen Heuristiken voneinander abzugrenzen. Dabei lag ein besonderer Fokus auf der praktischen Relevanz der theoretischen Resultate. Dies wird unter anderem durch die Durchführung zusätzlicher experimentelle Untersuchungen gewährleistet. Zusätzlich haben wir von unseren theoretischen Ergebnissen Leitfäden zur Parametrisierung und zum Einsatz der betrachteten Operatoren abgeleitet. Die praktische Ausrichtung der Arbeit wird weiterhin durch das Hinterfragen des für die Analyse randomisierter Suchheuristiken verwendeten Kostenmaßes unterstrichen. Hier gibt die Arbeit Hinweise, auf welche Art und Weise praktisch relevante Theorie betrieben werden kann.

Eine der größten Herausforderungen für die Zukunft dieses Gebietes ist es sicherlich, die theoretische Analyse auf weitere Operatoren und ganze Algorithmen auszuweiten. Dazu gehört unter Anderem die Analyse des Zusammenspiels verschiedener Aspekte der Algorithmen, so wie wir es teilweise bereits am Beispiel von Alterungsmechanismen und Selektion durchgeführt haben. Auf lange Sicht ist es wünschenswert, einen vollständigen

Leitfaden zu erstellen, der für bestimmte Anwendungsgebiete die am vielversprechendsten erscheinenden Methoden aus dem Bereich der randomisierten Suchheuristiken identifiziert.

Eine weitere große Herausforderung für das Gebiet der künstlichen Immunsysteme ist die Vereinigung der beiden großen Teilbereiche, d. h. der Immun-Modellierung und der Algorithmenentwicklung. Es stellt sich die Frage, ob die theoretischen Ansätze und Methoden dieser Arbeit auch im Bereich der Immunologie hilfreich sein können, um vorhandene Modelle zu analysieren und damit zum weitergehenden Verständnis von natürlichen Immunsystemen beizutragen.

Literatur

- [dCT02] Leandro Nunes de Castro und Jonathan Timmis. *Artificial Immune Systems: A New Computational Intelligence Approach*. Springer, 2002.
- [THSC08] Jon Timmis, Andrew Hone, T. Stibor und E. Clark. Theoretical advances in artificial immune systems. *Theoretical Computer Science*, 403(1):11–32, 2008.
- [Zar11] Christine Zarges. *Theoretical Foundations of Artificial Immune Systems*. Dissertation, Fakultät für Informatik, TU Dortmund, Deutschland, 2011.

Christine Zarges hat von 2001–2007 an der TU Dortmund Informatik mit Nebenfach Betriebswirtschaftslehre studiert und ihr Diplom mit Auszeichnung abgeschlossen. Anschließend hat sie an der TU Dortmund am Lehrstuhl für Effiziente Algorithmen und Komplexitätstheorie an ihrer Promotion gearbeitet und diese im Juli 2011 mit der Note ausgezeichnet vollendet. Die Dissertation wurde mit dem Dissertationspreis der TU Dortmund ausgezeichnet. Außerdem wurde Christine Zarges im Jahr 2010 als einzige Deutsche mit einem Google Anita Borg Memorial Scholarship gefördert. Aktuell ist sie als Postdoktorandin an der University of Warwick in Großbritannien tätig. Ihr Aufenthalt dort wird vom Deutschen Akademischen Austausch Dienst finanziert.

Ihre Forschungsschwerpunkte liegen im Bereich der künstlichen Immunsysteme und randomisierten Suchheuristiken. Gegenwärtig hat Christine Zarges vier Zeitschriftenartikel sowie 14 begutachtete Konferenzbeiträge veröffentlicht, von denen zwei mit Best Paper Awards ausgezeichnet wurden. Seit 2012 ist sie Mitglied im Editorial Board der Zeitschrift „Evolutionary Computation“. Außerdem ist sie im Jahre 2012 Mitveranstalterin eines Tutorials und eines Workshops zu ihrem Dissertationsthema auf zwei führenden internationalen Konferenzen des Gebietes.