

Inspiracje biologiczne w sieciach neuronowych i algorytmach genetycznych

Wojciech Lason, Wiesław Pyrczak, Jan Trąbka

W artykule przedstawiono sieci neuronowe oraz algorytmy genetyczne, uwypuklając te ich cechy, które inspirowane są mechanizmami obserwowanymi w naturze. Autorzy skoncentrowali się na powiązaniach rozwiązań i mechanizmów stosowanych w opisanych metodach z ich biologicznymi „wzorcami”. Zwracając z jednej strony uwagę na ułomność metod „sztucznej inteligencji” w porównaniu z doskonałością procesów obserwowanych w naturze, podkreślono dużą skuteczność i efektywność tych metod przy rozwiązywaniu złożonych problemów w wielu dziedzinach.

Wprowadzenie

Inspiracje biologiczne w informatyce stanowią od wielu lat przedmiot badań pracowników Zakładu Biocybernetyki CM UJ, czego dowodem jest szereg prac obejmujących tę tematykę, a także powstająca rozprawa doktorska nt. ewolucyjnych metod poszukiwania decyzji optymalnych w systemach wspomaganie decyzji. Adaptacja cech i mechanizmów występujących w przyrodzie dla potrzeb informatyki, wymaga wiedzy zarówno w zakresie nauk medycznych, biologicznych i fizycznych, jak i informatyki i nauk technicznych. Na pograniczu tak różnych dziedzin powstają nowe, obiecujące kierunki badań. Autorzy niniejszego referatu tworzą taki interdyscyplinarny zespół, reprezentując nauki medyczne, fizykę i informatykę.

Ponieważ systemy przetwarzania danych oparte o klasyczne, analityczne metody coraz częściej nie są w stanie zaspokoić wymagań, poszukuje się nowych rozwiązań opartych o najdoskonalsze znane reguły – mechanizmy i zasady występujące w biologii. Od początku swojego rozwoju ludzie obserwowali przyrodę, podglądali naturę, czerpiąc inspirację dla swoich działań z otaczającego świata procesów biologicznych. Jesteśmy częścią świata przyrody, choć nie do końca rozumiemy mechanizmy jego działania. Przy tworzeniu systemów informacyjnych inspiracje biologiczne pojawiają się od dawna jako niedościgłe wzorce, efektywnie i inteligentnie przetwarzające dane. Jedną z podstawowych cech systemów biologicznych jest równoległość przetwarzania, gdzie w tym samym czasie, ogromna liczba elementów wykonując

szereg prostych operacji, umożliwia rozwiązywanie złożonych problemów. Poprzez pętlę sprzężenia zwrotnego natura realizuje procesy regulacji. Inną cechą obiektów biologicznych jest ekwifinalność, pozwalająca na dochodzenie do celu różnymi drogami. Jeżeli przyjęty sposób działania nie doprowadza do celu, system biologiczny próbuje innej możliwej drogi, wykazując elastyczność, plastyczność i przede wszystkim wysoką niezawodność działania. Systemy obserwowane w naturze potrafią eliminować uszkodzone elementy, a także posiadają zdolność do samoregeneracji oraz reprodukcji. Imponujące są możliwości ludzkiego umysłu w zakresie procesów uczenia się, kojarzenia, dedukcji i formułowania hipotez.

Systemy „sztucznej inteligencji” (pojęcia tego, jako pierwszy „użył” w roku 1956 Marvin Minsky) stworzone przez człowieka próbują „naśladować” wzorce biologiczne w zakresie mechanizmu przetwarzania danych. Pomimo znacznego rozwoju metod i narzędzi komputerowych opartych o procesy biologiczne, nie udało się zbudować sprawnych systemów działających na takiej samej zasadzie jak procesy w naturze. Niemniej jednak ostatnie lata przyniosły znaczący postęp w rozwoju systemów naśladowujących działanie mózgu (neurokomputery, sieci neuropodobne, sieci neuralne), ewolucyjną drogę rozwoju (algorytmy genetyczne, ewolucyjne, programowanie ewolucyjne), wielostanowość i nieostrość układów biologicznych (systemy logiki rozmytej), procesy uczenia się i zapamiętywania (algorytmy adaptacyjne, systemy uczące się), procesy dedukcji i wnioskowania (systemy doradcze, systemy oparte na wiedzy).

Symulowanie pracy mózgu – sztuczne sieci neuronowe

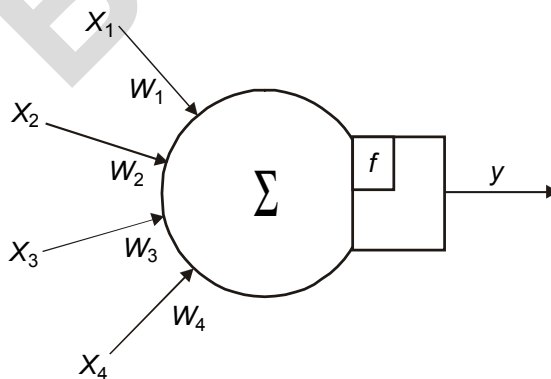
Pomimo znacznego postępu w dziedzinie nauk neurologicznych, wciąż nie wiadomo jak naprawdę pracuje nasz mózg, gdyż procesy tam zachodzące są bardzo złożone. Modele sieci neuronowych inspirowane budową i obecną wiedzą na temat działania mózgu, odzwierciedlają jedynie ogólne zasady jego organizacji. Mózg jest organem o tak dużym stopniu złożoności, że nie potrafimy modelować szczegółów jego działania, a skomplikowane działanie neuronów opisujemy przy pomocy względnie prostych funkcji przełączających. Jednak pomimo, że modelowane sieci, z konieczności uproszczone i ograniczone, nie przypominają naturalnych, biologicznych, to jednak wyniki uzyskane przy ich pomocy okazują się często zdumiewające. Proste w swym pojedynczym działaniu elementy sieci – neurony – za pomocą oddziaływania na siebie w nieliniowy sposób, mają możliwość „nauczenia się” aproksymować dowolną funkcję wielu zmiennych. Silną stroną jest zdolność uogólniania wiedzy oraz wykrywanie zależności pomiędzy zmiennymi. Przeważnie wykorzystując sieć jako narzędzie modelowania nie interesujemy się procesami zachodzącymi podczas uczenia się. Traktujemy neurokomputery jako czarne skrzynki, gdzie istotne jest doprowadzenie do nabycia przez sieć pożądaných własności. Tymczasem procesy zachodzące w sieci podczas procesu uczenia przypominają procesy psychiczne pojawiające się w trakcie nabywania wiedzy [10]. Neurokomputery na ogół skuteczniej od innych metod analitycznych rozwiązują problemy, w których dane mają specyficzny charakter. Dotyczy to w szczególności

danych „rozmytych” takich jak opinie i subiektywne oceny ludzkie, dane przekłamanie lub obarczone błędami, chaotyczne, nieprzewidywalne. W takich przypadkach istotną zaletą jest „odporność” sieci neuronowych. W przypadku danych charakteryzujących się nieprzewidywalną nieliniowością, istotną cechą stają się zdolności adaptacyjne sieci.

Specyficzne cechy neurokomputerów znalazły zastosowanie w rozwiązywaniu wielu złożonych i trudnych problemów, wśród których przykładowo można wymienić: rozpoznawanie wzorców czy kategorii, problemy klasyfikacji, prognozowanie zachowań rynków kapitałowo-finansowych, aproksymacja przestrzenna, filtrowanie dźwięku i obrazu, sterowanie układów dynamicznych, diagnozowanie chorób czy też rekomendowanie decyzji w systemach zarządzania.

Budowa i działanie sieci

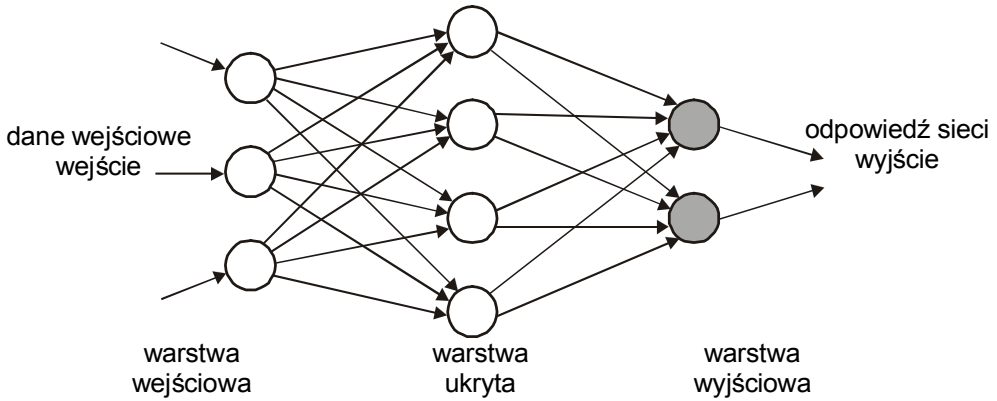
Pojedyncza komórka sieci zbiera sygnały dochodzące od każdego neuronu warstwy poprzedniej. Sygnały te mnożone są przez tzw. współczynnik wagowy (wagę synaptyczną) i sumowane. Następnie po przekształceniu przez funkcję transferu (zależną od celu wykorzystywania sieci), sygnał wyjściowy neuronu przekazywany jest do wszystkich neuronów następnej warstwy (rys. 1). Prosta sieć neuronowa zbudowana jest (podobnie jak mózg) z połączonych ze sobą komórek. Komórki te ułożone są warstwami, przy czym neurony tej samej warstwy z reguły nie są ze sobą połączone. Dane wejściowe podawane są na pierwszą warstwę, a następnie przetwarzane są przez warstwy ukryte (do kilku warstw) i przechodzą do warstwy wyjściowej, gdzie przetworzony sygnał jest odbierany. Neurony można łączyć na wiele sposobów, stosując pętle sprzężenia zwrotnego (sygnał z komórek warstwy wyjściowej podawany jest na wejście) lub stosując połączenia w obrębie tej samej warstwy (podobnie jak w mózgu). Uproszczony model sieci neuronowej pokazano na rysunku 2.



X_1, X_2, X_3, X_4 – sygnały wejściowe, W_1, W_2, W_3, W_4 – wagi synaptyczne
 f – funkcja przejścia, y – wyjście

Rys. 1. Model neuronu

Źródło: *Młody Technik*. Luty 2001.



Rys. 2. Uproszczony model sieci neuronowej

Źródło: opracowanie własne na podstawie: *Młody Technik*. Luty 2001.

Pierwszym etapem projektowania sieci neuronowej jest wybór właściwej struktury sieci (układu przestrzennego), czyli ustalenie ilości warstw oraz ilości neuronów tworzących poszczególne warstwy. Zbyt duża liczba neuronów w warstwach ukrytych powoduje tzw. „przeuczenie” sieci, czyli nadmierne dopasowanie się do danych testowych, co z kolei powoduje utratę zdolności do uogólnień. Z kolei niewystarczająca liczba neuronów nie daje poprawnych rezultatów, co świadczy o „niedouczeniu” sieci. Dobór odpowiedniej struktury warstw podlega pewnym zasadom empirycznym i powinien być optymalizowany (pomocne mogą być metody optymalizacji genetycznej).

Podstawowym zadaniem jest uczenie sieci. Polega na takim doborze wag synaptycznych, aby podając na wejście sieci zadane wartości, otrzymać odpowiedni wynik. Istotną sprawą mającą zasadniczy wpływ na skuteczność uczenia się i weryfikacji jest właściwy dobór metod i algorytmów. W procesie uczenia przygotowuje się zestaw danych wejściowych wraz z „odpowiedziami” jakie powinna „udzielić” sieć. Początkowe wagi synaptyczne ustalane są w sposób losowy, czasami stosuje się algorytmiczne metody doboru (np. przy pomocy algorytmów genetycznych) lub heurystyki. Następnie sieć neuronowa wielokrotnie poddawana jest testom na zbiorze danych uczących. Na podstawie ilości popełnianych błędów (różnice między WE a WY), odpowiednie algorytmy korygują wartości współczynników wagowych. Czasochłonny proces uczenia kończy się po osiągnięciu założonego poziomu poprawnych odpowiedzi.

Kolejnym etapem projektowania sieci jest faza testowania, w której wykorzystuje się zestawy danych nie wykorzystywanych podczas procesu uczenia. Pomyślne przejście tego etapu pozwala wnioskować o skuteczności działania sieci dla innych danych wejściowych. W przypadku niezadawalających wyników, proces nauczania sieci rozpoczyna się od nowa.

Struktura neurokomputerów, ich zasada działania a także elementy tworzące sieć inspirowane są wzorcami naturalnymi. Jest to znakomity przykład połączenia nauk biologicznych, matematyki i teorii informacji służący rozwojowi systemów informacyjnych.

Zasady ewolucji i dziedziczności – algorytmy genetyczne i ewolucyjne

Wiele problemów związanych z zarządzaniem, sterowaniem produkcją, itd. polega na znalezieniu najlepszego w sensie przyjętego kryterium jakości rozwiązania. Stąd też poszukiwanie optymalnego rozwiązania dla różnych problemów przyczyniło się do powstania szeregu algorytmów optymalizacyjnych. Niestety klasyczne metody optymalizacji napotyka na wiele trudności związanych głównie z ostrymi wymaganiami odnośnie funkcji kryterialnej. W tych przypadkach, gdzie niemożliwe jest wyznaczenie pochodnej funkcji celu, a dane charakteryzują się rozmytością, niepełnością czy też losowością, stosowanie metod analitycznych napotyka na trudności. Także metody przeglądowe, proste i naturalne w swoim działaniu są nieefektywne, a nakład obliczeniowy rośnie wraz z wymiarem przestrzeni.

Algorytmy genetyczne (AG) należą do metod losowych poszukiwania optymalnych rozwiązań, przy czym wybór losowy jest tutaj rodzajem „przewodnika” w ukierunkowanych poszukiwaniach w zakodowanej przestrzeni rozwiązań [4]. W badaniach nad optymalizacją jednym z głównych problemów jest odporność, czyli zdolność do skutecznego działania przy zachowaniu efektywności. Świat biologii posiadający zdolność regeneracji, samosterowania, reprodukcji i adaptacji czyli przystosowania się do warunków stał się, ze względu na wymienione wyżej cechy, inspiracją dla powstania metod poszukiwania optymalnych rozwiązań w oparciu o metody doboru naturalnego. W fundamentalnej pracy Hollanda „Adaptation in Natural and Artificial Systems” [5] udowodniono teoretycznie i doświadczalnie odporność AG jako metod poszukiwania w złożonych i skomplikowanych przestrzeniach.

Zgodnie z Wielką Internetową Encyklopedią Multimedialną [15]: *...ewolucja to powolny proces rozwoju organizmów, którego efektem jest coraz większa różnorodność, złożoność i organizacja świata żywego i któremu podlegają całe populacje, nie pojedyncze osobniki*. Czynnikiem warunkującym proces ewolucji zgodnie z teorią doboru naturalnego jest zmienność (rekombinacja genów i zmiany w genach pod wpływem środowiska – mutacje), selekcja (korzystne mutacje zwiększające wartość adaptacyjną organizmów), izolacja rozrodcza (prowadząca do wyodrębnienia się nowego gatunku), dryf genetyczny (zmiana częstości genów w populacji związana ze zmniejszeniem się liczebności). Pierwsze dwie z wymienionych cech znalazły bezpośrednie odzwierciedlenie w teorii algorytmów genetycznych, poprzez operatory krzyżowania, mutacji oraz reguły wyboru. Izolacja rozrodcza prowadząca do wyodrębniania nowych gatunków realizowana jest w algorytmach ewolucyjnych poprzez dobór parametrów sterujących działaniem algorytmu. Nadmierna izolacja prowadzi może do szybkiego zbiegania się rozwiązań w kierunku ekstremum lokalnego. Z kolei brak izolacji prowadzi do zmniejszenia efektywności działania algorytmu.

U podstaw metod ewolucyjnych leżą poszukiwania wzorujące się na procesach dziedziczenia genetycznego i ewolucji. Jak napisał w swej pracy Davis [3]: *...prze-*

nośnia leżąca u podstaw algorytmów genetycznych jest związana z ewolucją w naturze. W trakcie ewolucji każdy gatunek styka się z problemem lepszej adaptacji do skomplikowanego i zmiennego środowiska. „Wiedza” jaką każdy gatunek uzyskał, jest wbudowana w układ chromosomów jego osobników.

Terminologia związana z algorytmami genetycznymi zapożyczona została z genetyki. I tak osobnik reprezentujący rozwiązanie nazywany jest fenotypem, a jego struktura – genotypem. Ciąg kodowy reprezentujący rozwiązanie to chromosom, jeden pojedynczy znak lub cecha w łańcuchu to gen, wariant tej cechy – allel, a jego pozycja – locus. Zestaw rozwiązań przekształcany w kolejnych krokach algorytmu nazywany jest populacją, a operatory przekształcające populacje to reprodukcja, krzyżowanie i mutacja. W zadaniach poszukiwania dla funkcji kryterialnej oceniającej jakość rozwiązania używa się określenia wskaźnik przystosowania, co podkreśla aspekty adaptacyjne metody.

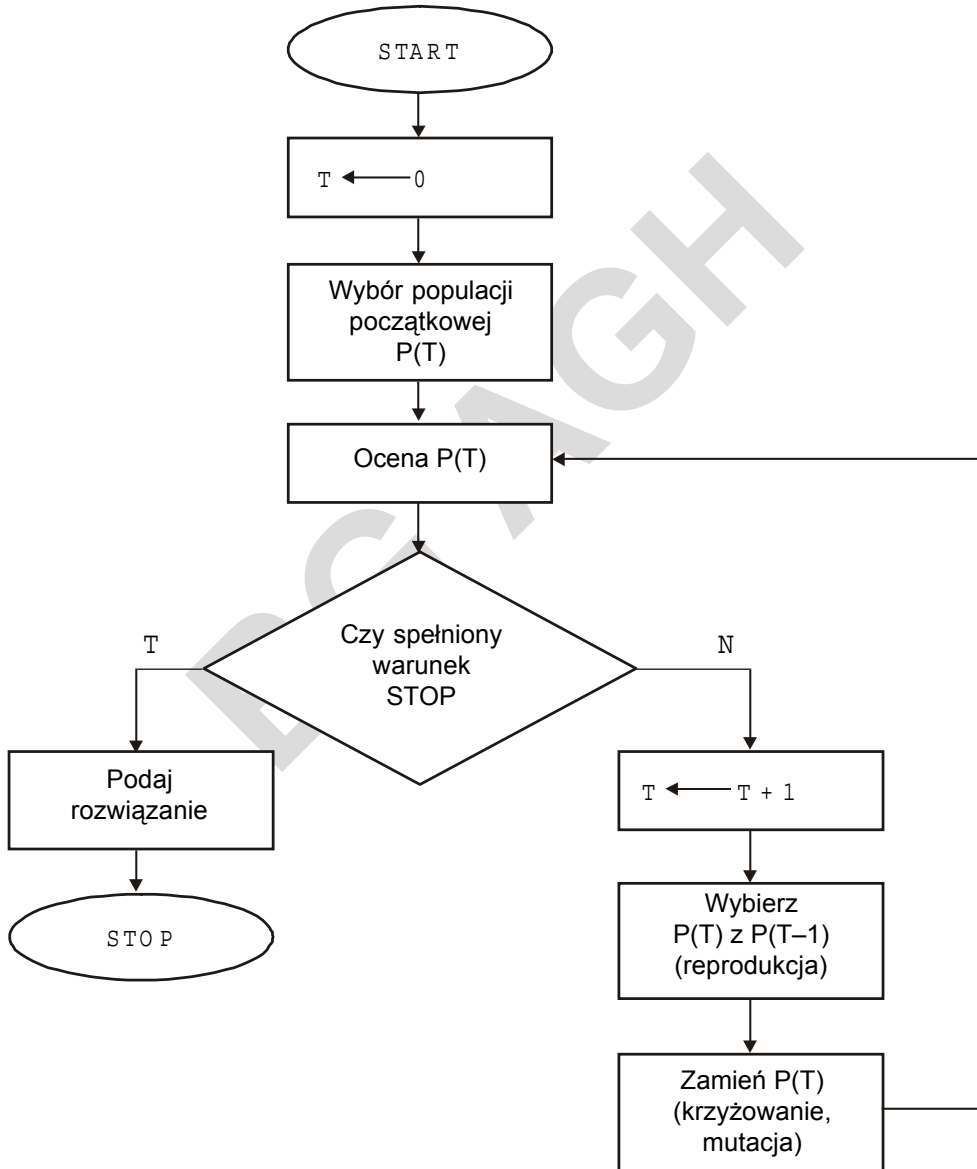
W porównaniu z innymi metodami optymalizacyjnymi AG wyróżniają się pięcioma zasadniczymi cechami:

1. Przetwarzają zakodowaną postać zmiennych (parametrów) zadania.
Wymaga to zakodowania parametrów zadania w postaci skończonego ciągu znaków z przyjętego alfabetu.
2. Rozpoczynają poszukiwania startując z wielu punktów (osobników) równocześnie. Każdy osobnik reprezentuje potencjalne rozwiązanie problemu. AG przetwarza populacje, generując w każdym kolejnym kroku osobników lepiej przystosowanych. Przetwarzanie populacji osobników realizuje równoległość obliczeń.
3. Nie wymagają istnienia pochodnej funkcji celu.
W każdym kroku obliczane są wartości funkcji kryterialnej dla wszystkich osobników populacji. Brak ostrych wymagań co do pochodnej, pozwala stosować AG do rozwiązywania złożonych niestandardowych problemów.
4. Stosują probabilistyczne, a nie deterministyczne reguły wyboru.
Zrandomizowany wybór stosowany w AG jest ukierunkowanym wyborem losowym (większą szansę na reprodukcje mają osobniki lepiej przystosowane, co nie odbiera nawet tym najsłabszym szansy na przetrwanie) gwarantującym prowadzenie wydajniejszego procesu poszukiwań.
5. Skutecznie radzą sobie z nieliniowością.
AG efektywnie przetwarzają ciągi także w tych przypadkach, gdzie zależność między nimi a ich elementami jest złożona i silnym stopniu nieliniowa.

Działanie algorytmów genetycznych

Schemat przedstawiony na rysunku 3 przedstawia działanie elementarnego algorytmu genetycznego, którego struktura identyczna jest ze strukturą dowolnego programu (algorytmu) ewolucyjnego. AG dokonują równoległego, wielokierunkowego przeszukiwania przestrzeni potencjalnych rozwiązań. Polega to na przekształcaniu

populacji osobników zgodnie z symulowaną ewolucją. Lepsze (według przyjętego w zadaniu kryterium dopasowania) rozwiązania mają większą szansę na reprodukcję niż te, które zostały ocenione gorzej. Następnie w wyniku krzyżowania (wymianie części genów) powstaje kolejne pokolenie (populacja) osobników lepiej przystosowanych do życia (ich rodzice byli lepiej przystosowani). Prowadzi to powolnego „wymierania” słabych osobników i ich potomków, przy równoczesnej coraz większej



Rys. 3. Struktura algorytmu genetycznego

Źródło: opracowanie własne na podstawie [8].

dominacji osobników „silnych”. Aby nie stracić cennych osobników (z powodu słabego przystosowania ich przodków) losowo wprowadza się mutację, zaburzającą porządek genów. Nowo powstała populacja osobników podlega ocenie przystosowania i procedura powtarza się od początku. Parametry algorytmu genetycznego decydują o prawdopodobieństwie wystąpienia mutacji na określonej pozycji. Mutacja ma na celu wprowadzenie pewnej dodatkowej zmienności w populacji.

Każdy AG podobnie jak i algorytm ewolucyjny zawiera podstawowe elementy:

1. Reprezentację potencjalnych rozwiązań (najczęściej jest to reprezentacja binarna);
2. Określony sposób wyboru populacji początkowej (niekiedy stosuje się heurystyki);
3. Funkcję oceniającą (kryterialną) wyznaczającą przystosowania osobnika do środowiska;
4. Operatory genetyczne przekształcające umożliwiające generowania kolejnych populacji (reprodukcja, krzyżowanie, mutacja);
5. Parametry sterujące algorytmem (rozmiar populacji, parametry określające regułę wyboru osobników do reprodukcji oraz krzyżowania, prawdopodobieństwo mutacji i inne).

Szeroki zakres stosowalności AG wynika z ich uniwersalności, skromnych wymagań względem funkcji oceniającej, a także operowania na reprezentacjach (w postaci ciągów kodowych) zmiennych decyzyjnych. Analogia zastosowanych rozwiązań z naturalnymi procesami dziedziczenia, czyni je mocnym narzędziem poszukiwań rozwiązań optymalnych.

Wyzwania przyszłości – komputery kwantowe i molekularne

Przedstawione w referacie zagadnienia związane z biologicznymi inspiracjami w sieciach neuronowych i algorytmach genetycznych stanowią jedynie punkt wyjścia dla tworzenia systemów przetwarzania danych naśladujących w swym działaniu procesy naturalne. Współczesne realizacje neurokomputerów (zarówno sprzętowe jak i programowe), pomimo ograniczeń, dla wielu problemów z różnych dziedzin okazały się efektywniejsze od systemów bazujących na metodach analitycznych.

Bardzo trudnym zadaniem jest budowa modeli obiektów biologicznym, opisujących ich działanie. Problemy wynikają zarówno z powodu wielkiej złożoności tych obiektów, jak i ograniczonych możliwości dostępnych narzędzi. Systemy biologiczne cechują się wielowymiarowością, zmiennością interindywidualną (każdy osobnik jest inny), plastycznością (zmiennością w czasie) oraz nieliniowością. Nieliniowość obserwowana w przyrodzie prowadzi do znacznie ograniczonej powtarzalności w podobnych warunkach, czego konsekwencją jest nieprzewidywalność. Z drugiej strony współczesne komputery (podstawowe narzędzie modelowania systemów) są ograniczone zarówno co do technologii jak i architektury. Przetwarzane w nich dane są jednoznaczne, określone, kodowane binarnie.

Postęp w tej dziedzinie przyniosą nowe generacje komputerów oparte o zupełnie nowe zasady przetwarzania. Należy w tym miejscu wymienić komputery kwantowe (nanokomputery) oraz komputery molekularne. W komputerach kwantowych jako podstawę operacji cyfrowych wykorzystuje się elektrony, a ściślej ich potencjał energetyczny związany z orbitą na której się znajdują. Dzięki opracowaniu przez naukowców z Uniwersytetu w Cambridge nowej generacji chipów magnetycznych, nanokomputery mogą funkcjonować w temperaturze pokojowej. Równocześnie postępują prace nad opracowaniem algorytmów przystosowanych do praw mechaniki kwantowej. Komputery molekularne wykorzystują reakcje nukleotydów w łańcuchu DNA na wiązanie ich z uzupełnieniami. Nowa metoda pozwala na nawet 10^{11} -krotne zwiększenie szybkości działania komputerów. Badania nad komputerem molekularnym stanowią doskonały przykład łączenia zdobyczy biologii i informatyki.

Bibliografia

- [1] Chromiec J., Strzemieczna E. 1994: *Sztuczna inteligencja*. Akademicka Oficyna Wydawnicza PLJ, Warszawa
- [2] Cytowski J. 1996: *Algorytmy genetyczne. Podstawy i zastosowania*. Akademicka Oficyna Wydawnicza PLJ, Warszawa
- [3] Davis L. 1987: *Genetic Algorithms and Simulated Annealing*. Morgan Kaufmann Publishers, CA, San Mateo
- [4] Goldberg D.E. 1995: *Algorytmy genetyczne i ich zastosowania*. Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa
- [5] Holland J.H.: *Adaptation in natural and artificial systems*. Ann Arbor: The University of Michigan Press
- [6] Kamiński W.A., Matejanka P. 2000: *Zjawisko samoorganizującej się krytyczności obserwowane w symulowanych sieciach neuronów biologicznych*. Materiały V KK „Modelowanie Cybernetyczne Systemów Biologicznych”, Kraków, 19–20 maja 2000
- [7] Kiluk S. 2000: *Modelowanie działania wybranych elementów biologicznych sieci neuronowych*. Materiały V KK „Modelowanie Cybernetyczne Systemów Biologicznych”, Kraków, 19–20 maja 2000
- [8] Michalewicz Z. 1996: *Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne*. Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa
- [9] *Postępy biocybernetyki i inżynierii biomedycznej. Komputery w medycynie*. Wszechnica Polskiej Akademii Nauk. Ossolineum, Wrocław 1987
- [10] Tadeusiewicz R. 1998: *Elementarne wprowadzenie do sieci neuronowych z przykładowymi programami*. Akademicka Oficyna Wydawnicza, Warszawa
- [11] Tadeusiewicz R. 1993: *Sieci neuronowe*. Akademicka Oficyna Wydawnicza RM, Warszawa

- [12] Tadeusiewicz R., Kot L., Mikrut Z., Majewski J. 1982: *Biocybernetyka*. Wydział EA i E, Skrypt Uczelniany AGH Nr 903, Kraków
- [13] Trąbka J. 1983: *Mózg a świadomość*. Wydawnictwo Literackie, Kraków
- [14] Trąbka J. 1994: *Neurocybernetyka*. Wydawnictwo Collegium Medicum UJ, Kraków
- [15] *Wielka Internetowa Encyklopedia Multimedialna*. <http://wiem.onet.pl>

BG AGH