КООПЕРАТИВНИЙ ІМУННИЙ АЛГОРИТМ ДЛЯ РІШЕННЯ ЗАВДАННЯ АПРОКСИМАЦІЇ СИГНАЛІВ

Фефелов А.О., Литвиненко В.І., Бидюк П.І.

Херсонський національний технічний університет (*м. Херсон*), Херсонський морський інститут (*м. Херсон*), Національний технічний університет України "КПІ" (*м. Київ*)
fao1976@mail.ru, johndoe2004@mail.ru, peter@bidyuk.carrier.kiev.ua

Реферат

У роботі пропонується імунний алгоритм принцип, що використовує, кооперації антитіл замість їхньої конкуренції для рішення задач апроксимації.

1. Введення

Основною особливістю всіх існуючих на сьогоднішній день популяційних алгоритмів є принцип конкуренції індивідуумів усередині популяції за рахунок селекції кращих індивідуумів, надання їм можливості репродукуватися й, як наслідок, перейти в нове покоління В процесі конкуренції й зміни антитіл утвориться одна або кілька кращих моделей, які стають остаточним рішенням завдання апроксимації [1]. У даній роботі для рішення того ж завдання пропонується використовувати принцип кооперації антитіл замість їхньої конкуренції, де кожне антитіло популяції є тільки частиною рішення. У межах популяції антитіла кооперуються й формують структуру, здатну вирішувати завдання на рівні всієї популяції, а не на рівні окремого індивідуума як це прийнято в традиційних імунних алгоритмах [2].

2. Постановка задачі

Розглядається задачу ідентифікації моделі об'єкта нелінійної структури виду:

$$y = f(x_1, x_2, ..., x_n), \qquad (1)$$

для якого залежність між входами x_i й виходом y представлена у вигляді таблиці даних експериментів T:

$$T = \bigcup_{i=1}^{k} (x_{i1}, x_{i2}, ..., x_{in}, y_i), \qquad (2)$$

де k – кількість рядків таблиці.

3. Представлення

Залежність (1) у загальному випадку являє собою математичне вираз, що може бути записане у вигляді формули. Наприклад, допустимо, що наш об'єкт має три входи (x_1, x_2, x_3) й один вихід. Допустимо, також, що залежність між входами об'єкта і його виходом може бути описана за допомогою формули:

$$y = a_{12} \cdot (a_1 x_1 + a_2 x_2) \cdot a_3 x_3, \qquad (3)$$

де a_1, a_2, a_3, a_{12} - деякі константи, що виконують функцію коефіцієнтів. У цьому випадку формула (3) може бути представлена у вигляді графа, зображеного на рис. 1.

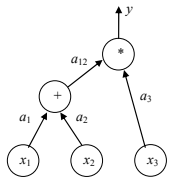

Рис. 1. Представлення математичного вираження у вигляді графа

У термінах теорії еволюційних алгоритмів такий граф називається "генетичною програмою". Він містить вершини двох типів: 1. термінальна вершина – вершина, що не має вхідних у неї дуг; такі вершини являють собою змінні задачи; 2. функціональна вершина - вершина, що має як вхідні, так і вихідні дуги; функціональні вершини містять знаки математичних операцій і функції. Кожна вершина може мати безліч вихідних дуг. Вхідні дуги можуть мати тільки функціональні вершини. Кількість вхідних у вершину дуг залежить від кількості аргументів функції, що представляє вершина. На відміну від класичного подання генетичної програми, у даній роботі всі дуги графа є зваженими. Розглянемо ще один приклад математичного виразу:

$$y = a_{123}\left(a_{12} \cdot (a_1 x_1 + a_2 x_2) \cdot a_3 x_3\right) + a'_{12}\left(a'_1 x_1 \cdot a'_2 x_2\right) \qquad (4)$$

Генетична програма, що відповідає виразу (4) показана на рис. 2.

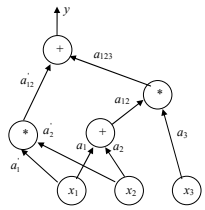

Рис. 2. Граф математичного виразу (генетична програма), що відповідає виразу (4)

4. Кодування антитіл

Проектування штучних імунних систем починають із визначення простору пошуку або "простору форм". Кожна форма ототожнюється з антитілом імунної системи і являє собою рядок, що кодує одне можливе рішення завдання. Пропонований у даній роботі метод, на відміну від класичних підходів, використовує не індивідуальне, а популяційне кодування генетичних програм у якому кожне антитіло є лише частиною генетичної програми. Безліч термінальних вершин графа не піддається ніяким змінам у процесі рішення завдання, отже, популяцію імунного алгоритму повинні становити тільки антитіла,

що кодують функціональні вершини. У цьому випадку рядок антитіла може бути представлена так (рис. 4).

Код функції	Код 1-го вузла нащадка	Код 2-го вузла нащадка	Вага 1-го вузла нащадка	Вага 2-го вузла нащадка

Рис. 4. Пропонована структура індивідуума популяції імунного алгоритму

Як видно з малюнка, антитіло має змішане (цілочисельне й речовинне) кодування. Код функції й коди вузлів представляються цілими числами, а ваги – речовинними. Під кодом функції розуміється її номер або індекс у масиві функцій (функціональна множина). Функціональна множина (*F*) може містити будь-яка кількість математичних операцій, функцій і поліномів, тобто $F = \{+, -, *, /, \sin, \cos, \tan, \ln, poly1, poly2, ...\}$. Тут під $poly1, poly2, ...$ розуміється можливість використання поліномів Колмогорова-Габора, наприклад: $f_1(x_1, x_2) = c + a_1x_1 + a_2x_1x_2$, $f_1(x_1, x_2) = c + a_1x_2 + a_2x_1^2$ і т.д. Всі вершини графа генетичної програми пронумеровані. Номера вершин, що виходять із яких дуги спрямовані до даної вершини, зберігаються в розділі кодів вузлів нащадків даної вершини. Завдяки тому, що всі вершини можуть містити будь-яку кількість вихідних дуг, то при будь-якому приєднанні даної вершини до графа ми не одержимо синтаксично невірного математичного вираз, навіть у випадку коли коди обох вузлів нащадків виявляться рівними. Ця важлива властивість дозволяє давати максимальну волю еволюції структури графа під час навчання

5. Обчислення аффінності

Будь-який імунний алгоритм припускає наявність популяції антигенів (*AG*), що буде розпізнаватися популяцією антитіл (*AB*). У завданнях ідентифікації моделей об'єктів як популяція антигенів виступає безліч рядків дані таблиці експериментів *T*, $Ag_i = t_i, Ag_i \in AG, t_i \in T, i = \overline{1, k}$. Існує також можливість, прийменникова в роботі [4], розбивки таблиці експериментів на підмножини рядків, причому $Ag_i = T_i, T_i \subseteq T$ й у загальному випадку $|Ag_i| \neq |Ag_j|$, $Ag_i \cap Ag_j \neq \varnothing$ при $i \neq j$. Оцінка *i-ої* генетичної програми й *j-ого* антигену обчислюється як Євклідова відстань. У даній роботі, при обчисленні значень аффінності, ми користуємося ступенем подоби, а не ступенем комплементарності індивідуумів. Тому ми вводимо додаткову функцію аффінності (щоб зберегти цільовий напрямок максимізації аффінності) у вигляді:

$$f_{aff} = \frac{1}{1 + D_E} \cdot \qquad (5)$$

Тому що в даній роботі кожне антитіло являє собою тільки частина генетичної програми, те його аффінність буде обчислюватися на підставі оцінки підграфа (піддерева), утвореного поточною вершиною й всіма її нащадками. Таким чином, значення функції f_{aff} змінюються в інтервалі від 0 до 1, тобто $f_{aff} : \Re^+ \to [0, 1]$.

Для керування чутливістю антитіл вводиться поріг аффінності (ε). Фактом розпізнавання антитілом $Ab_i, Ab_i \in AB$ антигену Ag_j вважається значення функції аффінності $f_{aff} \geq \varepsilon$. Отже, чим менше значення порога аффінності, тим більше робастними будуть результати роботи системи. Очевидно, що в цьому випадку $\varepsilon \in [0, 1]$. Кількість антигенів, розпізнаних антитілом Ab_i, називається концентрацією антигену й позначається ν_i^{Ag}.Для розрахунку концентрації визначимо функцію зв'язування антитіла з антигеном як:

$$b : [0, 1] \times [0, 1] \to \{0, 1\}. \qquad (6)$$

Ця функція може приймати тільки два значення: 1 – зв'язування відбулося (антиген розпізнаний антитілом) і 0 – зв'язування не відбулося (антиген не розпізнаний антитілом). Використовуючи значення функції f_{aff} й порога ε, можна представити функцію *b* у вигляді наступного співвідношення:

$$b = \begin{cases} 0, & при\ f_{aff} < \varepsilon; \\ 1, & при\ f_{aff} \geq \varepsilon. \end{cases} \qquad (7)$$

Тоді значення концентрації антигену для антитіла Ab_i може бути розраховане так:

$$\nu_i^{Ag} = \sum_{j=1}^{k} b_{ij} \ . \qquad (9)$$

де b_{ij} - значення функції зв'язування антитіла Ab_i з антигеном Ag_j. Стимульованою вважається клітка, у якої значення $\nu_i^{Ag} > 0$. Розглянемо фрагмент популяції, зображений на рис. 5. Використовуючи співвідношення (5) – (9) концентрацію ν_3^{Ag} можна представити як деяку композицію концентрацій ν_1^{Ag} і ν_2^{Ag}, тобто $\nu_3^{Ag} = \nu_1^{Ag} \circ \nu_2^{Ag}$. У цьому випадку можна виділити наступні два варіанти співвідношення цих трьох величин.

Варіант 1. $\nu_3^{Ag} > \max(\nu_1^{Ag}, \nu_2^{Ag})$ - антитіло Ab_3 має більшу концентрацію антигену в порівнянні з антитілами Ab_1 й Ab_2. Отже, з погляду генетичної програми, введення вузла Ab_3 поліпшує апроксимацію залежності, наближаючи нас до рішення завдання. У цьому випадку клітка Ab_3 є стимульованою і концентрація антигену для неї залишається рівної ν_3^{Ag}.

Варіант 2. $\nu_3^{Ag} \leq \max(\nu_1^{Ag}, \nu_2^{Ag})$. Тут введення вузла Ab_3 погіршує або не змінює апроксимацію залежності, із чого треба, що клітка Ab_3 є нестимульованою і її значення ν_3^{Ag} прирівнюється до 0.

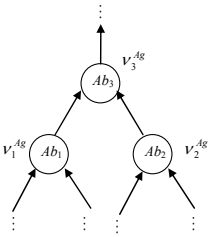

Рис. 5. Фрагмент популяції антитіл.

Концентрація v_3^{Ag} може бути представлена як композиція $v_1^{Ag} \circ v_2^{Ag}$. Залежно від співвідношення $v_1^{Ag}, v_2^{Ag}, v_3^{Ag}$, клітка Ab_3 може бути стимульованою або нестимульованою. Алгоритм навчання використовує інформацію про стимульовані і нестимульовані клітки для того щоб збільшувати або зменшувати розмір репертуару антитіл.

6. Алгоритм навчання

У загальному випадку на початку навчання передбачається наявність тільки одного антитіла в популяції антитіл. У процесі навчання популяція антитіл буде структуроватися у вигляді графа, подібного тому, що зображений на малюнку 2. У контексті імунних алгоритмів назвемо дану структуру функціональною мережею антитіл (ФМА). Як основні властивості даної мережі можна виділити наступне: 1. ріст мережі, що базується на принципі клональному відбору; 2. стиск мережі, засноване на загибелі нестимульованих кліток (апоптоз); 3. еволюція настроювань і структури мережі, заснована на механізмах оцінювання й соматичної гіпермутації.

У загальному виді навчальний алгоритм може бути описаний у такий спосіб.

Крок 1. *Ініціалізація*. Створення початкової популяції антитіл *AB*. У даній роботі початкова популяція складається з одного антитіла, але можлива ініціалізація популяції будь-якого визначеного розміру.

Крок 2. *Інфікування* (*присутність антигенів)*. Для кожного антитіла $Ab_i \in AB$ на підставі вираження (6) обчислити концентрацію антигену v_i^{Ag}.

Крок 3. *Селекція й клонування*. Вибрати антитіло з найбільшим значенням концентрації (найбільше стимульована клітка). Клонувати обране антитіло. Можливе утворення як одного, так і декількох клонів.

Крок 4. *Дозрівання аффінності*. Піддати мутації всі клони обраної клітки з інтенсивністю, зворотно-пропорційної їхнім значенням концентрації v_i^{Ag}. Під час мутації можлива зміна коду функції й кодів першого й другого нащадків (еволюція структури мережі), а, також, зміна ваг першого й другого нащадків (еволюція настроювань мережі).

Крок 5. Повторно обчислити концентрації антитіл мережі, подібно кроку 2.

Крок 6. *Стиск мережі*. Видалити всі клітки мережі, значення концентрацій яких (v_i^{Ag}) менше або дорівнює деякому заданому порогу $v_{\min}^{Ag}$ (видалення нестимульованих кліток).

Крок 7. Перехід до кроку 2, якщо не виконується умова зупинки.

7. Ріст мережі

Цей процес являє собою вибір і репродукування найбільше стимульованої клітки популяції відповідно до принципу клональної селекції. Вибір клітки для клонування відбувається відповідно до значень концентрації антигену, обчисленим для всіх кліток мережі. Клітка з найбільшою концентрацією вибирається для клонування. Розглянемо роботу процедури росту мережі на конкретному прикладі. Допустимо, що поточна конфігурація мережі, така як показано на рис. 6.

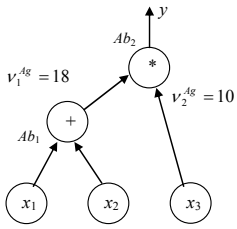

Рис. 6. Приклад конфігурації мережі перед початком процедури росту.

Тому що вершина Ab_3 не має вихідних дуг, то мережа після клонування утворить два виходи (y_1, y_2), що по суті не є проблемою й добре підходить під концепцію мультигенних індивідуумів [5]. Загальний вихід мережі (y) може бути розрахований як композиція виходів y_1 і y_2, ($y = f(y_1, y_2)$).

8. Гіпермутація кліток

Мутація відіграє важливу роль у формуванні імунної відповіді системи на вплив антигену. Завдяки механізму мутації відбувається адаптація структури антитіл і, як наслідок, збільшення аффінності популяції. У даній роботі інтенсивність мутації залежить від значень концентрації v^{Ag} антитіл мережі. Чим більше значення v^{Ag}, тим менше інтенсивність мутації. Мутації може бути піддана будь-яка частина рядка антитіла. Під інтенсивністю β розуміється кількість елементарних впливів оператора мутації на антитіло *Ab*. Елементарний вплив виробляється за схемою однокрапкової мутації, запропонованої в роботі [6]. Тому що оператор може впливати на будь-яку частину антитіла, то він може обновляти не тільки вагові характеристики дуг графа ФМА, але й структуру самої ФМА. Допустимо антитіло Ab_3 піддалося мутації таким чином, що були змінені код функції й код 2-го вузла-нащадка. Нова структура мережі може виглядати так (рис. 7).

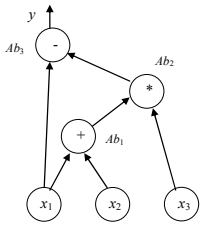

Рис. 7. Структура мережі (із приклада) після мутації

Ця структура не суперечить синтаксису математичного виразу, що представляє, і легко може бути зображена у вигляді дерева (рис.8).

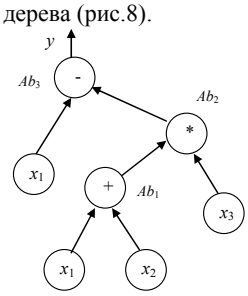

Рис. 8. Подання мережі (із приклада) у вигляді бінарного дерева

Для того щоб уникати утворення значної кількості виходів мережі, у пропонованому методі встановлене обмеження, відповідно до якого будь-яка функціональна вершина мережі може утворювати зв'язок тільки з термінальними вершинами або іншими функціональними вершинами, що не мають вихідних дуг.

9. Стиск мережі

Стиск мережі має на увазі процес загибелі нестимульованих кліток, що приводить до зменшення розміру мережі. Процес стиску мережі також розглянемо на прикладі (рис. 9). У цьому випадку клітка Ab_2 має концентрацію антигену $\nu_2^{Ag} = 0$, тобто є нестимульованою.

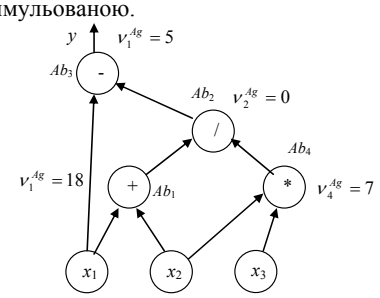

Рис. 9. Стан мережі перед стиском. Антитіло Ab_2 є нестимульованим і повинне бути вилучене з мережі.

Видалення вершини Ab_2 приводить до утворення синтаксично невірного виразу, тому що антитіло Ab_3 не одержує другий аргумент для бінарної математичної дії – вирахування. Дана проблема вирішується в такий спосіб (мал. 10).

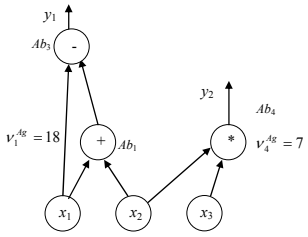

Рис. 10. Структура мережі після видалення нестимулльваної вершини й корекції синтаксису

Тут клітка Ab_3 приєднала до себе як нащадок клітку Ab_1, тому що вона має більше значення концентрації антигену, чим Ab_4 ($\nu_1^{Ag} > \nu_4^{Ag}$). Клітка Ab_4 утворила додатковий вихід мережі.

10. Висновки

У роботі запропонований спосіб рішення завдання апроксимації за допомогою імунного алгоритму, заснованого на принципі кооперації антитіл популяції. Ріст мережі здійснюється за рахунок селекції й клонування кращих антитіл; мутація кліток змінює структуру й настроювання мережі, а процес стиску забезпечує видалення нестимульованих антитіл і приводить зменшенню розміру мережі. Аналіз має тенденцію видаляти тільки клітки верхнього рівня й, отже, не спричинить глобальних перебудов структури. Процес стиску дозволяє мережі рости тільки убік збільшення значень концентрації антигену, а процес пошуку забезпечує додавання до мережі нових кліток, що послідовно наближають мережа до рішення завдання В плані подальших досліджень у цій області можна виділити наступні напрямки:

- реалізація деяких альтернативних способів оцінки антитіл як елементів єдиної обчислювальної системи;
- подальше вдосконалення процедур росту й стиску мережі;
- пошук і усунення надлишкових ділянок мережі з метою спрощення її структури.

11. Література

1.Leandro Nunes de Castro, Fernando J. Von Zuben. Artificial immune systems: part 1 - basic theory and applications. TR - DCA 01/99 1999.

2. Castro, L. N., Von Zuben, F. J., Getulio A. De Deus Jr. The Construction of a Boolean Competitive Neural Network Using Ideas from Immunology, Neurocomputing, 50C, pp. 51-85, 2003.

3. J. R. Koza. Genetic Programming: On the Programming of Computers by Means of Natural Selection. Cambridge, MA: The MIT Press, 1992.

4. Nikolaev N., Hitoshi I., Inductive Genetic Programming of Polynomial Learning Networks, X.Yao (Ed.), ECNN-2000, IEEE Press, pp. 158-167.

5. Ferreira C. Gene Expression Programming in Problem Solving, WSC6 tutorial, 2001.

6. Holland, J.H. "Adaptation in Natural and Artificial Systems", Ann Arbor, MI: The University of Michigan Press. 2nd edn. (1992) Boston,MA: MIT Press.