

# ОБРАБОТКА МНОГОМЕРНЫХ ДАННЫХ НА ОСНОВЕ БИОЛОГИЧЕСКОГО ПОДХОДА ИСКУССТВЕННЫХ ИММУННЫХ СИСТЕМ

Самигулина Г.А., Самигулина З.И.

Институт проблем информатики и управления МОН РК, 050010, Казахстан,  
г.Алматы, ул.Пушкина 125, ком.102, E-mail: galinasamigulina@mail.ru

В настоящее время проблема моделирования биологических принципов обработки информации является одной из основных задач Искусственного Интеллекта. Разработка нетрадиционных биологических подходов при решении широкого круга проблем, начиная от защиты информации и заканчивая проблемами прогнозирования динамических свойств нелинейных объектов управления в реальном масштабе времени, являются весьма актуальными задачами во всем мире. Белки играют огромную роль в природе. Необходим тщательный анализ и осмысление процессов обработки информации белками в естественных системах, что позволит глубже понять механизмы функционирования информационных систем и покажет дальнейшие пути развития данной области науки.

Белки это биополимеры сложного строения [1], макромолекулы которых представляют собой остатки аминокислот или полипептидных цепей, соединенных между собой пептидной связью. Именно пространственная структура белка определяет химические, биологические и функциональные свойства белка. Свойства белка могут сильно изменяться при замене хотя бы одной аминокислоты. Это связано с тем, что изменение конфигурации пептидных цепей ведет к другим условиям образования пространственной структуры белка, которая определяет все его функции в организме. Решающая роль в белках принадлежит не отдельным аминокислотным остаткам, а их сочетаниям. В процессе эволюции сформировались механизмы отбора белковых структур, которые способны сворачиваться в определенные трехмерные нативные структуры, чья энергия существенно ниже, чем энергия альтернативных структур. Основной чертой белковых последовательностей, определяющей их физические свойства, является повышенная стабильность нативной (функциональной) структуры и существование большой щели между энергией нативной структуры и минимальной энергией неверно свернутых структур.

Приведенные свойства естественных белковых структур служат основой биологического подхода Искусственных Иммуных Систем (ИИС) [2]. Основная идея заключается во взаимодействии между белками иммунной системы человека и чужеродными антигенами, то есть в возможности произвольного связывания (так называемого молекулярного узнавания) посредством определения минимальной энергии связи между формальными пептидами, т.е. определения нативной структуры.

Постановка задачи: необходимо разработать пакет прикладных программ (ППП) обработки, анализа и прогноза многомерных данных в реальном масштабе времени на основе интеллектуальной технологии ИИС.

Технологические операции при обработке информации ИИС можно сгруппировать следующим образом:

- предварительные операции;
- основные операции;
- вспомогательные операции.

Предварительные операции включают в себя создание баз данных на основе статистических временных рядов, характеризующих рассматриваемую систему; создание баз знаний на основе мнений экспертов; нормирование входных параметров; удаление пробелов в таблицах данных; операции по считыванию информации из баз данных, баз знаний и т.д.

Основные операции заключаются в создании иммунной сети, обучении иммунной сети с учителем и т.д.

Вспомогательные операции состоят из таких как: выделение информационно - ценных признаков и снижение размерности анализируемого пространства признаков; создание оптимальной структуры иммунной сети; тестирование; оценка энергетических погрешностей ИИС при распознавании образов и т.д.

Структура интеллектуальной технологии обработки информации на основе иммунных сетей основана на модульном подходе. Каждый из этапов данной технологии представляет собой отдельный модуль

Разработанный пакет прикладных программ «PEPTID» предназначенный для реализации данной технологии с помощью искусственных иммунных сетей. Данное программное обеспечение реализовано на языке программирования DELPHI 7.0. В состав предложенного программного продукта входит девять взаимосвязанных подпрограмм, выполняющих определенные задачи. Входными характеристиками ИИС являются временные ряды, составленные из различных параметров описывающих рассматриваемую систему. Вся необходимая информация заносится в базы данных (БД) и базы знаний (БЗ). Для построения иммунной сети в качестве признаков берутся поля таблиц БД. Структурная схема пакета прикладных программ «PEPTID» обработки информации искусственной иммунной системой приведена на Рисунке 1.

Предложенный пакет программ состоит из следующих подпрограмм: NORM, INF\_PRIZ, OPT\_NET, CLAS\_EXP, LEARN, MIN\_ENERG, ENERG\_ERRORS, K\_PRIDIC, GRAFIC.

После считывания исходной информации из баз данных и баз знаний в подпрограмме NORM осуществляется нормировка входных параметров. Предварительная обработка данных является важным этапом любого анализа данных. Наиболее распространенным является нормирование или масштабирование данных. Основной целью нормирования является приведение всех данных к сопоставимому виду. Так как обычно параметры, характеризующие состояние рассматриваемой системы измеряются в разных единицах, то результат существенно зависит от выбора масштабов измерения. Подпрограмма преобразует элементы каждого вектора таким образом, чтобы математическое ожидание было равно нулю, а дисперсия единице. Разработанный удобный интерфейс позволяет графически наглядно отобразить результаты нормирования.

Подпрограмма INF\_PRIZ предназначена для выделения информативных признаков на основе факторного анализа и метода главных компонент. Суть факторного анализа заключается в том, чтобы на основе исследования корреляционных взаимосвязей признаков, находить причины, которые определяют эти взаимосвязи. Метод главных компонент применяется с целью извлечения наибольшей информации из исходных данных путем устранения избыточности. Подпрограмма решает задачу снижения размерности анализируемого пространства признаков и отбор наиболее информативных признаков с помощью метода главных компонент на основе вращения собственного вектора.

Подпрограмма OPT\_NET осуществляет построение оптимальной структуры иммунной сети по весовым коэффициентам информативных признаков и редукцию малоинформативных признаков. Способность ИИС обрабатывать большой объем информации неизбежно приводит к увеличению времени на обучение иммунной сети. В результате возможна такая ситуация, когда время необходимое на обучение иммунной сети превосходит все разумные для поставленной задачи временные ресурсы. Включение в модель признаков, мало влияющих на выходной параметр, затрудняет ее использование, ведет к избыточности информации и возрастанию вычислительных ресурсов. Все это приводит к ситуации, когда прогнозирование по избыточной модели менее эффективно, чем по модели из оптимального числа признаков, обладающих максимальной информативностью.

Подпрограмма CLAS\_EXP предназначена для реализации алгоритмов классификации решений предложенных экспертами.

Подпрограмма LEARN осуществляет обучение иммунной сети с учителем по сформированным экспертом эталонам для соответствующих классов.

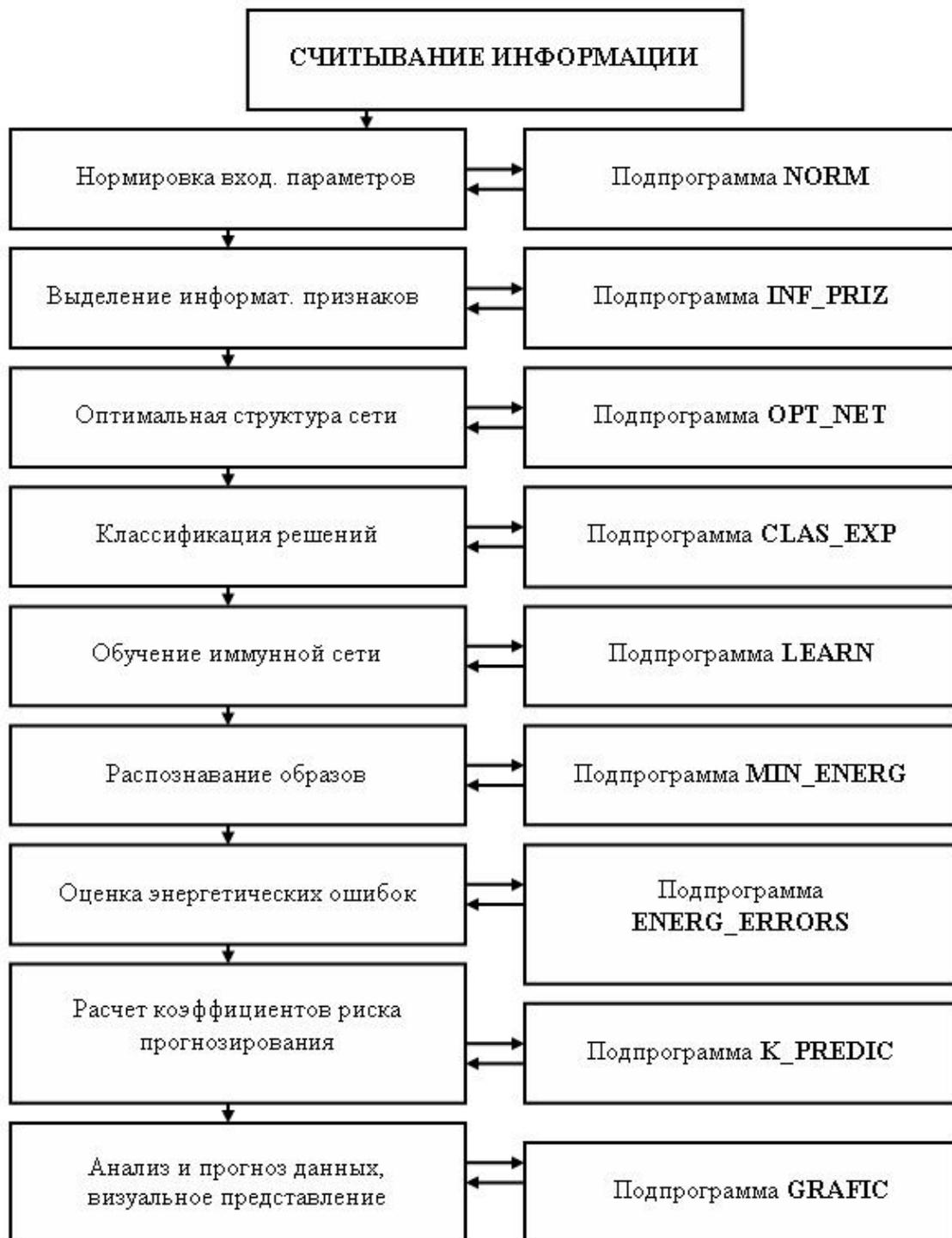


Рисунок 1 - Структурная схема пакета прикладных программ «PEPTID»

Подпрограмма MIN\_ENERG предназначена для решения задачи распознавания образов на основе определения минимальной энергии связи между формальными пептидами.

Подпрограмма ENERG\_ERRORS служит для оценки энергетических ошибок при решении задачи распознавания образов и обработки многомерной информации на основе анализа свойств гомологичных пептидов. Определение нативной укладки белковой цепи, соответствующей минимальному значению энергии связи между пептидами затруднено из-за различных погрешностей (неполнота данных, ошибки измерения, корреляция данных).

В подпрограмме K\_PREDIC осуществляется расчет коэффициентов риска прогнозирования на основе Z – факторов.

Заключительная подпрограмма GRAFIC позволяет сгруппировать данные для визуального представления и наглядно выделить зоны неоднозначного решения для проведения дополнительных процедур.

На основе описанного пакета прикладных программ созданы следующие приложения:

- интеллектуальная экспертная система анализа и прогнозирования асимптотической устойчивости в среднем квадратическом стохастической системы управления [3];
- интеллектуальная экспертная система анализа и прогнозирования динамических свойств интервально-заданной системы управления [4];
- интеллектуальная экспертная система дистанционного обучения в среде Internet на основе ИИС [5];
- биометрическая система контроля доступа на основе аутентификации рукописной подписи [6];
- ИИС анализа состояния чумной триады по характеристикам штаммов чумного микроба и прогнозирование начала эпизоотического процесса [7].

Результаты проведенных экспериментов показывают, что предложенная интеллектуальная технология и разработанное программное обеспечение в целом обладают высокой эффективностью и точностью распознавания образов с использованием искусственных иммунных сетей.

### Литература

1. Finkelstein A.V., Gutin A.M., Badretdinov A.Y. //Proteins. -1995. -V.23. -P.P.151-162.
2. Tarakanov A.O. Formal peptide as a basic of agent of immune networks: from natural prototype to mathematical theory and applications //Proceeding of the I Int. workshop of central and Eastern Europe on Multi - Agent Systems, 1999. -P.P.186-188.
3. Самигулина Г.А. Интеллектуальная система прогнозирования асимптотической устойчивости в среднем квадратическом стохастической системы управления //Труды IX Международной конференции Интеллектуальные системы и компьютерные науки. -Москва: МГУ им. Ломоносова, 2006. -Том № II. -С.265-269. <http://intsys.msu.ru/science/conference/>.
4. Самигулина Г.А. Исследование интервальных систем управления с применением подхода квазиразщепления //Математический журнал. -Алматы: Институт математики, 2004. -Т.4. -№1(11). -С.155-160.
5. Самигулина Г.А. Разработка интеллектуальных экспертных систем управления на основе технологии искусственных иммунных систем. –Алматы: ИПИУ МОН РК, 2008.-137с.
6. Самигулина Г.А. Биометрическая система контроля доступа по рукописной подписи на основе Искусственных Иммунных Систем //Вестник КазНТУ. -Алматы, 2005. -№5. -С.142-149.
7. Samigulina G.A., Chebeiko S.V. Technology of elimination errors the energy estimations of Artificial Immune Systems of the forecasting plague //Proceedings on the sixth international conference on Computational Intelligence and Natural Computation (CINC 2003), Cary, North Carolina, USA, 2003, p.p.1693-1696.