

Wizualizacja dynamiki ewolucji fenotypowej

A. Chorańczewski, R. Galar

Instytut Cybernetyki Technicznej Politechniki Wrocławskiej
Wybrzeże Wyspiańskiego 27; 50-306 Wrocław

Wprowadzenie

Użyteczność inspiracji ewolucyjnych w algorytmach optymalizacyjnych nie budzi dziś wątpliwości, w szczególności w zastosowaniu do problemów optymalizacji globalnej. Nie znaczy to jednak, że istnieje już powszechnie podzielane rozeznanie, w jaki sposób poszczególne „operatory ewolucyjne” funkcjonują w poszczególnych sytuacjach. W efekcie, nierzadko operatory te stosowane są bez wyczucia, co czasami ogranicza efektywność optymalizacji. Powodów tej niedostatecznej orientacji można szukać zarówno w złożoności algorytmów ewolucyjnych — reakcją na trudności obliczeniowe bywa dokładanie nowych, egzotycznych operatorów, jak i w fakcie, że dynamika ewoluujących populacji jest dość złożona i w wielu aspektach dość odległa od codziennych intuicji.

W takiej sytuacji można argumentować, że zajęciem, co najmniej równie pożytecznym, jak testowanie coraz to nowych wersji algorytmów na ukształtowanym historycznie zbiorze funkcji, jest rozeznanie skutków działania poszczególnych operatorów tych algorytmów w warunkach, które można uznać za typowe. Przy uzyskiwaniu takiego rozeznania pomocna okazuje się wizualizacja procesów ewolucyjnych, co bywa przedmiotem całkiem aktualnych opracowań [e.g. Dybowski et al. 1996]. Przedmiot niniejszego doniesienia jest przedstawienie zasad działania i potencjału dydaktycznego programu wizualizacyjnego, przeznaczonego do analizowania dynamiki symulowanej ewolucji fenotypowej w krajobrazie złożonym z wielowymiarowych wzgórz adaptacyjnych. Algorytm ten stanowi ulepszoną i zmodernizowaną wersję programu stosowanego do symulacji dynamiki małych populacji [Galar 1991].

Model i jego uzasadnienie

Poszukiwania inspiracji ewolucyjnych do algorytmów optymalizacyjnych wymaga ustosunkowania się do kwestii: co właściwie jest istotą ewolucyjnych adaptacji? Obecny rozkład opinii w tym względzie daleki jest od konsensusu. Istnieją przynajmniej cztery istotne kontrowersje.

Pierwsza kontrowersja odpowiada istniejącemu w biologii podziałowi na redukcjonistów i antyredukcjonistów. Ci pierwsi sądzą, że istotą ewolucji jest specyfika struktur genetycznych i że struktury te jednoznacznie odwzorowują się na wartości selekcyjne. Ich oponenci uważają natomiast, że struktury genetyczne są pomocnicze względem kodowanych w nich treści i podkreślają znaczenie kontekstu rozwojowego [Altmar 1992, Strohmman 1997]. Naturalne dla tych pierwszych są wysoko wymiarowe dyskretnie przestrzenie cech elementarnych i bardzo chaotyczne powierzchnie odpowiedzi; dla tych drugich ewolucja jest procesem zachodzącym w przestrzeniach ciągłych cech wynikowych, które charakteryzują się znacznie mniejszą liczbą wymiarów i dość regularnymi powierzchniami adaptacyjnymi.

Druga kontrowersja dotyczy kwestii: czy ewolucja jest w stanie przemieniać równocześnie całą przestrzeń potencjalnych rozwiązań, czy też jest procesem zależnym od ścieżki rozwoju, w którym poszczególne generacje skupione są zwykle w stosunkowo niewielkim obszarze przestrzeni poszukiwań, a eksploracji może podlegać jedynie bezpośrednie pobliże tego obszaru? W zależności od preferencji, naturalne stają się bądź ograniczone przestrzenie

poszukiwań i rozproszone w nich szeroko populacje początkowe, bądź nieograniczone przestrzenie, w których populacje początkowe skupione są w określonym miejscu.

Trzecia kontrowersja wiąże się z kwestią celu ewolucji: czy jest to proces optymalizacyjny, który dąży do optimum i wygasa z chwilą jego osiągnięcia, czy też adaptacyjny, który dąży do względnie wysoko wyniesionych obszarów i tam ustawicznie fluktuuje? Przy przyjęciu pierwszego punktu widzenia naturalne jest traktowanie precyzyjnej identyfikacji optimum jako integralnej części algorytmu ewolucyjnego, w drugim przypadku precyzyjne ustalenie zidentyfikowanego optimum jest jedynie nakładką na właściwy proces ewolucyjny.

Czwarta kontrowersja dotyczy istoty ewolucyjnych procesów selekcyjnych, a w szczególności ustalenia, czy elementy do reprodukcji mogą być wybierane w sposób dowolny, czy też dopuszczalne są jedynie takie sposoby selekcji, które nie implikują istnienia zewnętrznego obserwatora i zewnętrznej pamięci procesu. Przy pierwszym podejściu dopuszczalna jest np. selekcja elitarna, przy drugim naturalna jest selekcja proporcjonalna. Istnieje też problem jakiego typu powierzchnie odpowiedzi mogą być w sposób uprawniony traktowane jako krajobrazy adaptacyjne.

Łatwo zauważyć, że w istniejącej populacji algorytmów ewolucyjnych prezentowane są wszystkie omówione opcje w różnych kombinacjach [np. Schwefel 1995]. Jest oczywiste, że nie „czystość ideowa” lecz sprawność obliczeniowa algorytmów jest tym, co ostatecznie rozstrzyga o ich przydatności i że sprawność ta może mieć różne źródła. Jeśli jednak poważnie traktować przymiotnik ewolucyjny, to warto wiedzieć, które z cech algorytmu są rzeczywiście wzorowane na własnościach procesów ewolucyjnych, a które stanowią odstępstwo i jakie są tego konsekwencje.

Przedmiotem naszego zainteresowania jest dynamika ewolucji fenotypowej. Stosowany prosty model ewolucji [Galar 1985, 1991] odpowiada przyjęciu drugiej z opcji, w każdej z omówionych wyżej kontrowersji — co nie jest najczęściej spotykanym wyborem. Model ten może być interpretowany w następujący sposób:

Istnieje jednorodne środowisko, w którym są miejsca dla m osobników. Wartości przystosowawcze osobników określone są przez n ciągłych cech fenotypowych. Przy zmianie generacji, wszystkie miejsca w środowisku zajmowane są przez potomków osobników z poprzedniej generacji. Każdy osobnik (para rodzicielska) ma szansę na ulokowanie swego potomka w dowolnym miejscu środowiska, szanse te są proporcjonalne do wskaźnika przystosowania osobnika (pary rodzicielskiej). W wyniku reprodukcji powstają osobniki podobne do rodzicielskich, to znaczy wartość oczekiwana cechy potomka jest równa wartości cechy rodzica (lub średniej cech pary rodzicielskiej). Zakłada się, że „mutacje w podłożu genetycznym” powodują losowe odchylenia wartości cech potomków od wartości cech rodzicielskich. Odchylenia te są normalnie rozłożone z wariancją σ^2 .

Przyjmuje się, że krajobrazy adaptacyjne (powierzchnia wskaźników przystosowania nad przestrzenią cech) składają się z dość regularnych wzgórz adaptacyjnych — *podobnie jak łańcuchy górskie na Ziemi* [Eigen 1985]. Zainteresowanie skupia się na dynamice adaptacji lokalnej — wspinaczka na wzgórze adaptacyjne i adaptacji globalnej — przekraczanie siodła adaptacyjnych. Prezentowany program umożliwia zdobycie doświadczenia w tym właśnie względzie.

Charakterystyka programu wizualizacyjnego

Omawiany program wizualizacyjny jest 32 bitową aplikacją napisaną w języku Delphi, przeznaczoną do wykorzystania w systemie Windows '95. Zadawanie warunków wyjściowych i ingerencję użytkownika w przebieg symulacji zapewnia przyjazny interfejs

graficzny. Bez konieczności zmiany kodu źródłowego możliwe jest obserwowanie i rejestrowanie różnych aspektów ewolucji na grzbietach adaptacyjnych, przy różnych mechanizmach reprodukcji i w szerokim zakresie zmian parametrów. W szczególności:

Program dopuszcza zadawanie liczebności populacji m w granicach 2–1024, liczby wymiarów przestrzeni poszukiwań n w zakresie 1–64 i zmiany odchylenia standardowego modyfikacji cechy σ w zakresie kilku rzędów.

W programie zaimplementowano dotąd następujące rodzaje selekcji / reprodukcji:

miękka / „aseksualna” — reprodukowane są typy osobników obecne w ostatniej generacji, prawdopodobieństwo reprodukcji jest proporcjonalne do wskaźnika jakości typu;

elitarna — $m-1$ reprodukowanych typów pochodzi z selekcji miękkiej, jeden typ z selekcji twardej z pamięcią;

miękka / „seksualna monogamiczna” — reprodukowane są typy osobników reprezentowane w ostatniej generacji i zestawione w trwałe pary, prawdopodobieństwo posiadania potomka przez parę jest proporcjonalne do sumy wskaźników jakości typów w parze;

miękka / „seksualna promiskuityczna” — reprodukowane są typy osobników obecne w ostatniej generacji, zestawiane *ad hoc* w pary, z których każda wydaje jednego potomka, prawdopodobieństwo znalezienia się w parze jest proporcjonalne do wskaźnika jakości;

twarda z pamięcią — reprodukowany jest wyłącznie typ najlepszego dotąd osobnika;

twarda bez pamięci — reprodukowany jest wyłącznie najlepszy typ z poprzedniej generacji;

chaotyczna / „aseksualna” — reprodukowane są typy osobników reprezentowane w ostatniej generacji, prawdopodobieństwo reprodukcji jest jednakowe dla wszystkich typów.

Program daje sporą swobodę zadawania profilu grzbietów adaptacyjnych, wzdłuż których przebiega symulowana ewolucja. Grzbiety tworzy się przez superpozycję wzgórz adaptacyjnych, których wierzchołki leżą na jednej prostej. Wzgórza mają postać $n+1$ wymiarowych funkcji dzwonowych Gaussa. Użytkownik określa wymiar przestrzeni poszukiwań n i nachylenia zboczy poprzeczne do grzbietu. Dla każdego wzgórza określa się niezależnie położenie wierzchołka wzdłuż grzbietu, wysokość wzgórza, i nachylenie zboczy wzdłuż grzbietu. Operacje te wykonuje się przy pomocy myszy, przeciągając odpowiednie elementy na wykresie grzbietu. Dostępna różnorodność krajobrazów umożliwia obserwację różnych aspektów adaptacji lokalnej i dynamiki przekraczania siodeł.

Program odwzorowuje kolejne symulowane generacje rzutując je na profil przekroju grzbietu adaptacyjnego. Poszczególne punkty odpowiadają typom wygenerowanych osobników — współrzędna pozioma oznacza położenie typu wzdłuż grzbietu, współrzędna pionowa odpowiada wskaźnikowi jakości typu. Można odwzorowywać wszystkie wygenerowane osobniki — *ślad ewolucji*, lub tylko osobniki bieżącej generacji. Można też odwzorowywać osobniki należące do bieżącej generacji na tle śladu ewolucji.

Program pozwala na obserwowanie pozycji punktu wyznaczającego położenie środka ciężkości i średnią jakość bieżącej populacji, można też rejestrować zmiany położenia tego punktu na tle śladu ewolucji. Program generuje też wykresy obrazujące zmiany średniej jakości i średniego rozproszenia populacji w kolejnych generacjach.

Przebieg symulacji można dowolnie zwalniać, można pracować krokowo, zatrzymując symulowany proces co generację. Istnieje możliwość „dydaktycznego” trybu pracy, w którym krok po kroku demonstrowane jest powstawanie osobników nowej generacji.

Program pozwala na bieżącą ingerencję w przebieg symulacji obejmującą zmianę liczebności osobników, wariacji modyfikacji i sposobu selekcji / reprodukcji. Można restartować proces w tym samym lub odrębnym oknie, z tym samym lub zmienionym ziarnem. Można kontynuować proces ze zmienionymi ustawami i obserwować konsekwencje wprowadzonych zmian wyświetlając nowo wygenerowane osobniki innym kolorem.

Program wyposażono w biblioteczkę interesujących przypadków, które można przywoływać na życzenie. Każdą z prowadzonych symulacji można automatycznie dopisać do tej biblioteczki.

Przykładowe wizualizacje

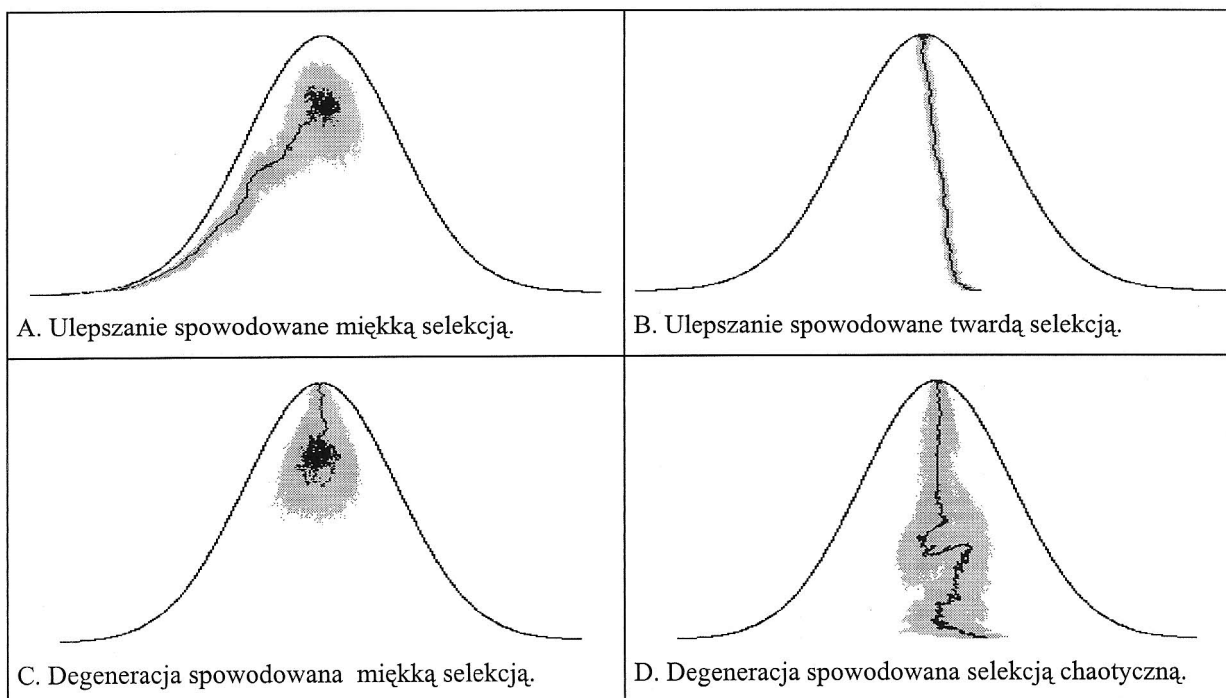
Na kilku rysunkach przedstawiono wybrane przykłady wizualizacji, które demonstrują zarówno możliwości omawianego programu, jak i nietrywialne obserwacje, których można przy jego pomocy dokonać.

Rys. 1 demonstruje dążenie procesu ewolucyjnego do stanu równowagi stochastycznej w otoczeniu wierzchołka. Miękka selekcja jawi się jako kompromisowa metoda wyboru, między selekcją twardą i chaotyczną.

Rys. 2 ilustruje dynamikę przekraczania siodła adaptacyjnych przez małą i średnią populację asexualną z miękką selekcją. Można zauważyć większą sprawność małych populacji w przekraczaniu siodła i decydujący tym procesie wpływ czynników losowych.

Rys. 3. Pozwala porównać sprawność różnych metod reprodukcji / selekcji w przekraczaniu siodła. Reprodukacja asexualna z miękką selekcją okazuje się w tym względzie bezkonkurencyjna, choć jest najsłabsza pod względem poziomu adaptacji osiąganego w stanie równowagi. Trudno zauważyć korzyści z wprowadzenia selekcji elitarniej.

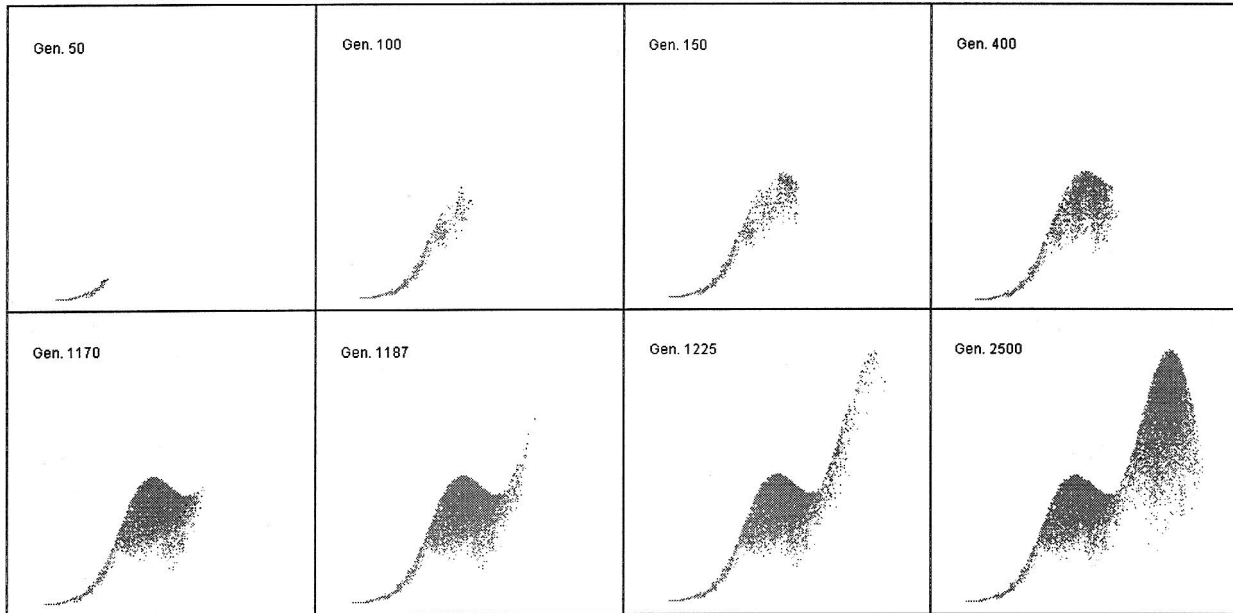
Rys. 4 Przypadek zaniku jednej z dwu współewoluujących populacji. Ilustracja tezy: że unifikacja bywa szybsza od adaptacji.



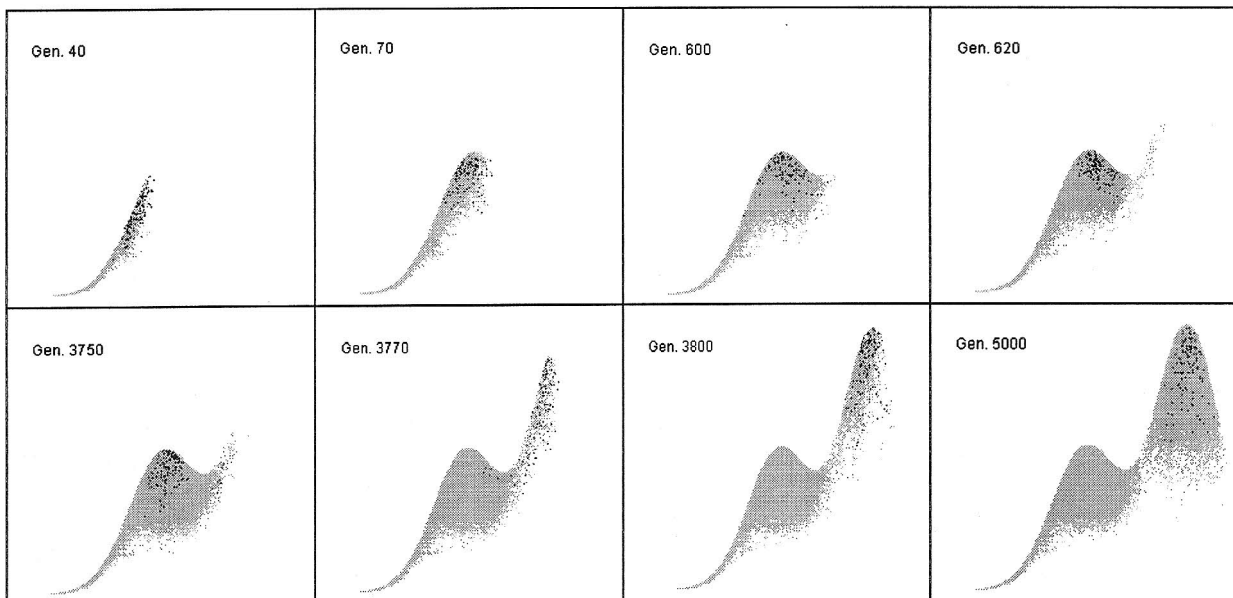
Rys 1. Ewolucyjna adaptacja lokalna — stany równowagi stochastycznej w otoczeniu optimum. Populacja 512 osobników, przestrzeń 32 wymiarowa, szerokość wzgórza w połowie wysokości ok. 150σ . W przypadku A i B początkowa populacja u podstawy wzgórza. W przypadku C i D początkowa populacja na wierzchołku. Oznaczono przemieszczenia środka ciężkości populacji na tle śladu ewolucji.

Rys. 5. Zachowanie twardej i miękkiej selekcji na słabo nachylonym i bardzo wąskim grzbiecie funkcji jakości. W takich przypadkach miękka selekcja szybciej niż twarda lokalizuje położenie optimum, mimo że optymalizowana funkcja jest unimodalna i całkiem regularna.

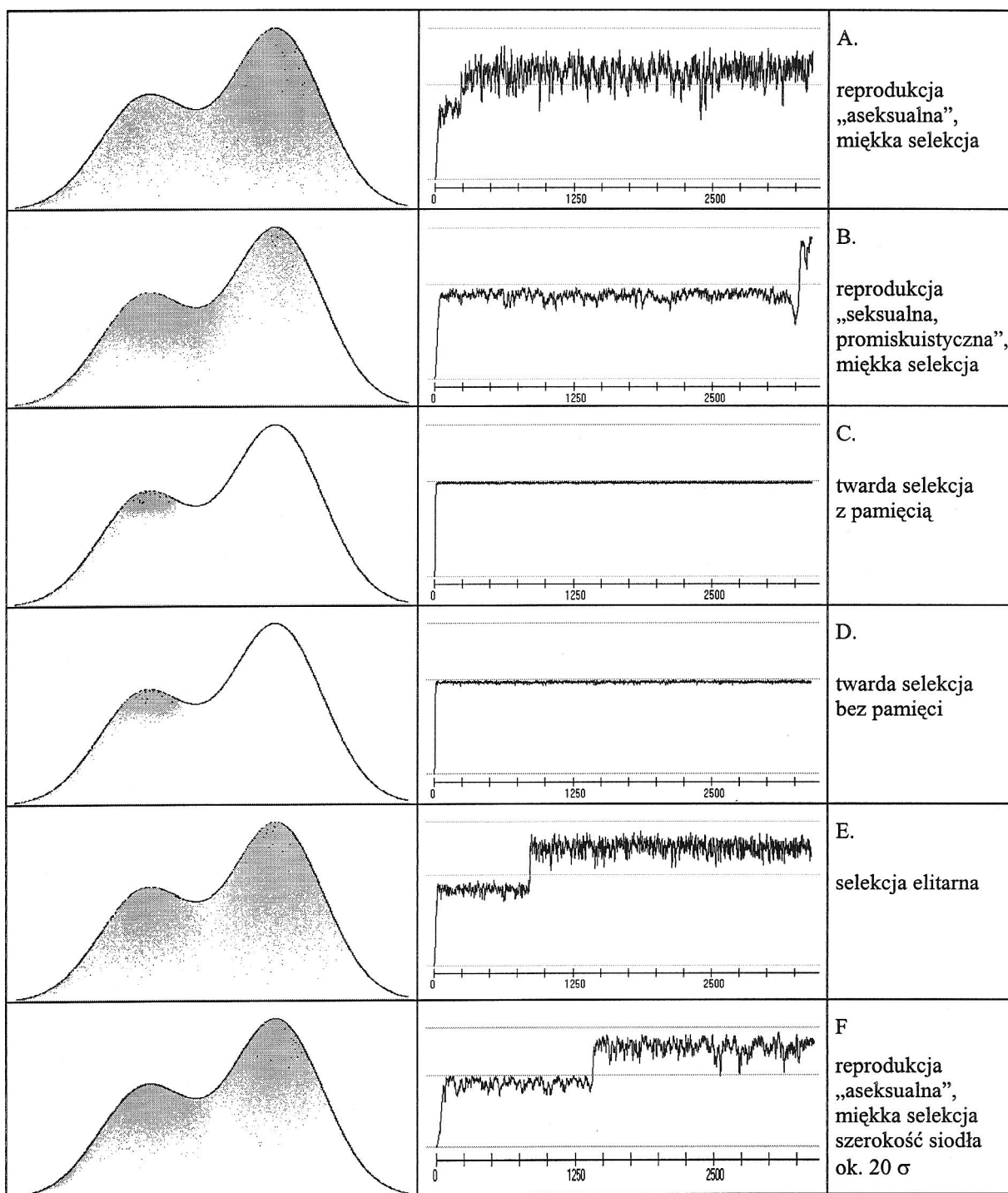
Rys. 6. Ilustruje przypadek oscylacji ewolucyjnych. Populacja „przerzuca się” między otoczeniem niskiego i rozłożystego wierzchołka, a otoczeniem wysokiego i wysmukłego wierzchołka.



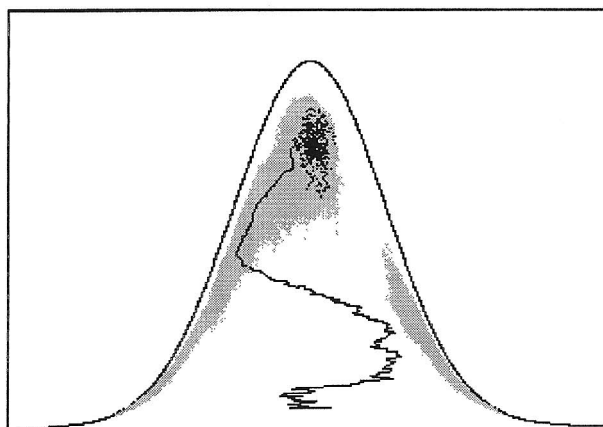
Rys. 2a. Ośmiem klatek ewolucji. Reprodukacja aseksualna, miękka selekcja. Przekraczanie siodła w przestrzeni czterowymiarowej o szerokości około 20σ , przez populację 8 osobników. Proces wystartował u podstawy wzgórza jakości. Po około 100 generacjach dotarł w pobliże optimum lokalnego. Przez ponad 1000 generacji fluktuował wokół lokalnego optimum (pułapka ewolucyjna). Następnie w ciągu 50 zaledwie generacji przekroczył siodło i dotarł do optimum globalnego.



Rys. 2b. Jak Rys 2.a dla populacji 128 osobników. Przekroczenie siodła nastąpiło po porównywalnej liczbie generacji co poprzednio, ale uwzględniając, że populacja była 16-krotnie liczniejsza, wymagało to znacznie większego nakładu obliczeniowego. Warto zwrócić uwagę na „prawie udane” przejście w generacji 620 — takie sytuacje są dość typowe przy przekraczaniu szerokich siodła.

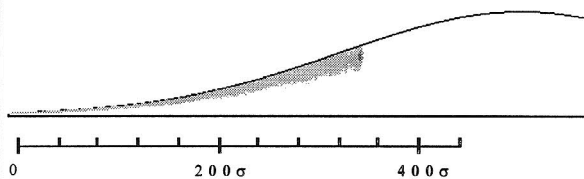


Rys 3. Dynamika przekraczania siodła adaptacyjnych przy różnych rodzajach reprodukcji i selekcji. Populacja 16 osobników, przestrzeń 4-wymiarowa, szerokość siodła 10σ (A–E). Populacja początkowa zawsze u podstawy wzgórza, z lewej strony. Przedstawiono ślad ewolucji na profilu siodła oraz zmiany średniej jakości populacji w czasie. Miękka selekcja w połączeniu z reprodukcją aseksualną jest najszybsza w przekraczaniu siodła, choć ma najniższą średnią jakość w stanie równowagi. Selekcja seksualna daje znacznie lepszy poziom przystosowania, ale ma znacznie gorszą dynamikę. Twarda selekcja nie jest w stanie przekraczać tak szerokich siodła. Selekcja elitarna daje nieco lepszy poziom przystosowania i dynamikę adaptacji lokalnej niż selekcja miękka, nie wytrzymuje z nią jednak porównania pod względem szybkości przekraczania siodła. Jak ilustruje przypadek (F) selekcja miękka jest w stanie przekraczać siodła dwa razy szersze w czasie porównywalnym. Tak szerokie siodła są dla selekcji elitarniej praktycznie nie do pokonania.

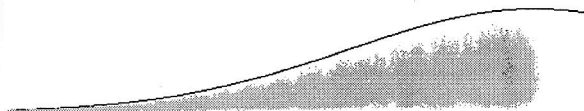


Rys. 4. Dynamika współewoluujących populacji. Selekcja miękka, reprodukcja „aseksualna”, wymiar przestrzeni 32. Dwie podpopulacje po 256 osobników startują z tego samego poziomu na przeciwnych zboczach. Po około 200 generacjach jedna z podpopulacji została wyeliminowana. Podano trajektorie środka ciężkości całej populacji na tle śladu ewolucji.

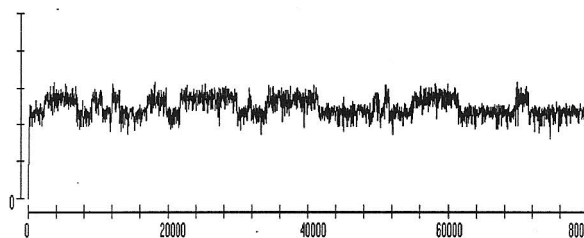
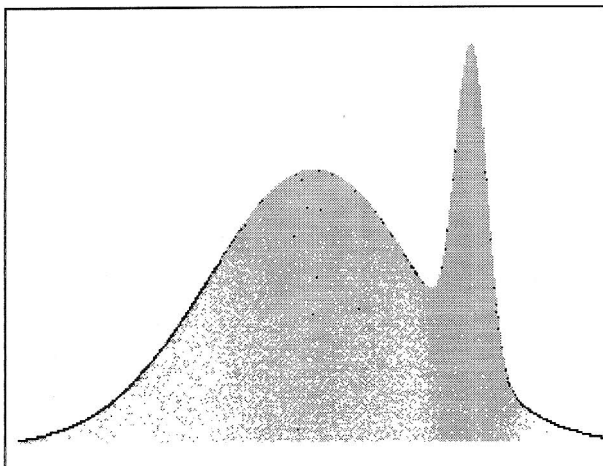
A. selekcja twarda



B. selekcja miękka



Rys. 5. Selekcja twarda i selekcja miękka / aseksualna na wąskim grzbiecie — stosunek parametru nachylenia grzbietu do parametru nachylenia w poprzek grzbietu jak 1:500. Populacja 64, wymiar przestrzeni 16. Zarejestrowano 5000 generacji. Selekcja miękka szybciej osiąga obszar optimum i znajduje lepsze rozwiązanie niż selekcja twarda.



Rys. 6. Przypadek ewolucyjnych oscylacji. Populacja 8 osobników, wymiar przestrzeni 2, odległość wierzchołków ok. 16σ . Populacja co pewien czas „przeskakuje” między niskim i szerokim, a wysokim i smukłym wierzchołkiem. Wiąże się z tym widoczne na wykresie zmiany średniej jakości populacji w czasie.

Podsumowanie

Użyteczność przedstawionego algorytmu widzimy w pierwszym rzędzie w sferze zastosowań dydaktycznych. Wydaje się jednak, że ma on również pewien potencjał poznawczy. Zaobserwowanie oscylacji ewolucyjnych typu zilustrowanego na Rys. 6 było dla nas pewnym zaskoczeniem, i zastanawiamy się właśnie nad ewentualną przydatnością tego zjawiska.

Przedstawiony program znajduje się wciąż w fazie ulepszeń i rozbudowy. Z jednej strony zamierzamy poszerzyć repertuar opcji algorytmu. Planowana jest możliwość wyświetlania położenia elementów populacji również na tle dwuwymiarowej mapy powierzchni odpowiedzi (obecnie jest to możliwe jedynie na tle profilu funkcji jakości). Pozwoli to na zilustrowanie dynamiki przechodzenia rozgałęzień grzbietów adaptacyjnych. Zamierzamy też wprowadzić możliwości perturbacji powierzchni odpowiedzi i badanie wpływu „modyfikacji środowiskowych”. W dalszej kolejności myślimy o wizualizacji zjawisk zachodzących w środowiskach mozaikowych. Z drugiej strony, pracujemy nad wyposażeniem algorytmu w moduł statystyczny, który ułatwi ocenę istotności zaobserwowanego efektu poprzez wielokrotne powtórzenie symulacji i wyliczenie odpowiednich średnich i rozkładów.

Literatura

- Atmar, W. (1992), *The philosophical errors that plague both evolutionary theory and simulated evolutionary programming*, in Proc. First Annual Conference on Evolutionary Programming, eds D.B. Fogel and W. Atmar, Evol. Prog. Soc., La Jolla, CA, 27-34
- Dybowski, R., Collins, T.D., Weller, P.R. (1996), *Visualization of Binary Strings Convergence by Sammon Mapping*, Fifth Annual Conference on Evolutionary Programming, San Diego
- Eigen, M. (1985), *Macromolecular evolution: Dynamical ordering in sequence space*, Ber Bunsenges Phys Chem 89, 658-667
- Galar, R. (1985), *Handicapped individua in evolutionary processes*, Biol Cybern, 51, 1-9
- Galar, R. (1991), *Simulation of local evolutionary dynamics of small populations*, Biol. Cybern 65, 37-45
- Schwefel, H. P. (1995), *Evolution and Optimum Seeking*, John Wiley & Sons, Inc., New York–Chichester–Brisbane–Toronto–Singapore
- Strohman, R.C. (1997), *Epigenesis and Complexity. The coming Khunian Revolution in Biology*, Nature Biotechnology, Vol.15, 194–200