

Mariusz ŚWIĘCICKI  
Politechnika Krakowska

## ZDECENTRALIZOWANY ALGORYTM SELEKCJI KLONALNEJ W ROZWIĄZYWANIU PROBLEMÓW OPTYMALIZACJI DYSKRETNEJ

**Streszczenie.** Artykuł ten przedstawia zdecentralizowany algorytm selekcji klonalnej, który jest algorytmem skalowanym. W pracy tej pokazano, że zaproponowane mechanizmy przetwarzania i zdecentralizowana architektura przedstawionego algorytmu, składająca się z węzłów obliczeniowych, jest architekturą skalowaną, która może być stosowana w rozproszonych środowiskach obliczeniowych, takich jak klastry lub środowiska typu Grid.

## DECENTRALIZED ALGORITHM CLONAL SELECTION FOR SOLVING PROBLEMS OF COMBINATORIAL OPTIMIZATION

**Summary.** In this article we have presented a mechanism of antigen transformation as it occurs in the natural system. Using this mechanism as a base the article has defined paradigms which were used to determine algorithm decentralized clonal selection. The achievements results have been shown that the proposed mechanisms and the decentralized architecture consisting of computational nodes is calibrated and it can be successfully used in the distributed computational environments such as Grid and Clusters systems.

### 1. Wprowadzenie

W ostatnich kilku latach nastąpił wzrost zainteresowania biologią jako źródłem inspiracji do rozwiązywania wielu problemów obliczeniowych z zakresu przetwarzania danych, sztucznej inteligencji, optymalizacji. Motywacją tych zainteresowań jest ekstrakcja mechanizmów „obliczeniowych”, które występują w systemach naturalnych i próba ich adaptacji do efektywnego rozwiązywania problemów z zakresu sztucznej inteligencji. Jednym z przykładów udanej adaptacji naturalnych mechanizmów mogą być algorytmy immunologiczne, które obecnie znajdują szerokie zastosowanie. Wiele z mechanizmów, które funkcjonują w naturalnym systemie immunologicznym jest z powodzeniem wykorzystywanych do rozwiązywania wielu problemów z zakresu klasyfikacji danych wielowymiarowych, ekstrakcji wiedzy, optymalizacji dyskretnej. Przez zadania optymalizacyjne rozumiemy zarówno zadania z zakresu optymalizacji numerycznej, jak i zadania dotyczące problemów z dziedziny optymalizacji kombinatorycznej należących do klasy problemów *NP*-trudnych.

W zagadnieniach związanych z szeroko rozumianą optymalizacją jest wykorzystywany algorytm, który jest oparty na mechanizmie selekcji klonalnej. Okazało się, że algorytm selekcji klonalnej jest znacznie bardziej skuteczny w porów-

naniu z algorytmami genetycznymi do rozwiązywania zadań optymalizacyjnych, szczególnie w przypadku kiedy optymalizowany problem posiada kilka rozwiązań.

Jednakże stosowanie algorytmu selekcji klonalnej w zagadnieniach optymalizacji dyskretnej, w których przestrzeń rozwiązań jest dużego rozmiaru, wiąże się z pewnymi problemami natury obliczeniowej. Przeszukiwanie tego typu przestrzeni jest związane z przetwarzaniem dużych zbiorów danych, co bezpośrednio wpływa na czas trwania procesu optymalizacji.

Jak dotąd, wszystkie implementacje algorytmu selekcji klonalnej bazującego na interakcjach zachodzące pomiędzy limfocytami typu  $B$  są algorytmami sekwencyjnymi i scentralizowanymi [1, 2, 5]. Sekwencyjność tych implementacji powoduje, że nawet przy dzisiejszych możliwościach obliczeniowych współczesnych komputerów nie mogą one być stosowane przy rozwiązywaniu zagadnień optymalizacyjnych charakteryzujących się dużym rozmiarem problemu.

W pierwszej części tego artykułu zostanie przedstawiony paradygmat, na którym została oparta równoległa architektura zdecentralizowanego algorytmu selekcji klonalnej. W drugiej części zostanie zaprezentowany zdecentralizowany algorytm selekcji klonalnej. Ostatnia część tego artykułu przedstawia wyniki obliczeń problemu plecakowego, które zostały przeprowadzone z użyciem zdecentralizowanego algorytmu selekcji klonalnej.

## 2. Paradygmat zdecentralizowanego algorytmu selekcji klonalnej

W tym punkcie zostaną omówione interakcje zachodzące pomiędzy komórkami, w naturalnym systemie immunologicznym, Ponieważ w tej pracy wykorzystywano tylko jeden typ interakcji – mechanizm selekcji klonalnej, pozostałe typy interakcji, które nie są bezpośrednio wykorzystywane na potrzeby tej publikacji, zostaną tylko wymienione.

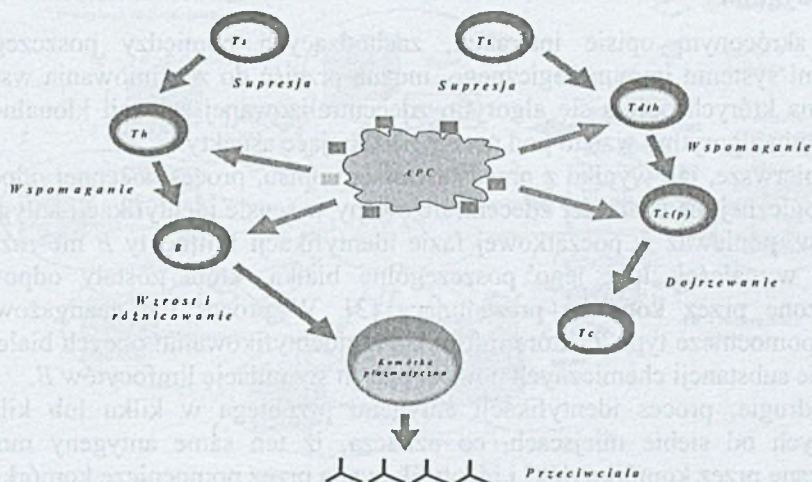
### 2.1. Kooperacja komórek

Wszystkie rodzaje odpowiedzi immunologicznej zależą od komórek typu  $T$ , z wyjątkiem kilku odpowiedzi humoralnych [2, 3]. Antygeny muszą być prezentowane przez odpowiednie komórki, a proces wytwarzania komórek plazmatycznych cytotoksycznych  $T$  odbywa się przy współdziałaniu pomocniczych komórek  $T$ , których aktywność jest wspomagana przez komórki  $T_{dth}$  i supresorowe komórki  $T$  [3].

Na Rys. 1 został przedstawiony obraz molekularnych interakcji zachodzących pomiędzy komórkami; być może nie jest on kompletny, ale wiadomo, że antygen, cytokiny oraz cząsteczki  $MHC$  są bardzo ważnymi czynnikami w procesie współdziałania komórek [3].

Interakcja pomiędzy komórkami ma następujący przebieg. Komórka prezentująca antygen ( $APC$ ) znajdująca się w centrum (Rys. 1) jest różna w zależności od rodzaju komórki, której antygen jest prezentowany. Limfocyty typu  $B$ , pierwotnie odpowiadają na niezmieniony antygen, który znajduje się na powierzchni komórki prezentującej ( $APC$ ), i wspomagane są przez komórki  $Th$ , które odpowiadają na przetworzony antygen prezentowany z udziałem cząsteczek  $MHC$  klasy  $II$  na powierzchni  $APC$ .

We wtórnej odpowiedzi immunologicznej komórki  $B$  same mogą przejąć funkcje komórki  $APC$  i prezentować antygen komórkom typu  $T$  wspomagającym, a następnie stymulować komórki  $B$  [2, 3].



Rys. 1. Interakcje komórek biorących udział w odpowiedzi immunologicznej

Aktywacja komórek prekursorowych, cytotoksycznych  $Tc(p)$  związana jest z prezentacją przetworzonych antygenów, tym razem związanych z cząsteczkami  $MHC$  klasy  $I$ . Ich aktywacja może być wspomagana przez inną populację komórek  $Tdth$ , które przez produkcję odpowiednich cytokin wywołują reakcje typu opóźnionego.

W obu przedstawionych typach odpowiedzi, które zostały przedstawione na Rys. 1, zarówno w przypadku komórek  $B$  jak i  $Tc$ , pewną kontrolę nad tym procesem sprawują komórki supersorowe  $Ts$ . Ich aktywacja niekoniecznie musi zależeć od prezentacji przetworzonego antygeny z cząsteczkami  $MHC$ . Te dwa typy komórek  $Th$  oraz  $Ts$  również na siebie oddziałują i wzajemnie regulują swoją aktywność.

## 2.2. Mechanizm selekcji klonalnej – proces aktywacji limfocytów typu B

Jeżeli komórka  $B$  reaguje na dany antygen i zostanie na niego ekspozycja, to nastąpi utworzenie wiązania antygen - komórka, a faktycznie antygen – przeciwciało, które znajduje się na powierzchni komórki typu  $B$  i pełni funkcje receptora [3]. W wyniku połączenia antygeny z przeciwciałem przekazywany jest sygnał do wnętrza komórki, który inicjuje proces produkcji przeciwciał. W pierwszej fazie tego procesu komórka zostaje pobudzona, następnie dzieli się i różnicuje, tworząc klon komórek siostrzanych.

Nowo powstałe komórki są kopiami komórek rodzicielskich; komórki te zwane są klonami. Nowo utworzone klony komórek poddawane są procesowi różnicowania. Różnicowanie komórek odbywa się z wykorzystaniem mechanizmu mutacji. Ten proces jest nazywany hipermutacją.

Drugą fazą mechanizmu selekcji klonalnej jest eliminacja z nowopowstałej populacji tych komórek, które nie są zdolne do tolerowania komórek należących do danego organizmu. W takim przypadku nowe komórki typu  $B$  byłyby stymulowane przez komórki organizmu i byłyby traktowane jako antygeny. Efektem tego byłoby inicjowanie odpowiedzi immunologicznej, która skierowana byłaby przeciw własnemu organizmowi [3].

### 2.3. Paradygmat

Po skróconym opisie interakcji, zachodzących pomiędzy poszczególnymi komórkami systemu immunologicznego, można przejść do zdefiniowania wstępnych założeń, na których opiera się algorytm zdecentralizowanej selekcji klonalnej. Przy definiowaniu algorytmu wzięto pod uwagę następujące aspekty.

Po pierwsze, jak wynika z przedstawionego opisu, proces wstępnej odpowiedzi immunologicznej ma charakter zdecentralizowany w sensie identyfikacji antygeny lub antygenów, ponieważ w początkowej fazie identyfikacji limfocyty *B* nie rozpoznają antygeny w całości, lecz jego poszczególne białka, które zostały odpowiednio przetworzone przez komórkę prezentującą [3]. W proces ten zaangażowane są komórki pomocnicze typu *T*, które informują o zidentyfikowaniu obcych białek przez uwalnianie substancji chemicznych powodujących stymulację limfocytów *B*.

Po drugie, proces identyfikacji antygeny przebiega w kilku lub kilkunastu niezależnych od siebie miejscach, co oznacza, iż ten same antygeny mogą być przetwarzane przez komórkę *APC* i identyfikowane przez pomocnicze komórki typu *T* oraz komórki typu *B* niezależnie od siebie w kilku węzłach chłonnych organizmu.

Po trzecie, system immunologiczny w tej samej chwili może formułować – przygotowywać odpowiedź immunologiczną dla kilku różnych antygenów.

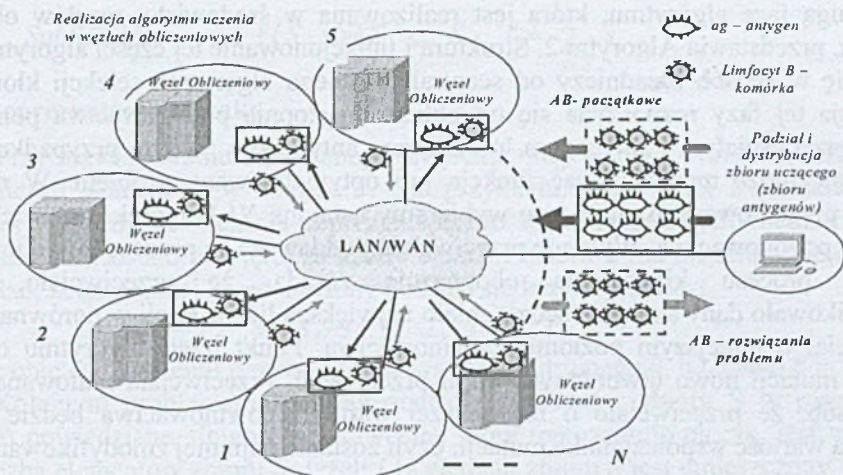
Po czwarte, proces identyfikacji antygeny oraz wszystkie powyżej wymienione typy interakcji zachodzące pomiędzy komórkami systemu odpornościowego mają miejsce w węzłach chłonnych. Oznacza to, iż w tym przypadku węzły chłonne organizmu zapewniają „środowisko obliczeniowe” dla tego procesu.

Biorąc pod uwagę powyższe założenie, otrzymamy algorytm sztucznej selekcji klonalnej, który w sposób znaczący będzie się różnił od obecnie stosowanych tego typu algorytmów [1, 2, 5].

### 3. Algorytm zdecentralizowanej selekcji klonalnej

Algorytm zdecentralizowanej selekcji klonalnej składa się z dwóch faz. W pierwszej fazie tego algorytmu następuje podział – decentralizacja początkowego zbioru przeciwciał, które są nośnikami potencjalnych rozwiązań. Druga faza algorytmu jest związana z mechanizmem selekcji klonalnej. Proces selekcji klonalnej ma miejsce w węzle obliczeniowym, który, podobnie jak węzeł chłonny, zapewnia środowisko dla procesu selekcji klonalnej. Węzeł obliczeniowy dostarcza moc obliczeniową w celu przeprowadzenia procesu optymalizacji.

Na rysunku 2 został przedstawiony ogólny schemat działania algorytmu zdecentralizowanej selekcji klonalnej. Architektura tego algorytmu w ogólnym przypadku zbudowana jest z  $N$  węzłów obliczeniowych. Węzły obliczeniowe połączone ze sobą za pomocą sieci lokalnej lub sieci rozległej. Liczba węzłów obliczeniowych decyduje o poziomie decentralizacji mechanizmu selekcji klonalnej. Każdy z węzłów wchodzący w skład omawianej struktury obliczeniowej pełni takie same funkcje.



Rys. 2. Proces zdecentralizowanej selekcji klonalnej

Funkcja węzła obliczeniowego jest podobna do funkcji węzła chłonnego. Wzrost chłonny zapewnia środowisko dla procesu selekcji klonalnej, co oznacza, iż w węzle chłonnym ma miejsce identyfikacja antygeny i przygotowywana jest odpowiedź naturalnego systemu immunologicznego. W węzle obliczeniowym przeprowadzany jest proces optymalizacji dla danego zbioru antygenów, co polega na poszukiwaniu odpowiedniego zbioru przeciwciał – rozwiązań dla danego podzbioru lub zbioru antygenów.

### 3.1. Algorytm

Jak wcześniej wspomniano, algorytm zdecentralizowanej selekcji klonalnej składa się z dwóch faz. Pierwsza faza tego algorytmu jest związana z procesem podziału zbioru początkowej populacji przeciwciał na taką liczbę podzbiorów, która będzie odpowiadać liczbie węzłów obliczeniowych. Kryteria podziału mogą być określone w sposób dowolny. Jeżeli dokonamy podziału zbioru, nie stosując żadnego kryterium podobieństwa pomiędzy przeciwciałami należącymi do początkowego zbioru, może to skutkować redundancją obliczeń. Efektem tej redundancji będzie redundancja znalezionych rozwiązań. Występowanie redundancji rozwiązań spowoduje, iż niektóre rozwiązania optymalizowanego problemu zostaną powielone przez niezależne od siebie procesy selekcji klonalnej mające miejsce w węzłach obliczeniowych.

Po dokonaniu podziału zbioru przeciwciał poszczególne podzbiory przeciwciał są przesyłane do węzłów obliczeniowych. Na tym kończy się pierwsza faza zdecentralizowanego algorytmu selekcji klonalnej. Przebieg tej części przedstawia Algorytm 1.

- 1 Inicjacja populacji przeciwciał w sposób losowy (AB);
- 2 Określ warunki podziału początkowego zbioru przeciwciał (AB)
- 3 For  $i=1$  to  $N$  do
- 4 Utwórz z (AB) podzbiór  $ab$ ; zbioru przeciwciał stosując za kryterium liczbę węzłów obliczeniowych  $N$  oraz wcześniej zdefiniowane warunki podziału zbioru
- 5 Prześlij  $ab$ , do  $i$ -tego węzła obliczeniowego
- 6 Zainicjuj proces trenowania sieci w  $i$ -tym węzle obliczeniowym

Algorytm 1. Algorytm podziału zbioru przeciwciał – decentralizacji zbioru przeciwciał

Drugą fazę algorytmu, która jest realizowana w środowisku węzłów obliczeniowych, przedstawia Algorytm 2. Struktura i funkcjonowanie tej części algorytmu nie różnią się w sposób zasadniczy od scentralizowanego algorytmu selekcji klonalnej. Realizacja tej fazy rozpoczyna się od obliczenia stopnia powinowactwa pomiędzy danym przeciwciałem i antygenem lub zbiorem antygenów. W tym przypadku zbiór antygenów może reprezentować funkcja lub optymalizowany problem. W drugim punkcie prezentowanego algorytmu wybieramy ustaloną  $NI$  komórek o największym poziomie powinowactwa. Wybrane przeciwciała poddawane są procesowi klonowania. Podczas procesu klonowania obowiązuje zasada, że przeciwciało, które zidentyfikowało dany antygen, będzie miało największą liczbę kopii w porównaniu do przeciwciał o mniejszym poziomie powinowactwa. Punkt trzeci algorytmu opisuje proces mutacji nowo utworzonych kopii przeciwciał. Przeciwciała mutowane są w ten sposób, że przeciwciało o największej wartości powinowactwa będzie miało najniższą wartość współczynnika mutacji, czyli zostanie najmniej zmodyfikowane.

- 1 *For each antygeny należącego do zbioru (AG), prezentuj przeciwciała należące do zbioru AB oraz wyznacz wartość powinowactwa dla każdego elementu zbioru (AB)*
- 2 *Wybierz NI przeciwciał o największej wartości powinowactwa ze zbioru (AB) i w utwórz ich kopie proporcjonalnie do wartości powinowactwa do antygeny. (Przeciwciało o największej wartości powinowactwa posiada największą liczbę kopii);*
- 3 *Poddanie procesowi mutacji wszystkich nowo utworzonych kopii przeciwciał ze wskaźnikiem mutacji odwrotnie proporcjonalnym do wartości powinowactwa (Duża wartość powinowactwa przeciwciała do antygeny niska wartość wskaźnika mutacji).*
- 4 *Dodanie wszystkich zmodyfikowanych przeciwciał w poprzednim punkcie do zbioru*
- 5 *Powtarzanie kroków 1,2,3 do momentu spełnienia zadanych kryteriów.*
- 6 *Utworzoną ten sposób populację przeciwciał  $ab_i$  prześlij do węzła centralnego*

Algorytm 2. Algorytm selekcji klonalnej realizowany przez  $i$ -ty węzeł obliczeniowy

W czwartym punkcie, realizowana jest operacja dodawania nowo utworzonych przeciwciał do zbioru przeciwciał. Algorytm jest zatrzymywany wtedy, kiedy zostaną spełnione kryteria zatrzymania.

#### 4. Optymalizacja problemu plecakowego

W punkcie tym przedstawione zostaną rezultaty rozwiązania problemu plecakowego za pomocą zdecentralizowanego algorytmu selekcji klonalnej.

Problem ten jest znany też jako problem podziału zbioru i jest problemem NP-zupełnym. Dla przykładu, mamy dany zbiór skończony elementów należących do zbioru liczb naturalnych  $S \in N$  i wartość docelową  $t \in N$ . Pytamy, czy istnieje podzbiór  $S' \in S$ , którego suma elementów wynosi  $t$ . Jeśli na przykład:

$$S = \{1, 4, 16, 64, 256, 1040, 1041, 1093, 1284, 1344\}, \text{ a } t=3754$$

to podzbiór  $S'$

$$S' = \{1, 16, 64, 256, 1040, 1093, 1284\}$$

jest rozwiązaniem problemu. Powyższy problem można przedstawić w sposób bardziej sformalizowany. Istnieje wiele opracowań, w których można znaleźć dowody przynależności tego problemu do klasy problemów NP-trudnych.

$$\text{SubSetSUM} = \left\{ \langle S, t \rangle \exists S' \subseteq S \quad t = \sum_{s \in S'} s \right\} \quad (1)$$

#### 4.1. Reprezentacja plecaka

Przy rozwiązywaniu omawianego problemu długość przeciwciała będzie związana z liczbą elementów w zbiorze  $S$ . Dla przykładu, jeżeli zbiór  $S$  zawiera 30 elementów, to długość wektora reprezentującego dane przeciwciało będzie również wynosiła 30. Zostało przyjęte, że każdy element zbioru  $S$  ma określoną objętość. Na przykład, zbiór poniżej przedstawiony posiada siedem elementów:

$$S = [2, 4, 8, 3, 9, 7, 1]$$

gdzie: objętość elementu pierwszego ma wartość 2, drugiego 4, trzeciego 8 itd.

Kolejnym problemem jest reprezentacja elementów zbioru  $S$  w plecaku. Jak zostało powiedziane, długość przeciwciała, które reprezentuje plecak, jest taka sama jak liczba elementów zbioru  $S$ . Jeżeli  $i$ -ty element zbioru  $S$  jest umieszczony w danym plecaku, to wówczas  $i$ -ta pozycja wektora  $P$  reprezentującego plecak ma wartość 1, w przeciwnym przypadku 0. Na przykład, wektor  $P$  o elementach:

$$P = [1110000]$$

reprezentuje plecak, który zawiera pierwszy, drugi i trzeci element zbioru  $S$

#### 4.2. Operatory immunologiczne

Jedynym operatorem immunologicznym, który jest wykorzystywany przez algorytm selekcji klonalnej, jest operator hipermutacji. Dla omawianego problemu zdefiniowanie tego operatora jest zadaniem stosunkowo prostym. Operator ten został zdefiniowany w następujący sposób: losowany jest element wektora  $P$  reprezentującego plecak, a następnie wartość elementu  $P_i$  jest modyfikowana zgodnie z przedstawionym poniżej mechanizmem:

- jeżeli element  $P_i = 1$ , to  $P_i = 0$ ,
- jeżeli element  $P_i = 0$ , to  $P_i = 1$ .

#### 4.3. Kryteria oceny algorytmu

Zanim zostaną zaprezentowane wyniki optymalizacji problemu plecakowego, zrealizowanej przy zastosowaniu algorytmu zdecentralizowanej selekcji klonalnej, należy wyjaśnić cel testów i określić kryteria oceny. Przeprowadzone testy miały na celu potwierdzenie efektywności zaprojektowanego algorytmu głównie w dwóch aspektach.

Po pierwsze, miały dowiedzieć, że proces optymalizacji przy zastosowaniu zdecentralizowanego algorytmu jest znacznie bardziej efektywny pod względem czasu obliczeń. W tym przypadku będzie brany pod uwagę czas optymalizacji.

Drugi aspektem, nie mniej ważnym, jest aspekt związany z pytaniem, czy zdecentralizowany algorytm będzie znajdował rozwiązania problemu plecakowego równie skutecznie, jak to czyni jego sekwencyjny i scentralizowany odpowiednik. Podstawowym kryterium, za pomocą którego będziemy poddawać ocenie skuteczność algorytmu, będzie liczba znalezionych rozwiązań.

Wszystkie otrzymane wyniki testów będą porównywane do rezultatów optymalizacji przy zastosowaniu sekwencyjnego algorytmu selekcji klonalnej.

#### 4.4. Rezultat obliczeń

Proces optymalizacji został przeprowadzony dla różnej liczby węzłów obliczeniowych. W środowisku testowym węzły obliczeniowe – komputery klasy PC były połączone ze sobą za pomocą lokalnej sieci komputerowej. W celu zapewnienia zrównoważonego obciążenia poszczególnych węzłów obliczeniowych zadbano, aby wszystkie komputery stanowiące węzły obliczeniowe były takie same.

W każdym z przedstawionych rezultatów wymiar przestrzeni decyzyjnej, którą należy utożsamić z liczą elementów zbioru  $S$ , był taki sam i wynosił zawsze 50 elementów ( $S=50$ ). Podobna sytuacja zachodziła w przypadku rozmiaru plecaka  $t=15$ . Również populacja przeciwciał  $N$  jest taka sama dla każdego eksperymentu przeprowadzonego w tym punkcie i wynosi 2000 ( $N=2000$ ) przeciwciał. Należy również zaznaczyć, iż zbiór przeciwciał w każdym z przedstawionych przypadków był dzielony na równoliczne podzbiory.

Tabela 1

Wyniki przeprowadzonych testów dla następujących parametrów:

$N=2000$ ,  $pm=0.9$ ,  $NI=50$ , Liczba Iteracji=200

| Liczba węzłów obliczeniowych | Czas trwania obliczeń w węźle [s] | Sumaryczny czas obliczeń [s] | Sumaryczna liczba rozwiązań | Liczba unikalnych rozwiązań |
|------------------------------|-----------------------------------|------------------------------|-----------------------------|-----------------------------|
| 1                            | 495,17                            | 495,17                       | 17                          | 17                          |
| 2                            | 150,86                            | 301                          | 24                          | 17                          |
| 3                            | 77,96                             | 233                          | 31                          | 20                          |
| 4                            | 56,38                             | 225,51                       | 26                          | 20                          |
| 5                            | 44,27                             | 221,34                       | 107                         | 27                          |
| 6                            | 36,52                             | 220,52                       | 119                         | 27                          |
| 7                            | 30,01                             | 210,54                       | 127                         | 27                          |
| 8                            | 26,15                             | 209,23                       | 146                         | 27                          |
| 9                            | 22,92                             | 206,24                       | 160                         | 27                          |
| 10                           | 21,31                             | 213                          | 173                         | 27                          |

Tabela 1 przedstawia rezultaty przeprowadzonych obliczeń. Kolumna druga zawiera czasy trwania obliczeń w odniesieniu do węzła.

Jak można się było spodziewać, czas trwania obliczeń zmniejszał się przez dodanie do systemu kolejnych węzłów obliczeniowych. Trzecia kolumna przedstawia zależność sumarycznego czasu obliczeń (suma czasów obliczeń we wszystkich węzłach obliczeniowych) od liczby węzłów obliczeniowych. W przypadku kiedy system dysponuje tylko jednym węzłem obliczeniowym, sumaryczny czas obliczeń będzie równy rzeczywistemu czasowi trwania obliczeń.

Na podstawie analizy kolumny drugiej i trzeciej zamieszczonej tabeli możemy zaobserwować pewną anomalię związaną ze spadkiem wartości czasu sumarycznego czasu trwania obliczeń, większym niż to by wynikało tylko z liczby węzłów obliczeniowych sieci. Tę anomalię szczególnie dobrze obrazują wartości zawarte w kolumnie trzeciej. Jak można było oczekiwać, sumaryczna wartość czasu obliczeń powinna się mniej więcej utrzymywać na tym samym poziomie. Natomiast, jak wynika z przedstawionych rezultatów, wartość sumarycznego czasu ulega zmniejszaniu przez wprowadzenie nowych węzłów obliczeniowych.



$$O(n^k) \geq \sum_{i=1}^N c_i \cdot O_i\left(\left(\frac{n}{N}\right)^k\right) = \max_{1 \leq i \leq N} (c_i \cdot O\left(\left(\frac{n}{N}\right)^k\right)) \quad (2)$$

gdzie:

$n$  – rozmiar zbioru przeciwciał  $Ab$ ,

$c_i$  – stała proporcjonalności,

$N$  – liczba węzłów obliczeniowych,

$k$  – wykładnik określający złożoność czasową algorytmu selekcji klonalnej (Algorytm 2)  $k \geq 2$ .

Przyczyną występowania tych anomalii jest algorytm selekcji klonalnej (Algorytm 2), a właściwie jego struktura. Złożoność czasowa tego algorytmu nie jest złożonością liniową. Jak wynika z analizy struktury tego algorytmu, złożoność czasowa algorytmu jest co najmniej rzędu  $O(n^2)$ ; do tego należy wziąć pod uwagę złożoność czasową algorytmu obliczającego wartość powinowactwa przeciwciał, co sprowadza się do złożoności czasowej algorytmu mnożenia macierzy.

Wzór (2) dokonuje oszacowania czasowej złożoności obliczeniowej selekcji klonalnej w przypadku, kiedy będzie on realizowany przez  $N$  węzłów obliczeniowych. Jak zostało powiedziane, złożoność obliczeniowa algorytmu (Algorytm 2), który jest realizowany w węzle obliczeniowym, jest co najmniej kwadratowa. Lewa strona przedstawionej nierówności dotyczy realizacji optymalizacji w wersji scentralizowanej – jeden węzeł obliczeniowy. Natomiast prawa strona równości jest związana z realizacją algorytmu selekcji klonalnej w wersji zdecentralizowanej. Widać, że zastosowanie paradygmatu o niezależności procesów selekcji klonalnej w węzłach obliczeniowych umożliwiło podział zbioru przeciwciał na niezależne podzbiory. Podział początkowej populacji przeciwciał spowodował zmniejszenie czasu trwania optymalizacji, po pierwsze, przez współbieżne wykonywanie obliczeń. Po drugie, przez zmniejszenie rozmiaru zbioru populacji początkowej, od którego rozmiaru jest uzależniona złożoność czasowa algorytmu selekcji klonalnej.

Z przedstawionej tabeli wynika również, iż zwiększenie poziomu decentralizacji algorytmu selekcji klonalnej przyczyniło się do zwiększenia liczby znajdowanych rozwiązań. Szczególnie widać to, gdy porównamy liczbę znalezionych unikalnych rozwiązań przez algorytm dysponujący jednym węzłem obliczeniowym do liczby rozwiązań problemu, które zostały znalezione przez algorytm, realizowany na dziesięciu węzłach obliczeniowych.

## 5. Podsumowanie

W artykule został przedstawiony mechanizm przetwarzania antygeny, jaki ma miejsce w systemie naturalnym. Opierając się na tym mechanizmie, zdefiniowano paradygmaty, które posłużyły do procesu decentralizacji przetwarzania. Wprowadzając pojęcie węzła obliczeniowego, który jest odpowiednikiem węzła chłonnego w systemie naturalnym, i bazując na określonych w tym artykule paradygmatach, przedstawiono algorytm zdecentralizowanej selekcji klonalnej.

W przeprowadzonych testach pokazano, że zaproponowane mechanizmy przetwarzania i zdecentralizowana architektura zaproponowanego algorytmu składająca się z węzłów obliczeniowych są architekturą skalowaną, która może być

z powodzeniem wykorzystana w rozproszonych środowiskach obliczeniowych typu Grid lub klastry. Ponieważ przedstawiony mechanizm selekcji klonalnej łatwo poddać procesowi decentralizacji, zaproponowany algorytm można stosować przy przeszukiwaniu przestrzeni decyzyjnych o dużych rozmiarach.

W tej pracy również pokazano, iż dzięki zastosowaniu paradygmatu decentralizacji procesu selekcji klonalnej sam podział zbioru populacji początkowej przeciwiał na niezależne podzbiory skutkuje przyspieszeniem obliczeń nawet w środowisku jednoprocessorowym.

## BIBLIOGRAFIA

1. De Castro L. N., Von Zuben F. J.: The Clonal Selection Algorithm with Engineering Applications, GECCO'00 - Workshop Proceedings, 2000, p. 36-37.
2. De Castro L. N., Von Zuben F. J.: Artificial Immune Systems: Part I – Basic Theory and Applications, Technical Report – RT DCA 01/99, 1999, p. 95.
3. Staines N., Brostoff J., James K.: Wprowadzenie do immunologii; Wydanie I; Urban & Partner; Wrocław 1998;
4. Świącicki M., Wajs W., Wais P.: An artificial immune algorithms apply to pre-processing signals / W: Computational Science – ICCS 2004: 4th International Conference: Kraków, Poland, June 6–9, 2004: proceedings: Springer-Verlag, 2004. — (Lecture Notes in Computer Science ; LNCS 3037). — S. 703–707.
5. Świącicki M., Wajs W., Wais P., Nowak J.: Metody optymalizacji immunologicznej w rozwiązywaniu problemów kombinatorycznych należących do klasy NP. Zastosowania teorii systemów. WIMiR AGH, Kraków 2005, p. 349–363.

Recenzent: Dr hab. inż. Andrzej Polański

## Abstract

In this article we have presented a mechanism of antigen transformation as it occurs in the natural system. Using this mechanism as a base the article has defined paradigms which were used to determine the architecture of clonal selection. Introducing the notion of a computational node which is the equivalent of a lymph gland in the natural system and basing on the defined paradigms, the structure of decentralized algorithm has been presented which is calibrated.

In the tests we have conducted it has been shown that the proposed mechanisms and the decentralized architecture consisting of computational nodes is calibrated and it can be successfully used in the distributed computational environments such as Grid and clusters. Because of that the mechanisms we have presented in this work can easily undergo the process of decentralization. The architecture defined in this paper can be used in widely understood problems of combinatorial optimization.

This paper we have presented that on the basis of the paradigm of the decentralization of the processing process, the division of antibodies set into subsets results in computation acceleration even in one one-processor environment.