

В статье предпринята попытка привлечь внимание к обширной области исследований, связанных с проблемой развития в процессе биологической эволюции все более сложных и высокоорганизованных систем обработки информации, с появлением у организмов новых кибернетических свойств. По мнению автора, такие исследования должны составлять предмет отдельной научной дисциплины - эволюционной биокибернетики.

ЭВОЛЮЦИОННАЯ БИОКИБЕРНЕТИКА

В. Г. Редько

Как в процессе биологической эволюции возникла человеческая логика? Важность исследований в этом направлении связана с глубокой гносеологической проблемой: почему человеческая логика применима к познанию природы? Сошлемся на простую пример. Допустим, физик, изучая динамику некоторого объекта, сумел в определенном приближении свести его описание к дифференциальному уравнению. Далее он интегрирует это уравнение согласно известным из математики правилам и получает характеристики движения объекта (в рамках используемого приближения). Переход от дифференциального уравнения к характеристикам движения дедуктивный, но, если быть предельно строгим, применимость этого перехода к физическому объекту надо обосновывать: ведь последний совершенно необязательно должен подчиняться правилам человеческой логики.

Чтобы ответить на вопросы, как и почему в процессе биологической эволюции появились логические формы, обеспечивающие познание природы, имеет смысл построить модельную теорию происхождения логики. Такая теория могла бы содержать математические модели наиболее важных "интеллектуальных изобретений" биологической эволюции (безусловного рефлекса, привыкания, классического и инструментального условных рефлексов и т.д.), посредством которых

РЕДЬКО Владимир Георгиевич - доктор физико-математических наук, ведущий научный сотрудник Физико-технологического института РАН.

животные "познают" закономерности природы [1], а также модели эволюционных переходов между изобретениями разных уровней.

На наш взгляд, теория происхождения логики должна быть важной частью эволюционной биокибернетики, к которой могут быть отнесены области исследований, представленные на рисунке.

Эволюционное моделирование - достаточно сложившаяся область. Здесь можно выделить три направления: построение моделей возникновения молекулярно-генетических информационных систем; моделирование общих закономерностей эволюции; прикладное эволюционное моделирование. Охарактеризуем кратко каждое из них.

Модели возникновения молекулярно-генетических информационных систем разрабатывались в связи с проблемой происхождения жизни. Проиллюстрируем эти работы на примерах моделей квазивидов и сайзеров. Модель квазивидов, предложенная лауреатом Нобелевской премии из ФРГ М. Эйгеном [2], представляет эволюцию популяции последовательностей символов (информационных аналогов цепочек ДНК или РНК). Последовательности обладают определенными селективными ценностями. Популяция развивается через размножение и отбор последовательностей в соответствии с их селективными ценностями. В результате формируется квазивид: популяция, в которой наряду с оптимальной последовательностью есть множество сходных с ней мутантов. Эйген и его сотрудники провели ряд имитационных расчетов на ЭВМ и продемонстрировали достаточно быструю скорость поиска



Области исследований эволюционной биокибернетики

оптимальных последовательностей в модели квазивидов. Автор настоящей статьи развил данную модель и получил грубую количественную оценку числа особей, участвующих в эволюционном поиске оптимальных последовательностей [3]. Согласно этой оценке, при эволюционном поиске оптимума число участвующих особей (растущее как небольшая степень длины последовательностей) может быть значительно меньше, чем случайный перебор, при котором число участников экспоненциально растет с ростом длины последовательностей.

Модель сайзеров (*syser* - сокращение от *system of self reproduction* - самовоспроизводящаяся система) предложена новосибирскими учеными В.А. Ратнером и В.В. Шаминам в 1980 г. [4]. Она описывает систему макромолекул, в которую входят полинуклеотидная матрица, ферменты репликации и ферменты трансляции. Первая хранит информацию, кодирующую синтезируемые в сайзере ферменты, вторые обеспечивают копирование полинуклеотидных цепочек, а третьи - синтез ферментов в соответствии с закодированной в матрице информацией. Сайзеры - вполне естественная модель простейшей самовоспроизводящейся системы, поэтому неудивительно, что под разными названиями и в несколько различных формах ее предлагали независимо от Ратнера и Шамина и другие авторы: Д. Уайт (Калифорния, 1980) и Р. Файстель (Берлин, 1983). По общей структуре эта модель сходна со схемой исследованных на заре развития вычислительной техники Дж. фон Нейманом самовоспроизводящихся автоматов, которые содержат ленту, хранящую информацию (аналог полинуклеотидной матрицы), автомат для копирования ленты (аналог ферментов репликации) и автомат для синтеза произвольного автомата по закодированной в ленте информации (аналог ферментов трансляции). Концепция биологических информацион-

ных систем, основанная на аналогиях с самовоспроизводящимися автоматами фон Неймана, разработана в книге В.И. Корогодина "Информация и феномен жизни" [5].

Среди исследований, посвященных моделированию общих кибернетических закономерностей биологической эволюции, отметим интересный цикл С. Кауффмана (Пенсильвания), где анализируются автоматы, состоящие из множества случайно связанных логических элементов [6]. Отдельный автомат можно рассматривать как модель молекулярно-генетической системы управления живой клетки, при этом каждый логический элемент интерпретируется как регулятор синтеза определенного фермента. Модели Кауффмана позволяют сделать ряд предсказаний относительно "программ" жизнедеятельности клеток. В частности, продемонстрировано, что для одновременного обеспечения устойчивости и гибкости программы число входов логических элементов должно быть ограничено определенным интервалом.

К моделированию общих аспектов биологической эволюции можно отнести и исследования эволюции генетических текстов. В работах Д.С. Чернавского (Москва) изучалась проблема возникновения в процессе эволюции новой биологически значимой информации и была оценена вероятность случайного формирования в геноме участка ДНК, кодирующего новый функционально важный для организма белок.

Интересна, хотя, по-видимому, не бесспорна, модель блочно-иерархического эволюционного отбора, согласно которой новые генетические тексты большой длины сначала случайно составляются из коротких текстов, оптимизированных в предыдущие эволюционные эпохи, а после составления оптимизируются [7].

Прикладное эволюционное моделирование связано с идеей использования принципов биологической эволюции для оптимизации практически важных для человека систем. В 60-х годах Л. Фогель, А. Оуенс, М. Уолш предложили схему эволюции логических автоматов, решающих задачи прогноза [8]. Исследования по прикладному эволюционному моделированию, идейно близкие к работам Фогеля и его коллег, развиты в работах И.Л. Букатовой (Москва). В последнее время проявляется большой интерес к исследованию и использованию генетического алгоритма, предложенного в 1975 г. Дж. Холландом (Мичиганский университет). Общая схема генетического алгоритма практически совпадает с таковой в модели квазивидов, правда, здесь механизм изменчивости, помимо точечных мутаций (равновероятных случайных замен символов информационных последовательностей - аналогов геномов "особей"), включает в себя кроссинговер - скрещивание последовательностей и инверсии - обращение порядка следования символов в некотором случайно выбранном участке последовательности.

Сфера применений генетического алгоритма обширна: это и разработка компьютерных экспертных систем, и сугубо практическая оптимизация работы нефтяных трубопроводов, и моделирование структур нейронных сетей в нейрокибернетических исследованиях.

Вторая область исследований эволюционной биокибернетики - эволюционная нейрокибернетика. Она только формируется. К ней можно отнести модели эволюции нейронных сетей и собственно теорию происхождения логики.

В последние 10-15 лет чрезвычайно широкое развитие получили модели, в которых строятся сети и формальных нейронов (многовходовых пороговых элементов). Разработаны эффективные алгоритмы ассоциативной памяти, распознавания образов, обработки информации в системах управления сложными объектами. Достоинства данных сетей - параллельность обработки информации и способность к обучению. В Москве уже более 20 лет под руководством В.Л. Дуни-на-Барковского ежемесячно проводится семинар по нейронным сетям. На базе этого семинара сформирована Российская ассоциация нейроинформатики. Она имеет широкие международные связи, под эгидой ассоциации проводятся конференции, симпозиумы, выставки, совещания.

Исследования по моделированию эволюции нейронных сетей включают в себя как разработку концепций селективного отбора эффективных нейронных сетей при обучении животных (Г. Эдельман, М. Конрад, США), так и анализ возможностей эволюционной оптимизации нейронных сетей с по-

мощью генетического алгоритма или его аналогов (А.Т. Терехин, Е.Б. Будилова, Москва).

По-видимому, наиболее актуальное, но наименее развитое направление эволюционной биокибернетики - теория происхождения логики. Среди первых шагов к ее построению отметим модели "интеллектуальных изобретений" биологической эволюции, в частности, адаптивный сайзер [9], представляющий собой модель безусловного рефлекса на молекулярном уровне, а также модель формирования простейших приобретаемых навыков, разработанную М.Л. Цетлиным и его последователями [10]. Кроме того, известен ряд моделей условного рефлекса (А.А. Ляпунов, Р. Буш, Ф. Мостеллер, А. Барто, Р. Саттон, С. Гроссберг). Однако, на наш взгляд, некоторые принципиальные особенности условного рефлекса до сих пор не промоделированы математически, прежде всего это касается роли мотивации в процессе выработки рефлекса.

Еще раз подчеркнем: анализ "интеллектуальных изобретений" биологической эволюции - очень интересная и практически нетронутая область для теоретических исследований.

Отметим и прикладные аспекты эволюционной биокибернетики. Идея использовать биологические аналоги для построения искусственных информационных систем уже обсуждалась при рассмотрении прикладного эволюционного моделирования. Возможна не только имитация биологических систем обработки информации в виде аналитических моделей и программ для универсальных ЭВМ, но и аппаратная реализация специализированных микроэлектронных "биокомпьютеров". В частности, представляется перспективным создание эволюционных оптимизаторов, реализующих генетический алгоритм. Автором совместно с сотрудниками малой фирмы ИнТеСи (Зеленоград) была предложена микроэлектронная схема эволюционного оптимизатора, основанного на использовании векторного логического устройства и оперативной памяти большой емкости [11]. Главные информационные процессы в эволюционном оптимизаторе осуществляются параллельно.

В будущем целесообразно разработать поколения эволюционных оптимизаторов, предназначенных для оптимизации сложных систем управления. При создании таких устройств имеет смысл предусмотреть поколения управляющих систем с последовательным включением в них аналогов "интеллектуальных изобретений" - безусловного рефлекса, привыкания, условных рефлексов, примерно так же (и с тем же значением), как это происходило в процессе биологической эволюции. В рамках этих работ было бы интересно модельно сопоставить дарвиновскую

(нет передачи по наследству приобретенных навыков) и ламарковскую (есть наследование приобретенных навыков) концепции эволюции и выяснить классы задач, для которых выгодна та или иная стратегия. Здесь же было бы любопытно модельно проанализировать процесс возникновения нервной системы, специально предназначенной для быстрой и надежной обработки информации части управляющей системы.

В свое время А. Эйнштейн сетовал на то, что достижения науки в первую очередь используются в военных целях. Можно надеяться, что искусственные "биокомпьютеры" будут использоваться именно в полезных для человека целях, аналогично тому, как биологические информационные системы обеспечивают выполнение жизненно важных функций организмов.

Для разработок искусственных "биокомпьютеров" более важно понимание общих принципов функционирования биологических информационных систем, чем выяснение конкретных физико-химических механизмов работы элементов естественных "биокомпьютеров", поскольку "элементная база" естественных и искусственных биокомпьютеров может быть различна.

Вопросы эволюционной биокibernетики затрагивают широкий круг междисциплинарных проблем, относящихся к теории познания, основаниям математики, искусственному интеллекту, высшей нервной деятельности, биологической эволюции, математическому моделированию, информатике, технической кибернетике. Хотя в последние годы много говорится об актуальности междисциплинарных исследований, найти средства для постановки и развития "стыковочных" научных направлений значительно труднее, чем для уже сложившихся. Например, в Российском фонде фундаментальных исследований просто нет раздела, подходящего для исследований биологических информационных систем. Автор пытался подать заявки на биокibernетические исследования в РФФИ и Международный научный фонд, несколько искусственно "привязывая" тематику к разделам "биофизика" и "математическое моделирование", - результат нулевой. Не удалось получить средств и на разработку общей методологии эволюционной биокibernетики в Российском гуманитарном научном фонде.

Между тем финансирование исследований по эволюционной биокibernетике может быть весьма скромным. Здесь не нужны дорогостоящие экспериментальные установки. Достаточно оплатить работу теоретиков, обобщающих и формализующих в моделях опыт биологов; обеспечить доступ к научной информации и участие в работах конференций.

По-видимому, несколько скептическое отношение к биокibernетике обусловлено неудачей первого бионического бума 50-60-х годов (активные исследования вели в те годы Ф. Розенблатт, Б. Уидроу, М.М. Бонгард, М.Л. Цетлин и многие другие), когда энтузиазм ученых, строивших модели процессов обучения в нервной системе и пытавшихся создать электронный аналог мозга, натолкнулся на серьезные трудности.

Скорее всего, основной урок первого бионического бума состоит в том, что системы обработки информации в живых организмах далеко не просты и выяснить их природу "с наскока" не удалось. Поэтому в первую очередь необходимы именно фундаментальные исследования, посвященные анализу возникновения, развития и биологического значения информационных систем живых организмов и обеспечиваемых этими системами "интеллектуальных" свойств.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Воронин Л.Т.* Эволюция высшей нервной деятельности. М.: Наука, 1977.
2. *Эйген М., Шустер П.* Гиперцикл. Принципы самоорганизации макромолекул. М.: Мир, 1982.
3. *Редько В.Т.* Спиновые стекла и эволюция // *Биофизика*. 1990. Т. 35. № 5.
4. *Ратнер В.А., Шамин В.В.* Сайзеры: моделирование фундаментальных особенностей молекулярно-биологической организации. Соответствие общих свойств и конструктивных особенностей коллективов макромолекул // *Журн. общ. биологии!* 1983. Т. 44. №1.
5. *Корогодин В.И.* Информация и феномен жизни. Пушино, 1991.
6. *Кауффман С.* Антихаос и приспособление // *В мире науки*. 1991. № 10.
7. *Иваницкий Г.Р., Есипова Н.Г., Абагян Р.А., Шноль С.Э.* Блочное совершенствование генетического текста как фактор ускорения биологической эволюции // *Биофизика*. 1985. Т. 30. № 3.
8. *Фогель Л., Оуэне А., Воли М.* Искусственный интеллект и эволюционное моделирование. М.: Мир, 1969.
9. *Редько В.Т.* Адаптивный сайзер // *Биофизика*. 1990. Т. 35. № 6.
10. *Цетлин М.Л.* Исследования по теории автоматов и моделирование биологических систем. М.: Наука, 1969.
11. *Редько В.Т., Дябин М.М., Елагин В.М., Карпинский Н.Г., Половянюк А.И., Сереченко В.А., Ургант О.В.* К микроэлектронной реализации эволюционного оптимизатора // *Микроэлектроника*. 1995. Т. 24. № 3.