

Adam Klós

Filozofia ewolucji Charlesa Sandersa Peirce’a a współczesne problemy algorytmów ewolucyjnych

Związki między biologią a informatyką sięgają samych początków historii współczesnego komputera¹, czyli mniej więcej lat pięćdziesiątych ubiegłego wieku. Współpraca ta jest owocnie kontynuowana i dostarcza naukom biologicznym odpowiednich metod pozyskiwania i opracowywania danych empirycznych, a informatyce inspiracji w poszukiwaniu nowych narzędzi. Tak pojawiło się wiele metod obliczeniowych naśladujących mechanizmy funkcjonujące w świecie przyrody. Jednym z najważniejszych narzędzi – któremu poświęcona jest obecna praca – są algorytmy ewolucyjne, z ich flagowymi przedstawicielami: algorytmami genetycznymi. Wśród innych narzędzi obliczeniowych inspirowanych naturą można wymienić np. automaty komórkowe, sztuczne sieci neuronowe, sztuczne życie, algorytmy inteligencji grupowej (*swarm algorithms*), sztuczne układy immunologiczne itd. Stosowane w ich przypadku „podglądanie” natury okazało się spełniać niezastąpioną rolę w rozwoju współczesnej informatyki, oferując skromniejszą, ale na dłuższą metę bardziej skuteczną metodę rozwiązywania problemów – na zasadzie prób i błędów. Za wyborem tej strategii leży – wydaje się, że uza-

¹ Zainteresowanych pogłębieniem wzajemnych relacji między biologią a narzędziami obliczeniowymi odsyłamy do monografii: N. Forbes, *Imitation of Life. How Biology Is Inspiring Computing*, Cambridge 2004.

sadniona – wiara w to, że im lepiej będziemy w stanie odwzorować w naszych metodach informatycznych występujące w naturze mechanizmy ewolucyjne, tym sprawniejsze i wydajniejsze będą owe algorytmy.

W artykule tym pragnę pokazać, jak przyjęty model ewolucji przekłada się na sprawność utworzonych na jego podstawie narzędzi informatycznych. Pokażę braki tradycyjnych typów algorytmów ewolucyjnych, zbudowanych na schemacie ewolucji neodarwinistycznej, które mogą być konsekwencją przyjęcia nieadekwatnej teorii ewolucji, a następnie zaproponuję alternatywny, Peirce'owski model ewolucji i próbę implementacji tej propozycji w ramach nowych schematów algorytmicznych.

1. Algorytmy oparte na neodarwinistycznym modelu ewolucji

Kanoniczna wizja ewolucji, która stanowi wciąż oficjalną wykładnię rozwoju świata ożywionego, oparta jest na teorii neodarwinistycznej. Podstawowa wersja tej teorii zakłada, że akumulacja ślepych mutacji w połączeniu z działaniem selekcji naturalnej odpowiedzialna jest za wywoływanie zmian makroskopowych². W stanowisku tym można wykazać następujące tezy: (1) przypadkowe, ślepe mutacje w połączeniu z krzyżowaniem się osobników są głównymi (jedynymi?) źródłami nowości ewolucyjnej; (2) naturalna selekcja jest siłą

² Oczywiście należy zdawać sobie sprawę, że przyjęty termin „neodarwinizm” jest pewnym uogólnieniem, mieszczącym w sobie bogactwo różnych teorii. Co prawda, wymienione w tekście ogólne punkty są dość powszechnie przyjmowane przez zwolenników tego kierunku, lecz poszczególni uczeni różnią się choćby w kwestiach epistemologicznych, mają odmienne poglądy odnośnie ukierunkowania ewolucji, natury procesów ewolucyjnych czy też zakresu stosowalności praw ewolucyjnych itd. O występujących różnicach w ramach „ortodoksyjnego” neodarwinizmu, na przykładzie trzech znamienitych przedstawicieli tego kierunku: Theodosiusa Dobzhansky'ego, Bernharda Renscha i Ernsta Mayra, można przeczytać w: R. G. Delisle, *The Uncertain Foundation of Neo-Darwinism: Metaphysical and Epistemological Pluralism in the Evolutionary Synthesis*, „Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences” 40 (2009), s. 119–132.

napędową ewolucji; (3) gradualizm – powolna akumulacja zmian (które przeszły przez sito selekcji), które małymi krokami prowadzą do obserwowalnych zmian fenotypowych. Powyższy model rozwoju życia został przyjęty jako teoretyczna podstawa przy tworzeniu narzędzia heurystycznego zwanego algorytmem ewolucyjnym.

Ideę algorytmu ewolucyjnego przedstawię na przykładzie jego najpopularniejszej wersji, mianowicie algorytmu genetycznego. Narzędzie to należy do metod heurystycznych, które symultanicznie przeszukują przestrzeń alternatywnych rozwiązań w celu znalezienia rozwiązania optymalnego (maksimum bądź minimum lokalnego, w zależności od sposobu zakodowania problemu). W tym celu generuje się wyjściową populację osobników, która zasiedla płaszczyznę adaptacyjną. Każdy z owych osobników (jeden punkt na płaszczyźnie) jest propozycją rozwiązania zadanego problemu (genotyp osobnika). Oczywiście w zależności od odległości, jaka dzieli go od rozwiązania optymalnego, osobnik ten będzie charakteryzował się lepszą lub gorszą wartością dostosowania (fenotyp osobnika, czyli jego wartość selekcyjna). Obrazując zbiór danych rozwiązań za pomocą płaszczyzny adaptacyjnej, otrzymujemy powierzchnię przypominającą pasmo górskie. Przyjmijmy, że najlepsze rozwiązanie zadanego problemu reprezentowane jest przez globalne minimum. Proces ewolucji organizmów będzie polegał na stopniowym zbliżaniu się danego osobnika do rozwiązania optymalnego, czyli w omawianym przypadku na schodzeniu jednostki w dolinę minimum globalnego.

Niestety, optymalizacja sekwencji na zasadzie schematu neodarwinistycznego napotyka pewne problemy. Przypadkowe mutacje i krzyżowanie się osobników powodują, że rozwiązanie „pijanym krokiem” będzie wędrowało w dowolnym kierunku po płaszczyźnie adaptacyjnej. Bardzo prawdopodobne, że kolejne pokolenia analizowanego osobnika zaczną przypadkowo schodzić do najbliższej, a niekoniecznie najgłębszej doliny. Naturalna selekcja zadba zaś o to, by raz obrawszy drogę w dół (w kierunku minimum), osobnik nigdy się nie cofnął. Selekcja bowiem zawsze promuje sekwencję lepiej dopasowaną. Tym oto sposobem osobnik, raz obrawszy drogę zejścia, będzie trawersował w dół najbliższej kotliny. Gdy lokalne minimum zostanie już osiągnięte, ewolucja zgodnie z mechanizmem proponowanym

przez neodarwinizm zatrzyma się i organizm utknie w dolinie. Zakazana jest nawet tymczasowa wspinaczka w górę (chwilowe obniżenie swojego dostosowania) w celu rozpoczęcia wędrówki w kierunku doliny głębszej (uzyskania finalnie lepszego dostosowania). Ewolucja jest krótkowzroczna i wybiera zawsze to, co w danym momencie przynosi korzyść organizmowi. Taki scenariusz ewolucji proponowany przez podstawową wersję modelu neodarwinistycznego może dobrze funkcjonować, ale – jak pisze Richard A. Watson – „tylko dla ograniczonej klasy problemów”³, mianowicie dla klasy przypadków, w których mamy do czynienia z „gładką” powierzchnią adaptacyjną. Pod pojęciem „gładkiej” płaszczyzny rozumiemy takie ukształtowanie terenu, które posiada tylko jedną dolinę. Jedynie w tym przypadku, kierowany naturalną selekcją, mechanizm adaptacji małych mutacji bezbłędnie zoptymalizuje sekwencję, doprowadzając ją do najlepszego rozwiązania. Problem jednak w tym, że jest to bardzo wyidealizowana sytuacja, z którą praktycznie nigdy nie mamy do czynienia w rzeczywistości.

Postulat, w myśl którego akumulacja mutacji stanowi główny motor ewolucji, jest dużym uproszczeniem i nie wyjaśnia nawet niewielkiej klasy zjawisk przyrodniczych. Wniosek ten znalazł eksperymentalne potwierdzenie m.in. w pracach Watsona, który przeprowadzając szereg symulacji, wykazał, że sam proces mutacji i rekombinacji w połączeniu z zasadą selekcji naturalnej nie jest w stanie zapewnić ciągłej, nieograniczonej ewolucji⁴. W praktyce opisywana ułomność algorytmów genetycznych budowanych na schemacie ewolucji neodarwinistycznej ujawnia się w postaci stopniowej utraty różnorodności, stagnacji i przedwczesnej konwergencji tych narzędzi heurystycznych. Dochodzą one do pewnego momentu i zatrzymują się na tym – niekoniecznie najlepszym – rozwiązaniu. Tymczasem rzeczywistość świata naturalnego, będąca areną niekończącego się wyścigu ewolucyjnego, wydaje się nie potwierdzać opisy-

³ R. A. Watson, *Compositional Evolution: The Impact of Sex, Symbiosis, and Modularity on the Gradualist Framework of Evolution*, Cambridge 2006, s. 272 (jeśli nie zaznaczono inaczej, tłum. własne).

⁴ Zob. R. A. Watson, *Compositional Evolution...*, dz. cyt., s. 272.

wanego scenariusza. Owszem – informatycy stosują różne wybiegi, aby poradzić sobie z problemami przedwczesnej konwergencji i stagnacji. Wprowadzają nowe parametry, specjalne metody (np. symulowane wyżarzanie) czy choćby przeszukiwanie z funkcją tabu⁵. Jednakże wszystkie takie działania są w jakimś sensie rozwiązaniami sztucznymi, narzuconymi *ad hoc*, niewynikającymi z wewnętrznej logiki algorytmu i niepodbudowanymi żadną teorią. Dzięki takiemu udoskonaleniu algorytmy są efektywniejsze w rozwiązaniu konkretnego problemu, do którego zostały zoptymalizowane, jednak zastosowane w innym kontekście – zawodzą. Celowe modyfikacje są więc rozwiązaniami kontekstowymi. Prawdziwy postęp wymagałby gruntowniejszej zmiany, sięgającej samych teoretycznych podstaw, na których zbudowane są algorytmy genetyczne, mianowicie zmiany przyjmowanego modelu ewolucji. Propozycję takiego alternatywnego modelu ewolucji przedstawię w następnym punkcie.

2. Wizja ewolucji semiotycznej Charlesa Sandersa Peirce'a

Charles Sanders Peirce (1839–1914) był wybitnym logikiem, semiotykiem, naukowcem, ojcem amerykańskiego pragmatyzmu. Choć nigdy nie zajmował się zawodowo filozofią, stworzył jeden z najoryginalniejszych i najbardziej subtelnych systemów metafizycznych, w którym połączył semiotykę z metafizyką, prezentując rzeczywistość jako system wzajemnie powiązanych i nieustannie ewoluujących znaków. Cały Wszechświat Peirce'a utkany jest z trzech fundamentalnych kategorii, które przeplatając się i współgrając ze sobą, powołują do istnienia rzeczywistość fenomenalną. Filozof nadał tym trzem podstawowym kategoriom nazwy: *P i e r w s z e*, *D r u g i e* i *T r z e c i e*. Pierwszym jest „coś” potencjalnego, co może być pomyślane, proste w sobie i niezwiązane relacją z czymś innym. Drugim jest wszystko, co odróżnia się od czegoś innego i co ma wpływ na coś innego. Nie istnieje więc już jako niezależne, samodzielne, ale naru-

⁵ Por. M. Flasiński, *Wstęp do sztucznej inteligencji*, Warszawa 2011, s. 55–57.

sza monadyczny stan Pierwszego na zasadzie brutalnej, aktualnej siły innego, która stanowi reakcję na Pierwsze. Trzecie jest relacją Pierwszego i Drugiego, swoją tożsamość czerpie z mediacji między przedmiotami. Ogólniejsze ujęcie kategorii można prześledzić w poniższym zestawieniu:

Pierwsze	Drugie	Trzecie
cokolwiek	coś	mediacja
bez relacji	oddziaływanie	połączenie
nowość	reakcja	proces
potencjalne	aktualne	ogólne
przypadek	konieczność	prawo
spontaniczność	siła, przymus, współzawodnictwo	nawyk, uogólnienie, kooperacja

Tab. 1. Ogólna charakterystyka Peirce'owskich kategorii.

Pierwsze, wyrażone w absolutnym braku relacji, w czymś nowym, potencjalnym, niewypowiedzianym, jest bardzo ulotną rzeczywistością. Kategoria Pierwszego szybko wypierana jest przez Drugie. Pojawiające się nowe fenomeny niemal natychmiast natrafiają na opór, zderzają się z tym, co istnieje, ulegając brutalnej sile i przymusowi. Spośród całej gamy możliwości, które daje nieokreślona kategoria Pierwszego, Drugie aktualizuje konkretne wydarzenie, selekcjonuje i realizuje wybrane zmiany. Jednakże stan Drugiego także stanowi zaledwie formę przejściową. Zgodnie z myślą Peirce'a żadna aktualność, żadne zajście „tu i teraz” nie wyczerpuje rzeczywistości. Fenomeny, które w tym momencie rodzą się w świecie, wpisują się bowiem w szerszą perspektywę, w ciągły proces semiotyczny kierowany kategorią Trzeciego, która „zawiera się w aktywnej sile ustanawiającej połączenia między różnymi przedmiotami” (EP 2:435)⁶,

⁶ Skrót „EP” odnosi się do: *The Essential Peirce. Selected Philosophical Writings*, vol. I: 1867–1893, ed. N. Houser, C. Kloesel, Bloomington–Indianapolis 1992; vol. II: 1893–1913, ed. The Peirce Edition Project, Bloomington–Indianapolis 1995; [tom #]:[strona #].

w tendencji do wytworzenia jakiegoś prawa, nawyku, sposobu uporządkowania następujących po sobie zjawisk.

W nieukończonej pracy *A Guess at the Riddle* Peirce pokazuje, jak wymienione kategorie mogą funkcjonować w ramach różnych dyscyplin: psychologii, fizjologii, biologii, socjologii i teologii (W 6:166f)⁷. W każdej z nich kategorie realizują się nieco inaczej, ale ich ogólna charakterystyka pozostaje zachowana, podobnie jak wewnętrzne i dynamiczne zespolenie całej triady. Nie istnieje Trzecie (mediacja) bez Drugiego (elementy), a Drugie (rzeczy) bez Pierwszego (jakości), ale też Pierwsze daje wzrost Drugiemu, a Drugie inicjuje pośrednictwo Trzeciego. Ta podstawowa zasada ciągłości, którą Peirce w swojej filozofii nazywa zasadą *synchizmu*, zabrania rozdzielania elementów Triady. Owe trzy podstawowe kategorie stają się siłą napędową semiozy. Prawdziwy znak, który jest podstawową cegielką rzeczywistości, cechuje się wewnętrznym dynamizmem przejścia od spontaniczności przez aktualność w kierunku ogólności. Dynamizm ten rozsadza statyczne nośniki, aby podążyć przed siebie w niekończącym się procesie interpretacji. Peirce kreuje więc dość osobliwą wizję świata rozumianego jako ciągły, niekończący się proces semiozy. W procesie tym nie chodzi jednak tylko o proste kopiowanie znaków, produkcję kolejnych duplikatów, ale o wewnętrzny rozwój. Każdy nowy interpretant jest inną interpretacją znaku, wynikiem swoistego „eksperymentowania”. Dzięki temu znak (jako triada) może gromadzić dodatkowe informacje, redukować inne i w ten sposób coraz lepiej oznaczać swój przedmiot.

Proces semiotyczny rządzi się dwoma (przeciwstawnymi / uzupełniającymi się) prawami. Każdy znak na mocy działania Pierwszego dąży do dywersyfikacji. Jest kreacją nowości, która realizuje się zarówno na płaszczyźnie interpretacji wcześniejszego znaku w bieżącym procesie semiotycznym, jak i w zainicjowaniu nowej ścieżki interpretacji, podążającej własnym, niezależnym torem. Jednocześnie mocą kategorii Trzeciego semioza dąży do uogólnienia, ujed-

⁷ Skrót „W” odnosi się do: *Writings of Charles S. Peirce: A Chronological Edition*, ed. The Peirce Edition Project, vol. 1–6, 8, Bloomington–Indianapolis 1982–201?; [tom #]:[strona #].

nolicenia tendencji interpretacyjnych, w wyniku czego znak ulega coraz większej generalizacji, a sama semioza wymusza proces jednoczenia się – do tej pory niezależnych – nurtów interpretacyjnych w ramach wspólnej ścieżki (ogólniejszego znaku). Zauważmy, że obie omawiane tendencje ewolucji semiotycznej wynikają wprost z natury procesu semiotycznego, napędzanego kategoriami przypadku (Pierwsze), przymusu (Drugie) i prawa (Trzecie). Semiotyczna triada tworzy nie tylko metafizyczny szkielet rzeczywistości, ale odpowiedzialna jest za kreatywną ewolucję fizycznego Wszechświata (CP 8.191)⁸. W ramach tej kosmicznej ewolucji dokonuje się rozwój organizmów żywych, odzwierciedlający ten sam schemat ewolucji semiotycznej. W korespondencji do trzech kategorii Peirce rozróżnił trzy rodzaje ewolucji.

Absolutny przypadek, mechaniczna konieczność i prawo miłości działające we wszechświecie mogą otrzymać nazwę *tychizmu*, *anankizmu* i *agapizmu*⁹ (CP 6.302).

Tychizm, anankizm i agapizm są modelami ewolucji, które przenoszą ciężar rozwoju świata odpowiednio na jedną z kategorii. Tychazm za główny mechanizm ewolucyjny uznaje przypadek, stąd rozwój świata tłumaczy za pośrednictwem kategorii Pierwszego. Anankazm nacisk kładzie głównie na zewnętrzny lub wewnętrzny przymus i takie mechaniczne, brutalne oddziaływanie kategorii Drugiego czyni podstawą ewolucji. Agapazm opowiada się za ewolucją miłości, czyli łączeniem – elementów w działaniu, osobników w kooperacji, a umysłów we współodczuwaniu – w ramach wspólnego nawyku, co podpada pod kategorię Trzeciego. Tym wyróżnionym przez Peirce’a modelom możemy spróbować przypisać ich współczesne odpowiedniki. Najlepszym przykładem ewolucji tychastycznej wydaje się neodarwinistyczny gradualizm, który na drodze ślepych mutacjach pragnie

⁸ Skrót „CP” odnosi się do: *Collected Papers of Charles Sanders Peirce*, ed. C. Hartshorne, P. Weiss, A. Bruks, vol. 1–8, Cambridge 1931–1960; [tom #].[paragraf #].

⁹ Tłum. za: Ch. S. Peirce, *Ewolucyjna miłość* (Evolutionary Love), tłum. M. Manana, „Logos i Ethos” (2010), s. 159.

wyjaśnić cały fenomen rozwoju przyrody ożywionej. Najbliższa anankazmowi (typu zewnętrznego) jest teoria punktualizmu, głosząca, że ewolucja dokonuje się głównie pod wpływem gwałtownych zmian środowiskowych (bariera geologiczna, trzęsienie ziemi, wybuch wulkanu itd.)¹⁰. Przykłady ewolucji typu agapastycznego można znaleźć w treści wszelkich teorii podkreślających znaczenie samoorganizacji, kooperacji, synergii i symbiozy w rozwoju organizmów żywych.

Peirce'owska zasada synechizmu (ciągłości) akcentuje jednocześnie fakt, że żaden z wymienionych modeli ewolucji nie może istnieć w izolacji. Ewolucja na zasadzie czystych mechanizmów tychastycznych nie jest na dłuższą metę możliwa, podobnie jak kategoria Pierwszego nie może funkcjonować samodzielnie. Identycznie – czysta postać ewolucji anankastycznej nie istnieje w rzeczywistości, gdyż bezwzględne prawo, które nie dopuszcza odstępstw, jest jedynie idealizacją. Ta sama zasada dotyczy i agapazmu. Ewolucja przez miłość nie może być zawieszona w próżni, ale musi wykorzystywać zarówno przypadek, jak i brutalne oddziaływanie oraz współzawodnictwo między osobnikami.

W świetle powyższych rozważań lepiej rozumiemy, dlaczego proponowany mechanizm ewolucji neodarwinistycznej jest krótkowzrocznym rozwiązaniem, a budowane na nim schematy algorytmów ewolucyjnych bardzo szybko natrafiają na problemy hamujące dalszą eksplorację płaszczyzny rozwiązań. Otóż skupiają się one na kreacji nowości, ale zapominają o drugiej życiodajnej dla ewolucji sile – tendencji do generalizacji. W kolejnym punkcie zostanie przedstawiony schemat algorytmu genetycznego, który ma ambicję naprawienia tego błędu.

3. Ewolucja na zasadzie kooperacji

W 2013 roku Junaid Akhtar, Basit Bilal Koshul i Mian Muhammad Awais w pracy *A Framework for Evolutionary Algorithms Based on*

¹⁰ Por. S. J. Gould, N. Eldredge, *Punctuated Equilibria: the Tempo and Mode of Evolution Reconsidered*, „Paleobiology” 3 (1977) no. 2, s. 115–151.

*Charles Sanders Peirce's Evolutionary Semiotics*¹¹ zaprezentowali nowy schemat algorytmów ewolucyjnych, zainspirowany Peirce'owską wizją ewolucji. Zamysłem autorów P-EA (Peirce'owski algorytm ewolucyjny, ang. *Peircean evolutionary algorithm*) było stworzenie narzędzia, które wcielałoby wszystkie trzy kategorie semiotyczne. Zaprezentowany algorytm został następnie skonfrontowany z klasycznymi algorytmami ewolucyjnymi (C-EA).

3.1. Mechanizm działania P-EA

Zgodnie z P-EA w pierwszym kroku do istnienia powołana jest pierwotna populacja osobników, która – odpowiednio do swojego rozmieszczenia przestrzennego – zostaje podzielona na klastry. W ramach poszczególnych skupisk dochodzi do wewnątrzklastrowej rekombinacji osobników, w wyniku czego generowane jest następne pokolenie¹². Na tym etapie operator mutacji dokonuje także punktowych zmian w genotypie niewielkiej grupy osobników, zapewniając w ten sposób dodatkowe źródło różnorodności¹³. Po wyselekcjonowaniu (z otrzymanego w ramach klastrów potomstwa) najlepiej dopasowanych osobników¹⁴ zostaje uruchomiony mechanizm ewolucji międzygrupowej. Najlepsi przedstawiciele każdego klastra biorą udział w globalnej ewolucji, która realizuje się na drodze ich wzajemnego krzyżowania i mutacji. W wyniku dokonującej się na tym poziomie wymiany informacji obserwujemy ruch całych klastrów po płaszczyźnie adaptacyjnej. To z kolei może wtórnie prowadzić do unifikacji bądź dywersyfikacji klastrów. Ich nowe ułożenie pociąga za sobą konieczność selekcji innych wzorów (najlepiej dostosowanego osobnika w danym skupisku) i centrów klastrów (osobnika znajdującego

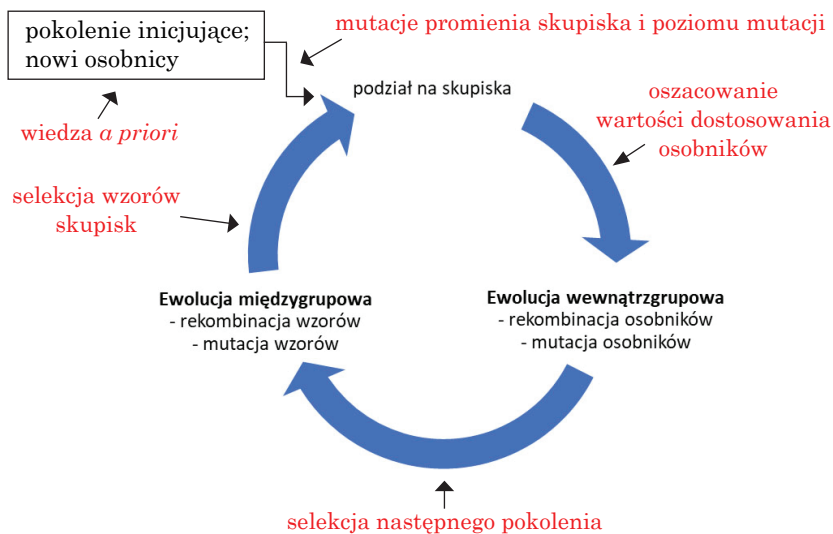
¹¹ J. Akhtar, B. B. Koshul, M. M. Awais, *A Framework for Evolutionary Algorithms Based on Charles Sanders Peirce's Evolutionary Semiotics*, „Information Sciences” 236 (2013), s. 93–108.

¹² Użyty został wielopunktowy operator krzyżowania.

¹³ Zastosowano standardowy operator mutacji.

¹⁴ P-EA nie stosuje specjalnego operatora selekcji. Krzyżowanie się pokolenia rodziców dokonuje się na zasadzie przypadkowej selekcji osobników w ramach każdego klastra. Następnie spośród dzieci i nierodziców wybiera się zbiór osobników najlepiej dostosowanych (populację potomków), tak aby utrzymać stałą liczebność populacji.

się w środku skupiska). Ostatecznie, pod koniec każdego cyklu, kolejna generacja indywiduów wzbogacana jest o małą liczbę nowych jednostek. Są to bądź osobniki generowane w zupełnie stochastyczny sposób (podobnie jak to ma miejsce dla pokolenia inicjującego), bądź zmutowane wersje centrów i wzorów klastrowych. W schematyczny sposób mechanizm działania P-EA można ująć następująco:



Rys. 1. Mechanizm działania P-EA.

3.2. Implementacja Peirce'owskich kategorii w ramach P-EA

Najważniejszą zmianą w porównaniu do C-EA, jaką wprowadziła grupa Akharta, było zastosowanie systemu klastrowego, umożliwiającego wyższe poziomy interakcji i wielopoziomową ewolucję. W ten sposób autorzy pragnęli wprowadzić brakujący poziom kategorii Trzeciego. Zaproponowali też wydzielenie trzech poziomów strukturalnych (poziom indywiduum, klastrowy i globalny), w ramach których niezależnie dokonuje się ewolucja na bazie trzech kategorii semiotycznych.

(i) *Kategoria Pierwszego*, wyrażona nowością, realizuje się na drodze dwu mechanizmów: każdorazowego dokładania w kolejnym pokoleniu nowych osobników i mutacji osobników już istniejących. Operator mutacji działa zarówno na poziomie indywidualnym (przypadkowe mutacje osobników), na poziomie klastra (mutacja centrum klastra), jak i na płaszczyźnie globalnej (mutacje wzorów klastrowych)¹⁵.

(ii) *Kategoria Drugiego*, związana z pewną koniecznością, przymusem i współzawodnictwem, wyrażona jest na drodze krzyżowania się osobników i selekcji jednostek lepiej dostosowanych. Na poziomie indywidualnym operator Drugiego prowadzi do interakcji dwóch losowych indywiduów, na wyższym poziomie wymusza bazującą na klastrach selekcję grupową¹⁶, a globalny poziom dotyczy krzyżowania i selekcji centrów i wzorów klastrowych.

(iii) *Kategoria Trzeciego*, ucieleśniona w prawie, regularności, nawyku, generalizacji, na poziomie indywiduum objawia się w typowym dla danego osobnika chromosomie. Zawiera on bowiem zapis wszystkich cech charakteryzujących jednostkę i sam w sobie stanowi pewną reprezentację rozwiązania problemu, z którym mierzy się algorytm. Trzecie na poziomie klastra wiązałoby się z zastosowaniem operatora efektywnego promienia, którego długość odzwierciedlałaby stopień dostosowania danego osobnika i jednocześnie wyrażała prawdopodobieństwo krzyżowania się osobników. Na obecnym etapie rozwiązanie to jednak nie zostało jeszcze wprowadzone. Na najwyższym globalnym poziomie kategoria Trzeciego utożsamiona jest przede wszystkim z parametrami kierującymi przebiegiem P-EA (promień klastra, liczba skupisk), jak i innymi parametrami optymalizacji (np. stronniczość w pierwotnym ustawieniu indywiduów na płaszczyźnie adaptacyjnej, zdolność do za-

¹⁵ Zaburzenie w rozkładzie wzorów i centrów klastrowych mogą wywołać ruchy klastrowych na przestrzeni stanów, wprowadzając dodatkową spontaniczność na poziomie globalnym. Autorzy sugerują podobieństwo tego mechanizmu do promowanej przez Stephena Jaya Goulda ewolucji punktualistycznej.

¹⁶ Selekcja grupowa na poziomie ogólnym realizuje się w formie obniżenia szans przeżycia osobników znajdujących się poza klastrami, a wewnątrz skupiska na zasadzie selekcji osobników w kierunku wzorów klastra.

pamiętywania uprzednich stanów itd.). Omówiony porządek został przedstawiony w tabeli 2.

	Poziom osobnika	Poziom skupiska	Poziom globalny
Pierwsze	mutacja osobnika	mutacja centrum skupiska	mutacja wzoru skupiska
Drugie	rekombinacja osobników	selekcja: – względem przynależności do skupisk – w kierunku wzoru	selekcja międzygrupowa
Trzecie	parametry osobnika	rekombinacja w obrębie promienia	– dane <i>a priori</i> – grupowanie – parametry optymalizacji

Tab. 2. Implementacja Peirce'owskich kategorii semiotycznych w ramach P-EA.

3.3. Wyniki testów wydajności P-EA na tle C-EA

W pracy *A Framework for Evolutionary Algorithms...* autorzy umieścili wyniki testów porównujących wydajność klasycznego algorytmu ewolucyjnego z Peirce'owskim algorytmem ewolucyjnym. Do przeprowadzenia tego eksperymentu wybrano cztery funkcje matematyczne powszechnie używane w testach optymalizacji. Zadaniem algorytmów było znalezienie minimum globalnego każdej z nich. W eksperymencie użyto parametrów (prawdopodobieństwa krzyżowania, mutacji, liczba punktów krzyżowania, operator selekcji)¹⁷, przy których C-EA działają w sposób optymalny, i te same ustawienia zastosowano dla P-EA¹⁸. Dla każdej funkcji eksperyment urucha-

¹⁷ Presja selekcyjna 5, 2 punkty krzyżowania, mutacja na poziomie 0.02. Inicjująca populacja rzędu 200 osobników, punkt zatrzymania przy braku poprawy wyniku w kolejnych pięciuset pokoleniach. Por. J. Akhtar, B. B. Koshul, M. M. Awais, *A Framework for Evolutionary Algorithms...*, dz. cyt., s. 102.

¹⁸ Jedyne dodatkowe parametry użyte w P-EA dotyczą parametrów odpowiedzialnych za grupowanie w klastrach, co jest zrozumiałe, gdyż grupowanie nie występuje w ramach klasycznych AE. Wszystkie inne parametry użyte P-EA są identyczne jak w C-EA.

miano pięćdziesiąt razy, otrzymując najlepszą, najgorszą i średnią wartość funkcji; minimalny, maksymalny i średni dystans dzielący do punktu z najlepszym rozwiązaniem oraz minimalną, maksymalną i średnią liczbę pokoleń, jaką zajęło znalezienie rozwiązania.

Spśród użytych funkcji najprostszym przypadkiem była funkcja $f1$, którą stanowiła prosta pięciowymiarowa kwadratowa parabola. W czasie pięćdziesięciu prób zarówno C-EA, jak i P-EA przynajmniej raz udało się osiągnąć globalne minimum. Jednakże algorytm Peirce'owski najlepszy wynik osiągnął przy bardzo niskiej wartości odchylenia standardowego. Dodatkowo nawet najgorszy wynik P-EA wciąż kilkakrotnie przekroczył wartość średnią osiągniętą przez C-EA.

Nieco trudniejszym przypadkiem była dwuwymiarowa funkcja $f2$, która oprócz problematycznego kształtu (ostro zakrzywionej doliny kryjącej globalne minimum) badana była przy zdecydowanie zaniżonej początkowej populacji osobników (piętnaście zamiast dwustu). Podczas gdy każda z pięćdziesięciu iteracji klasycznego algorytmu genetycznego zatrzymała się po przekroczeniu ustalonego progu prób (tysiąc pięćset pokoleń), nie osiągając dokładnie wartości minimum lokalnego, w przypadku Peirce'owskiego algorytmu ewolucyjnego najlepszy wynik osiągany był średnio już w połowie dopuszczalnych iteracji algorytmu.

Funkcja $f3$ – to wysoko multimodalna funkcja Rastrigina, badana w wersji stuwymiarowej. Optymalizacja tej funkcji jest bardzo trudna, gdyż minimum globalne otoczone jest z każdej strony ogromną liczbą minimów lokalnych, w których algorytm potencjalnie może utknąć. Tak też się stało w przypadku algorytmu C-EA, który zatrzymywał się w sporej odległości od minimum globalnego. W tym samym czasie P-EA, pokonując kolejne minima lokalne, nieustannie zbliżał się do celu¹⁹. Właściwą skalę różnic między tymi dwoma narzędziami obserwujemy, porównując średnią wartość wyników osiągniętych przez oba algorytmy, jak i liczbę pokoleń, w ramach której ten rezultat został osiągnięty. W tym porównaniu P-EA okazuje się zdecydowanym faworytem²⁰.

¹⁹ C-EA zbliżyło się do najlepszej wartości (0.0) na odległość 17.203639, a P-EA zdołało osiągnąć wartość 0.00043. Por. J. Akhtar, B. B. Koshul, M. M. Awais, *A Framework for Evolutionary Algorithms...*, dz. cyt., s. 103.

²⁰ Średni wynik dla C-EA to 26.6056 (osiągnięty przy 3955 pokoleniach), podczas gdy dla P-EA wynosi on 0.0069 (dla 2308 pokoleń). Por. J. Akhtar, B. B. Koshul,

Największych trudności badanym algorytmom okazała się jednak przysporzyć trzydziestowymiarowa funkcja Schwefela ($f4$), która posiada nietypowe ułożenie minimum globalnego (dla $x_1=420.9687$ wynosiło ono -12569.4). Algorytmowi C-EA nie udało się ani razu osiągnąć minimum globalnego, a średnia wartość wyniku ledwie przekroczyła -10287 . Przedwczesna stagnacja algorytmu zmusiła program do przerwania dalszych poszukiwań ze względu na brak poprawy wyniku na przestrzeni kolejnych pięciuset pokoleń²¹. P-EA osiągnęło przynajmniej jeden raz najlepszy wynik, a średni wynik pracy tego algorytmu był bardzo zbliżony do wartości optymalnej (która wynosi -12500). Osiągnięcie tak dobrego rezultatu zostało, co prawda, okupione ponad dwukrotnie zwiększoną średnią liczbą pokoleń, ale fakt ten świadczy tylko o ogromnej odporności P-EA na niebezpieczeństwo przedwczesnej stagnacji. W przypadku Peirce'owskiego algorytmu zatrzymania nie były wynikiem długotrwałego braku poprawy wyniku, ale rezultatem osiągnięcia wyznaczonego przez program dopuszczalnego progu minimum wartości funkcji.

Podsumowując, przeprowadzone testy wskazują wyraźnie, że wraz ze wzrostem trudności badanych funkcji wskaźniki wydajności C-EA i P-EA coraz bardziej się rozchodzą. W przypadku klasycznego algorytmu dość szybko następuje stagnacja i program od pewnego momentu nie jest w stanie zaofiarować lepszego rozwiązania. Algorytm P-EA, pomimo przeszkód, wciąż dąży do osiągnięcia pożądanego minimum globalnego.

Autorzy eksperymentu dokonali również porównania P-EA do innych, bardziej zaawansowanych algorytmów ewolucyjnych²². Spośród siedmiu badanych programów jedynie ortogonalny algorytm genetyczny z kwantyzacją (OGA, specjalnie zoptymalizowany do szukania rozwiązań w ortogonalnej powierzchni) okazał się bardziej wydajny

M. M. Awais, *A Framework for Evolutionary Algorithms...*, dz. cyt., s. 103.

²¹ Algorytm zatrzymywał się średnio po 2275 pokoleniach. Por. J. Akhtar, B. B. Koshul, M. M. Awais, *A Framework for Evolutionary Algorithms...*, dz. cyt., s. 103.

²² Testy zostały przeprowadzone na modelach algorytmów genetycznych: Orthogonal Genetic Algorithm with Quantization (OGA), Fast Evolution Strategy (FES), Particle Swarm Optimization (PSO), Evolutionary Optimization (EO), dwóch wersjach Quantum-inspired Evolutionary Algorithm (QEAH i QEAR) i Fast Evolutionary Programming (FEP). Por. J. Akhtar, B. B. Koshul, M. M. Awais, *A Framework for Evolutionary Algorithms...*, dz. cyt., s. 104.

niż P-EA. W pozostałych przypadkach Peirce'owski algorytm ewolucyjny, w swojej bardzo rudymen tarnej i nieoptymalizowanej wersji, dostarczał przynajmniej tak dobrych wyników, jak rozwiązania konkurencyjne. Wysoką wydajność P-EA zawdzięcza utrzymaniu delikatnego balansu między ekstrapolacją nowych rozwiązań a powolną stagnacją w kierunku rozwiązania optymalnego, co dobrze koresponduje z dwoma założeniami Peirce'owskiej ewolucji: tendencją do dywersyfikacji i do generalizacji.

4. Uwagi dotyczące implementacji Peirce'owskiej teorii ewolucji

Patrząc na P-EA z perspektywy informatyka, będziemy widzieli jeszcze jedno ciekawe narzędzie, które pozwoli poprawić wydajność obliczeń. Perspektywa filozoficzna zdaje się dotyczyć bardziej fundamentalnych problemów. Dlatego choć z wielkim optymizmem przyjąłem propozycję Akhtara, wewnętrzny opór wzbudziło we mnie zbyt pośpieszne utożsamienie zaproponowanego algorytmu z Peirce'owskim modelem ewolucji semiotycznej. Bez wątpienia P-EA powstał pod silnym wpływem systemu Peirce'a, lecz „ochrzczenie” owego rozwiązania mianem „Peirce'owskiego algorytmu ewolucyjnego” sugeruje (być może wbrew intencjom autorów) algorytmiczny monopol zaproponowanej wykładni ewolucji agapastycznej. Tymczasem problem z wszystkimi teoriami metafizycznymi polega na tym, że z natury pozostają one na wysokim stopniu ogólności i z tego względu w różny sposób mogą być przełożone na rzeczywistość konkretnych pojęć operacyjnych czy narzędzi informatycznych.

Jeśli założenie to jest słuszne, to oznacza nie tylko, że nie istnieje jedna kanoniczna wykładnia teorii agapastycznej, ale też śmiało można przypuścić, że żadna algorytmiczna implementacja nie wyczerpie bogactwa ewolucji semiotycznej. Błędem jest poszukiwanie jedno-jednoznacznych odwzorowań teorii metafizycznej na jakąkolwiek teorię fizyczną, narzędzie naukowe czy metodę informatyczną. Teorie metafizyczne powinny być raczej traktowane jako metodologiczne wskazówki pomocne w szukaniu szczegółowych rozwiązań.

W rozważanym przez nas przypadku ewolucji semiotycznej taką wskazówką byłyby podpowiedź, aby w strukturze algorytmu zagwarantować nieustanną nowość, dopuścić do głosu współzawodnictwo, ale przede wszystkim owe mechanizmy podporządkować ogólniejszej tendencji do uniwersalizacji. Jednakże w jaki sposób te wskazania zostaną przepisane na szczegóły modelu informatycznego, zależy już tylko od pomysłowości, wiedzy i doświadczenia programisty. Każda z podjętych prób będzie lepiej lub gorzej wpisująca się w wyjściowy metafizyczny schemat, ale żadnemu z zaproponowanych schematów nie powinniśmy przypisywać statusu rozwiązania ostatecznego. Dlatego uważam, że nazwa „Peirce’owski algorytm ewolucyjny” jest nadana na wyrost.

Dodatkowego argumentu może dostarczyć nam pogłębiona analiza kategorii Trzeciego. Autorzy P-EA tendencję do generalizacji ograniczyli praktycznie do wprowadzenia podziału klastrowego. Jest to pomysłowa i – jak pokazały testy – skuteczna metoda wcielenia tendencji uogólniającej; ale czy jest to metoda jedyna? Czy najlepsza? Wczytajmy się uważniej w słowa Peirce’a charakteryzujące interesującą nas tendencję:

[Tak oto] zaczął się utrwałać nawyk nabywania nawyków, i nawyk umacniania nawyku nabywania nawyków, i nawyk umacniania tego nawyku i tak w nieskończoność. Nabywanie nawyków nie jest niczym innym jak dokonującą się w czasie obiektywną generalizacją (NEM 4:140)²³.

Powyższy tekst można zrozumieć na wiele sposobów, ale dwie rzeczy wyraźnie narzucają się po jego lekturze. Po pierwsze „nabywanie nawyków” może być różnie rozumiane; po drugie sama tendencja do generalizacji, zgodnie z powyższymi słowami, zdaje się podlegać ewolucji, tworząc coraz bardziej złożone nawyki wyższego rzędu. Odnosnie pierwszego zagadnienia – proces nabywania nowych nawyków w kontekście populacji osobników może być rozumiany jako „hory-

²³ Skrót „NEM” odnosi się do: *The New Elements of Mathematics by Charles S. Peirce*, ed. C. Eisele, vol. 1–4, Hague 1976; [tom #]:[strona #].

zontalna” tendencja do generalizacji; ale równie dobrze uogólnienie nawyków może odbywać się na zasadzie „wertykalnej”. Biologicznym odpowiednikiem pierwszej, horyzontalnej tendencji do generalizacji będzie łączenie się osobników tego samego gatunku w grupy, stada, kolonie, rodziny, klastry itd. Ogólnie tendencja ta będzie sprowadzała się do rozmaitych form kooperacji.

Drugi *modus* kategorii Trzeciego, określony przez nas mianem tendencji wertykalnej, będzie realizował się na drodze fuzji osobników w większe jednostki strukturalne. Owo zespolenie dotyczy zarówno przypadków „pochłaniania w całości” jednego osobnika przez drugi, jak i częściowego przejmowania charakterystycznych dla niego „właściwości”²⁴. Najlepszym przykładem całkowitego połączenia jednostek jest fenomen endosymbiozy²⁵, który tak silnie zespała dwa organizmy w nową jakość, że nie są one już w stanie przetrwać samodzielnie. Pod pojęciem częściowego przejmowania właściwości organizmów rozumiemy zaś wszelkie formy międzygatunkowego transferu informacji, począwszy od horyzontalnego transferu genów popularnego w świecie bakterii, przez przenoszenie materiału genetycznego między gatunkami za pośrednictwem wirusów, aż do innych, niegenetycznych form transmisji informacji²⁶. Analizując model P-EA, widzimy wyraźnie, że wprowadza on pewne elementy ewolucji horyzontalnej, lecz całkowicie pomija ewolucję wertykalną.

Druga kwestia dotyczy rozwoju samego procesu nabywania nawyków. Na pierwszy rzut oka wydawałoby się, że propozycja P-EA zakłada jakąś ewolucję nawyków, gdyż dopuszcza zmianę w układzie klastrów. Jednak owa zmiana przebiega w bardzo ograniczonym zakresie (liczba klastrów oscyluje między dwa do sześć), a sam układ klastrów nie podlega dalszej ewolucji. Jeśli zgodnie z intencją autorów nawyk

²⁴ W świecie P-EA mamy do czynienia z jednostkami o zdefiniowanej i niezmienną wielkości genomu. Jedyna interakcja między osobnikami (wymiana informacji) odbywa się na zasadzie krzyżowania się osobników. Nie ma możliwości rozszerzenia swojego genomu i różnicowania „gatunków”.

²⁵ Klasycznym przykładem endosymbiozy jest ewolucyjna historia mitochondrium i chloroplastów.

²⁶ Por. E. Jablonka, M. J. Lamb, *Evolution in Four Dimensions. Genetic, Epigenetic, Behavioral, and Symbolic Variation in the History of Life*, Cambridge 2005.

utozsamilibyśmy z klastrem, trudno w tym przypadku mówić o „nawyku umacniania nawyków” i „nawyku umacniania nawyku tego nawyku” itd. Z sytuacją taką mielibyśmy do czynienia, gdyby algorytm dopuszczał integrację jednego klastra w ramach innego, co pozwalałoby tworzyć hierarchię między klastrami, dalsze formy współpracy i współzawodnictwa na różnych poziomach zorganizowania. Z kolei rozwój ewolucji wertykalnej może przebiegać na zasadzie stopniowego umacniania nawyku, czyli tworzenia coraz silniejszej więzi między symbiontami, ale również poprzez łączenie powstałych na drodze symbiozy struktur w coraz wyższe formy organizacji. Przykładem takiej ewolucji symbiotycznej może być wchłonięcie przez komórkę eukariotyczną (na pewnym etapie ewolucji) komórki bakteryjnej i uczynienie z niej własnego organellum komórkowego (mitochondrium). Taki symbiotyczny twór, w toku dalszej ewolucji, mógł stać się częścią tkanki, organu – elementem wielokomórkowego organizmu itd. Scenariusz ewolucji dokonującej się na drodze symbiogenezy zyskuje współcześnie coraz większe grono zwolenników²⁷.

Biorąc pod uwagę już choćby dwa wymienione wyżej punkty łatwo dostrzeżemy pewne ograniczenia P-EA. Peirce'owski algorytm ewolucyjny nie tylko pomija wertykalny wymiar nawyku, ale zdaje się nie dostrzegać także potrzeby rozwoju samej tendencji do uogólnienia w obu wymiarach (horyzontalnym i wertykalnym). Zaniebdany przez P-EA wątek ewolucji wertykalnej podejmuje natomiast zaprezentowany przez Richarda A. Watsona i Jordana B. Pollacka algorytm symbiotycznej kompozycji.

5. Ewolucyjny algorytm symbiotycznej kompozycji

Watson i Pollack przeprowadzili szereg badań, których celem była symulacja różnych wariantów ewolucji. W swoim eksperymencie

²⁷ Por. L. Margulis, D. Sagan, *Acquiring Genomes: A Theory of the Origin of Species*, New York 2002; L. N. Khakhina, *Concepts of Symbiogenesis: A Historical and Critical Study of the Research of Russian Botanists*, ed. M. Margulis, M. McMenamin, London 1992.

z 2002 roku porównali model tradycyjnej ewolucji opartej na mutacjach i rozmnażaniu płciowym z modelem „symbiotycznej kompozycji” (SEAM), inspirowanym m.in. teorią sybiogenezy²⁸. Propozycja Watsona-Pollacka wyróżnia się na tle C-EA pod kilkoma względami: po pierwsze wprowadza osobniki należące do różnych gatunków (różniące się wielkością genomu); po drugie dopuszcza dzielenie genomu osobników na mniejsze moduły, które mogą być wykorzystane na różnych poziomach strukturalnych; poza tym kładzie nacisk na integrację niespokrewnionych ze sobą linii genetycznych, zostawiając możliwość swobodnej wymiany informacji między jednostkami o różnym stopniu złożoności²⁹. W miejsce algorytmu operującego wyłącznie na mutacjach i rekombinacji SEAM proponuje mechanizm łączenia dwóch przypadkowo wybranych jednostek w większą strukturę symbiotyczną. Niezależnie od którego poziomu wychodzimy – czy jednostkami ewolucji będą geny, komórki bakteryjne, eukariotyczne, osobniki wielokomórkowe, czy jeszcze wyższe poziomy organizacji – model działa na podobnych zasadach. Otrzymane w ten sposób symbiotyczne połączenie tworzy nową jakość, traktowaną jako jednostka na samodzielnych prawach. Stopień dostosowania takiej struktury uzależniony jest od globalnej zawartości środowiska. Symbionty muszą bowiem konkurować z innymi jednostkami (prostszy bądź bardziej złożony) o zasoby środowiska. Jeśli połączenie symbiotyczne zdobędzie przewagę nad jednostkami niezrzeszonymi, to zachowa prawo do życia i dalszego rozwoju. Jeśli wypadkowa dostosowania symbionta będzie mniejsza niż dostosowanie jego części składowych, taka konstrukcja nie ma prawa przetrwać.

Wartość dostosowania poszczególnych jednostek testowana była za pomocą powierzchni adaptacyjnej zawierającej 2⁶⁴ lokalnych wzgórz i tylko dwa piki globalne³⁰. Tym razem wartość optymalna została utożsamiona z najwyższymi pikami. Porównanie ewolu-

²⁸ Por. R. A. Watson, J. B. Pollack, *A Computational Model of Symbiotic Composition in Evolutionary Transitions*, „BioSystems” 69 (2003), s. 187–209.

²⁹ Por. R. A. Watson, J. B. Pollack, *A Computational Model...*, dz. cyt., s. 192.

³⁰ Por. R. A. Watson, J. B. Pollack, *A Computational Model...*, dz. cyt., s. 201.

cji zachodzącej na drodze stopniowych mutacji i rekombinacji z modelem symbiotycznej kompozycji przyniosło zaskakujące rezultaty:

Podczas gdy wytworzenie innowacji na drodze mutacji i konwencjonalnego algorytmu ewolucyjnego staje się coraz trudniejsze w miarę postępu ewolucji, kreacja innowacji metodą kompozycji nie jest utrudniona i właściwie wykazuje odwróconą krzywą wydajności w porównaniu do wszystkich pozostałych testowanych metod. SEAM odnajduje *oba* globalne piki we *wszystkich* 30 próbach. Żadna inna metoda nie odnajduje *żadnego* globalnego piku we *wszystkich* 30 próbach³¹.

Podczas gdy ewolucja dokonująca się na zasadzie mechanizmu neodarwinistycznego (mutacji i reprodukcji seksualnej) dochodzi do pewnego poziomu przystosowania (maksimum lokalnego) i nie jest już w stanie pójść o krok dalej, w przypadku ewolucji dokonującej się na zasadzie symbiotycznej kompozycji obserwujemy stały rozwój procesu optymalizacji genotypu. Algorytm SEAM, dokonując fuzji jednostek, z łatwością jest w stanie uciec niebezpieczeństwu stagnacji. Obrazowo sytuację tę można przedstawić jako zdolność symbiontu do przeskakiwania na nowe miejsce w płaszczyźnie adaptacyjnej, co chroni algorytm przed „utknięciem” w lokalnym minimum, a tym samym zwiększa jego szansę osiągnięcia optimum globalnego.

Zarysowany powyżej mechanizm ewolucji jest pouczający pod kilkoma względami. Przede wszystkim model SEAM rozszerza pojęcie jednostki ewolucyjnej i dostarcza nowego wyjaśnienia różnorodności biologicznej. Wraz z kreacją coraz bardziej złożonych struktur tworzy nowe poziomy organizacji, które podlegają wyższym poziomom selekcji. Głównym mechanizmem ewolucji nie jest w tym przypadku gradualizm, lecz zdolność tworzenia relacji symbiotycznych. Spośród badanych modeli tylko ten typ ewolucji oferuje możliwość skalowalnej, otwarto-zamkniętej ewolucji i jest w stanie modelować główne przełomy ewolucyjne, które dokonały się w historii życia na ziemi³².

³¹ R. A. Watson, J. B. Pollack, *A Computational Model...*, dz. cyt., s. 205.

³² Autorzy sugerują przydatność swojego algorytmu w symulacji ważniejszych przebiegów ewolucyjnych, opisanych w pracy: J. M. Smith, E. Szathamáry, *Tajemnice*

Podsumowanie i wnioski

W artykule przedstawione zostały dwie propozycje algorytmów genetycznych, opartych na alternatywnych modelach ewolucji. Nieefektywność narzędzi opartych na gradualistycznym schemacie neodarwinistycznym zainspirowała autorów do rewizji przyjmowanej teorii ewolucji. Propozycja Akharta i współpracowników (P-EA) powołuje się wprost na ewolucję semiotyczną Peirce'a i próbuje ogólne zasady tego opartego na trzech kategoriach semiotycznych modelu przepisać na schemat algorytmu komputerowego. Algorytm Watsona i Pollacka (SEAM), inspirowany zaobserwowanymi w przyrodzie mechanizmami ewolucji dokonującymi się na zasadzie kompozycyjnego wzrostu, pragnie stworzyć model ewolucji symbiogenetycznej.

Prezentowane podejścia powstały z odmiennych inspiracji i w praktyce proponują różne rozwiązania algorytmiczne. Łączy je jednak wspólne przekonanie, że ewolucja oparta na prostym mechanizmie mutacji, rekombinacji i selekcji nie jest możliwa. Autorzy obu stanowisk zgodziliby się też zapewne co do konieczności – mówiąc językiem Peirce'a – wprowadzenia kategorii Trzeciego, jakiejś tendencji uogólniającej, która wychodzi poza prymitywne współzawodnictwo, proponując „wyższe” formy ewolucyjnego oddziaływania. Co do konkretnej treści owego oddziaływania zakładane modele ewolucji będą się już między sobą różniły. P-EA kategorię Trzeciego utożsamia z prawem kooperacji realizowanym w ramach poszczególnych klastrów, podczas gdy model ewolucyjnej kompozycji tendencją do generalizacji będzie rozumiał głównie na zasadzie kreacji wielopoziomowych relacji symbiotycznych. Podczas gdy grupa Akhara utworzone narzędzie nazwała „Peirce'owskim algorytmem ewolucyjnym”, wydaje się, że oba podejścia równie dobrze wpisują się w propozycję ewolucji semiotycznej zaproponowanej przez amerykańskiego semiotyka. Co więcej, pełniejsze wyrażenie metafizycznych założeń Peirce'a domaga się integracji obu tych podejść, tak aby tendencja do uogólniania nawyków mogła realizować się zarówno

w wymiarze horyzontalnym, jak i wertykalnym. Unifikacja tych algorytmów pozwoliłaby bardziej przybliżyć Peirce'owską propozycję „ewolucji przez miłość” i jednocześnie wyjaśniłaby cały szereg spotykanych w naturalnym środowisku mechanizmów ewolucyjnych, takich jak: kooperacja, synergizm, symbioza, horyzontalny transfer genów itd. Ostatnim niebanalnym skutkiem takiej koniunkcji mogłoby być także dostarczenie jeszcze wydajniejszego modelu algorytmów ewolucyjnych.

Summary

Charles Sanders Peirce's philosophy of evolution and contemporary problems of evolutionary algorithms

The article challenges the view that the Neo-Darwinian theory of evolution is sufficient to explain the ongoing evolution. The classical evolutionary algorithms based on that theory suffer from the loss of diversity, stagnation and premature convergence. The author claims that the cosmetic changes of those tools are not sufficient to overcome this situation and the change of overall theoretical framework is required. The proposition of a semiotic theory of evolution created by Charles Sanders Peirce is revealed as an alternative to the classical Modern Synthesis. This alternative model of evolution is implemented in two kinds of evolutionary algorithms: P-EA and SEAM, which simulate evolution by virtue of cooperation and symbiosis respectively. The new approach to algorithms constructs shows significant benefits upon classical evolutionary algorithms in benchmark tests, which may support the original claim that the accepted theory of evolution needs rethinking today.

Keywords: evolutionary algorithms, genetic algorithms, Neo-Darwinism, Charles Sanders Peirce, the theory of evolution

Bibliografia

Akhtar J., Koshul B. B., Awais M. M., *A Framework for Evolutionary Algorithms Based on Charles Sanders Peirce's Evolutionary Semiotics*, „Information Sciences” 236 (2013), s. 93–108.

Collected Papers of Charles Sanders Peirce, ed. C. Hartshorne, P. Weiss, A. Bruks, vol. 1–8, Cambridge 1931–1960.

- Delisle R. G., *The Uncertain Foundation of Neo-Darwinism: Metaphysical and Epistemological Pluralism in the Evolutionary Synthesis*, „Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences” 40 (2009), s. 119–132.
- Flasiński M., *Wstęp do sztucznej inteligencji*, Warszawa 2011.
- Forbes N., *Imitation of Life. How Biology Is Inspiring Computing*, Cambridge 2004.
- Gould S. J., Eldredge N., *Punctuated Equilibria: the Tempo and Mode of Evolution Reconsidered*, „Paleobiology” 3 (1977) no. 2, s. 115–151.
- Jablunka E., Lamb M. J., *Evolution in Four Dimensions. Genetic, Epigenetic, Behavioral, and Symbolic Variation in the History of Life*, Cambridge 2005.
- Khakhina L. N., *Concepts of Symbiogenesis: A Historical and Critical Study of the Research of Russian Botanists*, ed. M. Margulis, M. McMenamin, London 1992.
- Margulis L., Sagan D., *Acquiring Genomes: A Theory of the Origin of Species*, New York 2002.
- Peirce C. S., *Ewolucyjna miłość (Evolutionary Love)*, tłum. M. Manna, „Logos i Ethos” (2010), s. 141–175.
- Smith J. M., Szathmáry E., *Tajemnice przełomów ewolucji. Od narodzin życia do powstania mowy ludzkiej*, tłum. M. Madaliński, Warszawa 2000.
- The Essential Peirce. Selected Philosophical Writings*, vol. I: 1867–1893, ed. N. Houser, C. Kloesel, Bloomington–Indianapolis 1992; vol. II: 1893–1913, ed. The Peirce Edition Project, Bloomington–Indianapolis 1995.
- The New Elements of Mathematics by Charles S. Peirce*, ed. C. Eisele, vol. 1–4, Hague 1976.
- Watson R. A., *Compositional Evolution: The Impact of Sex, Symbiosis, and Modularity on the Gradualist Framework of Evolution*, Cambridge 2006.
- Watson R. A., Pollack J. B., *A Computational Model of Symbiotic Composition in Evolutionary Transitions*, „BioSystems” 69 (2003), s. 187–209.
- Writings of Charles S. Peirce: A Chronological Edition*, ed. The Peirce Edition Project, vol. 1–6, 8, Bloomington–Indianapolis 1982–201?.