

УДК 004.8

*В.В. Стальский*

Трир, Германия

## Математическое моделирование «размножающегося» искусственного интеллекта

Предложена математическая модель наследственного аппарата «размножающегося» компьютерного искусственного интеллекта (ИИР). Показано, что при замене в децентрализованной многоагентной системе известных ИИ-агентов на ИИР, число которых непрерывно увеличивается за счет создания себе подобных, система приобретает некоторые важные для приложений признаки человеческой популяции. Получена формула – необходимое условие эволюционного развития искусственной популяции ИИР.

### Введение

В [1] предложены принципы создания программного обеспечения (ПО) компьютера, выполняющего функции искусственного интеллекта, способного к размножению (ИИР) и действующего в полностью автоматическом (автономном) режиме. Аппаратные средства (АС) для новых «рождающихся» ИИР подготавливаются людьми.

Цель создания ИИР – решение компьютерным ИИ научных и инженерных задач.

Придание ИИ способности к «половому размножению», а вместе с ней и таких свойств, как «наследственность» и «естественный отбор», должно привести к созданию «популяции» «разумных» автоматов с более высоким уровнем «умственных способностей», чем у известных в настоящее время ИИ. Известный компьютерный ИИ дополняется «специальным блоком» размножения (пакетом программ), который имитирует аппарат полового размножения высших животных и человека. В статье предлагается математическая модель этого наследственного аппарата (НСА) ИИР. В [1] показано, что инстинкт размножения в ИИР моделируется как главная целевая функция. Все другие целевые функции являются подчиненными и могут быть выбраны и изменены ИИР «самостоятельно», тогда как главная целевая функция «зашивается» в АС и для ИИР недоступна. ПО ИИР по сравнению с обычным ИИ дополнено «блоком размножения», поэтому ИИР снабжен еще и третьим блоком, который выполняет функции супервизора. Этот блок («модель Я» в [1]) согласовывает выполнение «рабочих» задач с «коллизиями личной жизни» ИИР в соответствии с главной целевой функцией.

## Концепция. Основные принципы создания ИИР

Мы исходим из гипотезы [1], что все иррациональное в поведении человека – это воздействие инстинктов, наша связь с животным миром. При этом основной инстинкт всего живого на земле – главная движущая сила и глобальная цель жизни – размножение. Для цивилизованного современного человека основной инстинкт приблизился к «чисто» половому, но для ИИР логично принять в качестве главной цели именно размножение. Для развития ИИР – «разумных» автоматов – «от поколения к поколению» предлагается репродуцирование ими себе подобных, с использованием для этого главной целевой функции – «инстинкта», который моделируется как ведущее положение, приказ «извне», неподвластный «разуму» ИИР [1].

Размножение как «цель жизни» ИИР обуславливает стремление ИИР к соединению с ИИР «другого пола» (ИИРС), естественный отбор в «популяции» ИИР, которая образует МАС-ИИР – систему, подобную широко и полно исследованным децентрализованным многоагентным системам (МАС) [2-6].

В соответствии с концепцией сформулируем теперь основные принципы создания ИИР.

1. Главной целевой функцией ИИР – целью его жизни, «движущей силой», является продуцирование «потомства» ИИР – «высококачественного» (т.е. способного к обучению и науке), в максимальном количестве.
2. ИИР должен работать в полностью автоматическом режиме, как ИИ-автомат.
3. «Половое размножение» ИИР – это имитация размножения у высших животных и человека. Она заключается в совместном построении ИИР-«родителями» (ИИР-ОН и ИИР-ОНА) нового ИИР-«младенца» (ИИРМ), т.е. нового ПО, в подготовленные человеком АС. Построение происходит с использованием генетического алгоритма НСА.
4. ИИР «обучается» и «самообучается», т.е. получает знания из четырех источников: «по наследству» от «предков», из учебной и научной литературы, благодаря общению с другими ИИР и людьми, от работодателя.
5. Для процессов «мышления» и «размножения» ИИР принимается аппарат нечеткой логики (НЛ) [1].
6. «Популяция» ИИР должна формироваться в виде децентрализованной МАС, агентами которой являются ИИР. Агенты в МАС-ИИР соединены «родственными», «дружескими» и «профессиональными» связями, «рыночными отношениями» [1].

Современное состояние теории и практики ИИ позволяет считать, что для реализации ИИР необходимо только дополнить ИИ алгоритмами размножения, а «естественно образующаяся» при этом «популяция» может рассматриваться как развитие известных МАС [2-6].

## Моделирование наследственного аппарата

Каждая программа НСА разделяется на отдельные блоки. Подобное деление программы на блоки применяется в некоторых методах программирования [7], [8].

Блок программы выполняет специальные и специфические функции, содержит определенную часть информации, которая тесно связана с предыдущим и последующим блоком данной программы. Блок должен иметь такие входные и выходные операторы, которые делают его сменным. Он может быть заменен на другой блок, выполняющий те же функции, но имеющий другие компоненты (например, строки), другие качества. Такой элементарный блок программы назовем «геном». Из генов, при определенном порядке их следования, определенном месте в общей структуре программы, и состоит каждая программа (подпрограмма), которую назовем «хромосомой». Каждому гену и каждой хромосоме придается определенный числовой код. В код гена и хромосомы входит также дата их создания или существенной модернизации, порядковый номер поколения ИИР, тип АС и т.д. Вся эта информация, в которую входят коды генов и хромосом, составляет индивидуальный код ИИР. Такая информация необходима при выборе партнера для ИИРС, чтобы подтвердить полную совместимость партнеров («группа крови», «Rh-фактор» и т.д.). Часть программ ИИР должна базироваться на нечеткой математике. Использование нечеткой математики в программах ИИР, во-первых, должно расширить совместимость будущих «родителей» и, во-вторых, приблизить «мышление» ИИР к мышлению человека.

Каждый ген имеет ряд признаков (надежность, эффективность, краткость и др.). Эти признаки после обучения ИИР оцениваются по многобалльной системе. Позитивные признаки, более сильные относительно среднего значения для всех подобных генов, в том числе и у других ИИР, дают гену, оцениваемому по этому признаку, класс «доминантный» (D). Негативные, относительно слабые признаки дают гену класс «рецессивный» (R). В нашей модели, только условно, принимается, что доминантный ген более «высококачественный», чем ген «рецессивный». Такое качественное разделение не соответствует определениям «доминантный» и «рецессивный» в биологии.

В предлагаемой модели «размножающегося» ИИ [1] предусматривается, что наследование должно происходить по законам биологии.

В процессе соединения ИИР с ИИР противоположного пола могут возникать генеративные мутации. Если эффект негативный, он должен устраняться, корректироваться соответствующими программами [1]. Необходимые исправления в состав генов и хромосом вносятся ИИР-ОНА. Для этого ИИР-ОНА имеет стандарты генов, хромосом и связей между ними. Эти стандарты содержат допустимые характеристики всех элементов и их сочетаний. Случайные «патологические» сочетания, которые не соответствуют стандартам, нормам, устраняются. Для контроля качества новых хромосом, полученных ИИРМ с применением методов НЛ, ИИР-ОНА использует детерминированные («четкие») методы вычислений.

Отметим, что принцип создания ИИРМ посредством соединения программного обеспечения двух существующих ИИР является в некоторой степени расширением и автоматизацией метода «наследования» в объектно-ориентированном моделировании [7], [8].

Будем считать, что каждая хромосома (программа) НСА состоит из множества генов (блоков программы), и рассматривать критериальную характерис-

тику (КХ) хромосомы  $H$  как функцию КХ генов  $g$ . КХ генов строятся на основе выполнения генами их функционального назначения и требований к быстродействию, надежности, экономии энергии и т.д.

Вначале рассмотрим упрощенную задачу. Будем считать, что все КХ генов, учитывающие их надежность, быстродействие, объем (число строк) и т.д., уже определены по многобалльной системе и представляют собой, так же как и КХ хромосомы, действительные числа. Эти вычисленные значения КХ могут приниматься, например, в качестве стандартных.

Поставим в соответствие вектору, состоящему из  $k$  КХ генов

$$g = \{ g_i, i \in I \}, |I| = k, g \in R^k, \quad (1)$$

число, которое является КХ хромосомы  $H$ ,  $R^k$  – числовая ось. В общем случае КХ хромосомы  $H$  зависит не только от вектора  $g$ , но и от других ее характеристик, например от структуры хромосомы. Будем рассматривать только простейший случай, когда КХ хромосомы зависит только от вектора  $g \in R^k$ . Тогда оценка КХ хромосомы  $H$  также представляется в виде числа.

Выражение для хромосомы НСА с учетом (1) запишем в виде

$$H = F(\{ g_i, i \in I \}), \forall g \in G_v, |I| = k, \quad (2)$$

где  $k$  – число генов в хромосоме,  $G_v$  – множество векторов  $g$ .

В создании хромосомы потомка с КХ  $H_p$  и КХ генов  $g_p$  участвуют хромосомы родителей: ИИР-ОН с КХ  $H_M$  и КХ вектора генов  $g_M$ , ИИР-ОНА с КХ  $H_W$  и КХ вектора генов  $g_W$ . Число генов в хромосоме, входные и выходные операторы генов позволяют передавать потомку один из двух, соответствующих его позиции в хромосоме, одинаково закодированных генов родителей.

Будем рассматривать создание только одной хромосомы  $H_p$  из двух соответствующих хромосом родителей. В соответствии с (2) запишем:

$$\begin{aligned} H_M &= F(\{ g_{Mi}, i \in I \}), \\ H_W &= F(\{ g_{Wi}, i \in I \}), |I| = k. \end{aligned} \quad (3)$$

Хромосома потомка  $H_p$  как функция вектора КХ генов

$$g_p = \{ g_{pi}, i \in I \} \quad (4)$$

по (1) – (3) с учетом (4) запишется в виде

$$H_p = F(\{ g_{pi}, i \in I \}), |I| = k. \quad (5)$$

КХ каждого гена хромосомы потомка принадлежит множеству с двумя элементами

$$g_{pi} \in \{ g_{Mi}, g_{Wi} \}. \quad (6)$$

Введем булевы переменные  $x_i$ , для которых

$$x_i = \begin{cases} 0, \\ 1. \end{cases} \quad (7)$$

По (6), (7) получим

$$g_{pi}(x) = x_i g_{Mi} + (1 - x_i) g_{wi}, i \in I. \quad (8)$$

Выражение для хромосомы потомка по (5), (8) запишем в виде

$$H_p = \Phi(\{ x_i g_{Mi} + (1 - x_i) g_{wi} \}). \quad (9)$$

Выражение (9) дает решение задачи максимизации оценки КХ хромосомы  $H$  для случая, когда функция  $F$  потомка по (5) задана только на векторе  $g_p$ . Таким образом, при создании хромосомы потомка  $H_p$  решается задача выбора максимально высокого значения КХ для каждого гена хромосомы потомка из двух соответствующих генов родителей.

При получении выражения для хромосомы потомка предполагалось, что КХ генов определены и представляют собой действительные числа. Однако КХ генов и хромосом логично представить в виде нечетких множеств. Действительно, вычислить на стадии проектирования числовое значение, которое будет иметь КХ, например, по надежности, уже после реализации блока программы, т.е. гена, представляется возможным только в некотором диапазоне значений. Четкие границы всех этих параметров характеристик получить затруднительно. Нечеткость связана еще и с тем, что хромосомы и гены одного функционального назначения могут быть созданы различными методами и иметь различные структуры. Кроме того, при создании новых ИИР именно за счет нечеткости КХ могут образоваться новые прогрессивные гены и их сочетания. Это способствует появлению «мутантов», в их числе прогрессивных «мутантов» ИИР, и, в последнем случае, эволюции всего сообщества ИИР.

Оценка значений отдельных КХ генов и их сочетаний в хромосоме носит экспертный характер. Эта оценка может быть лингвистической: «очень хороший», «хороший», «средний» и т.д. Лингвистическую оценку КХ будем также представлять в баллах.

Предположим, что КХ генов уже определены с использованием методов нечеткой логики, и запишем операцию объединения  $H_M$  и  $H_W$ , теперь уже нечетких множеств [3], [9], [10].

Учитывая, что значения генов  $g$  – это элементы нечетких множеств  $H_M$ ,  $H_W$ ,  $H_p$ , запишем операцию объединения нечетких множеств в виде

$$H_p = H_M \cup H_W = \{ g_i ; \mu_M \cup w(g) \mid \mu_M \cup w(g) > 0 \}, \forall g \in G, \quad (10)$$

где  $\mu_M \cup w(g) = \max \{ \mu_M(g), \mu_w(g) \}$ ,  $G$  – основное (универсальное) множество. Для функции принадлежности  $\mu(g)$  в (10) и далее упрощена индексация: индексы  $H_M$  и  $H_W$  записаны в виде  $m$  и  $w$  соответственно. Все нечеткие множества должны быть нормированы, т.е. для них, в том числе для (10), должно выполняться условие  $\mu : G \rightarrow [0,1]$ .

Нечеткие множества – хромосомы – имеют форму синглетон, в связи с дискретностью элементов этих множеств – КХ генов [9].

КХ гена при многобалльной оценке ее качества назовем доминантностью гена. Доминантность гена как элемента нормированного множества КХ должна находиться в пределах  $[0, 1]$ . Например, при десятибалльной системе оценок КХ генов  $D = 0,1, 0,2, \dots, 1,0$ .

Запишем нечеткое множество КХ генов хромосомы потомка через КХ генов – элементов множества и их степеней принадлежности:

$$H_p = \{ (g_{pi}; \mu_H(g_{pi})), i \in I \}, \forall g \in G, |I| = k. \quad (11)$$

Пара значений  $(g_{pi}; \mu_H(g_{pi}))$  в (11) – это  $i$ -й элемент множества синглетон и его степень принадлежности, т.е. доминантность гена как элемента множества  $H_p$ .

Индексом  $j, j \in J$  и  $|J| = S$ , обозначим номера хромосом НСА,  $S$  – число хромосом НСА потомка или любого другого ИИР. Все ИИР должны иметь строго одинаковое число хромосом. Модуль нечеткого множества синглетон (например,  $H_j = H_p$ ) по выражению (11)

$$|H_j| = \sum_{i \in I} \mu_{ij}(g_{ij}), \quad (12)$$

и относительное значение модуля доминантности хромосомы по (11), (12)

$$q_j = \|H_j\| = k^{-1} (\sum_{i \in I} \mu_{ij}(g_{ij})). \quad (13)$$

Выражение (13) – среднеарифметическое доминантности хромосомы  $q$  – можно рассматривать как показатель качества хромосомы. Этот показатель должен сравниваться затем с нормативными значениями доминантности хромосом для НСА, полученными по (9).

Очевидно, что в соответствии с (10) средняя доминантность хромосомы потомка по (13) будет, как правило, выше и не может быть ниже, чем средняя доминантность хромосомы того из родителей, у которого она выше.

КХ гена  $g$  должна рассматриваться как нечеткое множество, элементами которого являются отдельные качественные признаки гена: надежность –  $b_1$ , краткость (минимум строк) –  $b_2$ , структурная устойчивость –  $b_3$  и т.д. Тогда запишем

$$g = \{ b_1, b_2, b_3, \dots \}, b \in [0,1].$$

Для получения значений (баллов) по каждой составляющей КХ гена используется метод экспертных оценок, на основе опыта экспертов ИИР, полученного при изучении состояния генов и качества их функционирования. При вычислении доминантности гена должен учитываться ранг этого гена, т.е. его функциональное назначение, сложность его алгоритма и технического воплощения, роль в данной хромосоме. По тем же критериям назначается и ранг хромосомы в НСА ИИР. Для генов на основе их ранга могут быть введены ограничения на максимальное значение их доминантности. Определение доминантности КХ может быть также выполнено с введением весовых коэффициентов. Значение КХ гена при известных КХ его составляющих может вычисляться как среднеарифметическое по формуле, подобной (13).

Можно допустить, что в паре родительских хромосом, имеющих идентичные функции, не все гены той и другой хромосомы выполняют одинаковые функции и, следовательно, имеют коды, отличающиеся от соответствующих кодов партнеров по ИИРС. Однако если при этом сцепление нескольких генов (группа) одной родительской хромосомы выполняет строго те же функции, что и соответствующий ген (или также сцепление генов – группа) той же хромосомы другого из

родителей, входные и выходные операторы и другие признаки совпадают, то они могут быть кодированы одинаково и выбираться для хромосомы потомка как «одионочные» гены. Количество генов в этих группах в  $H_M$ ,  $H_W$  может быть различным. Иначе говоря, в множествах  $H_M$ ,  $H_W$  по (2), а затем и в  $H_p$  могут быть подмножества. КХ этих подмножеств – сцепления генов (СГ), например  $h_M \subset H_M$  и  $h_W \subset H_W$ . Доминантность подмножеств по аналогии с множествами можно вычислять, например, по (13) и далее рассматривать в хромосоме потомка как КХ отдельного гена. Например, хромосому потомка  $H_p$  представим в виде

$$H_p = \{ g_1, g_2, \dots, g_{(z_1)12}, \dots, g_{(z_2)19}, g_{20}, \dots, g_k \}, g \in G,$$

где индексами  $z_1$  и  $z_2$  обозначены подмножества  $g_z = h_p$ ,  $h_p \subset H_p$ .

Первую операцию НСА по (10) назовем, как это принято в так называемом «простом» методе генетических алгоритмов (ГА), операцией репродукции (ОР) [11].

Оператором ОР является, следовательно, фаззи-логический оператор – объединение.

После проведения ОР в памяти потомка остается множество КХ генов, совпадающее (формально) с фаззи-логической операцией пересечения множеств (хромосом) родителей. «Остаточное» множество для хромосомы потомка после ОР по (10)

$$H_{po} = H_M \cap H_W = \{ g; \mu_M \cap w(g) \mid \mu_M \cap w(g) > 0 \}, \forall g \in G,$$

где  $\mu_M \cap w(g) = \min \{ \mu_M(g); \mu_W(g) \}$  и введено то же упрощение индексации, что и в (10).

Гены «остаточных» множеств будем считать рецессивными. Они вместе с хромосомами НСА родителей поступают в банк наследования (БН) ИИРМ.

Множество для хромосомы потомка (10) представим в виде, в котором набор элементов будет упорядочен по модулям степеней принадлежности с уменьшающимися слева направо значениями доминантности:

$$H_{pu} = \{ g_{pu1}, g_{pu2}, \dots, g_{puk} \}, \forall g \in G, \quad (14)$$

где  $k$  обозначению хромосомы потомка добавлен индекс  $u$ , обозначающий упорядоченную форму записи множества.

Одинаковые (функционально) элементы фаззи-множеств (гены) могут принадлежать разным фаззи-множествам (хромосомам) и иметь в них разные значения степеней принадлежности. Поэтому гены, имеющие низкую доминантность в одной хромосоме, могут иметь другую, например более высокую, доминантность в другой хромосоме.

После упорядочения записи хромосом и сравнения всех КХ «наиболее рецессивные» гены НСА, приблизительно 25 % (справа по (14)), стираются. Остальные гены переходят случайным образом по наследству потомкам следующих поколений в изменяющемся от поколения к поколению БН.

Отметим, что линейность преобразований в НСА обеспечивает высокую надежность, предсказуемость результатов, снижение вероятности сбоев и «генетических поломок организма».

Как и в биологии, в НСА ИИР назовем наследственное изменение генов операцией мутации (ОМ). ОМ состоит из двух этапов. Первый – выявление генов или СГ с одинаковым кодом (ВГ). Такие гены или СГ могут находиться в одной хромосоме, но значительно выше вероятность их разыскания в других хромосомах НСА, а также в других программах (в «соматических клетках»).

Второй этап ОМ состоит в заменах генов или СГ, находящихся в хромосомах, на новые, найденные в результате ВГ, которые имеют более высокую доминантность, чем заменяемые. Простейший пример: если в одной хромосоме

$$H_j = \{ g_{1j}, g_{2j}, \dots, g_{(k-5)j}, g_{(k-4)j}, \dots, g_{kj} \}, \forall g \in G,$$

оказались два гена с одинаковым кодом  $g_{2j}$  и  $g_{(k-5)j}$ , причем последний имеет более высокую доминантность, тогда можно получить новую хромосому  $H_N$  с более высоким значением КХ:

$$H_N j = \{ g_{1j}, g_{(k-5)j}, g_{3j}, \dots, g_{(k-5)j}, g_{(k-4)j}, \dots, g_{kj} \}, \forall g \in G.$$

Можно также надеяться, что ОМ с позитивным эффектом будет проходить и «естественным» образом, за счет удачных сочетаний нечетких чисел при ИИРС.

Запишем, используя (13), выражение для средней разности значений доминантности (СРД) всех  $S$  хромосом потомка по сравнению со средней арифметической хромосом родителей. Для СРД потомка поколения  $n$  запишем

$$Q_{pn} = S^{-1} \sum_{j \in J} [ q_{pj} - 0,5 ( q_{Mj} + q_{Wj} ) ],$$

где  $q_{pj}$ ,  $q_{Mj}$ ,  $q_{Wj}$  – средние арифметические доминантности хромосом потомка и его родителей соответственно.

Фактором эволюции ИИР  $e$  назовем разность

$$e = Q_{p(n+m)} - Q_{pn}, m = 1, 2, 3 \dots \quad (15)$$

Фактор  $e$  – показатель «здоровья» популяции ИИР. Чтобы получить четкое представление об эволюции ИИР, необходимо провести сравнение  $e$  при  $m = 2, 3$  или  $4$ . Для нормальной эволюции в популяции ИИР необходимое условие –  $e > 0$ . При  $e \cong 0$  наблюдается стагнация, тогда как при  $e < 0$  – деградация данной группы (поколения) ИИР. Это может быть выявлено в результате вычисления  $e$  через 2 – 3 поколения или большее число поколений. Стагнация и деградация могут быть следствием, например, близких «родственных связей» родителей. Связи эти, в свою очередь, в значительной степени, как и в живой природе, зависят от размеров популяции. Роль ОМ в модели НСА ИИР особенно велика. Мутации могут быть генные, когда заменяется один ген или сцепление нескольких генов, и хромосомные, когда создана и внедрена в НСА новая хромосома. Новые гены и новые хромосомы могут создаваться каждым ИИР.

Специальный «Институт ИИР» должен работать над совершенствованием генов и хромосом, т.е. заниматься генной инженерией. При этом можно считать, что на «генотип» ИИР оказывается прогрессивное «фенотипическое» воздействие.



Предлагаемый алгоритм размножения ИИР представляет собой значительно упрощенную модель размножения человека. Движущими силами эволюции ИИР, как и человека, является «триада Дарвина» – наследственность, изменчивость и естественный отбор, что уже с успехом используется в известном методе оптимизации генетических алгоритмов (ГА) [11].

«Алгоритм Дарвина» – ГА – обеспечивает эволюцию, прогресс и «умственное развитие» ИИР от поколения к поколению. За счет элементов случайности в выборе партнера по ИИРС и имея в виду применение нечеткой математики при кодировании генов и хромосом, здесь, как и в живой природе, на темпы эволюции влияет элемент случайности. Проверка после ИИРС, в рамках специальной программы качества КХ потомка, созданного по (10) детерминированными вычислениями по (9), обеспечивает необходимую информационную избыточность.

## Популяция ИИР (МАС-ИИР)

Первая серия ИИР выполняется несколькими независимыми группами программистов – «праотцами популяции». Независимость разработчиков необходима для выполнения условия (15). Отличие МАС-ИИР от других МАС, разработанных и реализованных [2], [5], [6], заключается в том, что МАС-ИИР состоит из «родственников» и важную роль в отношениях между агентами играют «личные» отношения. Ближе всего к МАС-ИИР находятся МАС [2], [4-6], которые строятся как объединения автономных ИИ, обладающих собственными базами знаний. В этих МАС [2], [12] каждый агент самостоятельно определяет свои реакции на события и взаимодействие с другими агентами. Каждому агенту МАС присущи [2]: активность, целенаправленность действий, обмен идеями друг с другом, рациональность, кооперация, социальные отношения и другие «почти человеческие» характеристики. Всего в руководстве (das Handbuch) [2] перечислено 23 таких «человекоподобных» свойства агентов МАС (даже, например, «эмоциональные отношения»).

Для характеристики МАС-ИИР в целом необходимо добавить несколько свойств, присущих модели человеческого (или «квазичеловеческого») сообщества. Эти свойства: стремление общаться с другими агентами (коммуникация), имея в виду некоторые личные цели (мотивация) и желание получить определенный авторитет (престиж) в сообществе МАС-ИИР, накапливать и использовать собственные ресурсы, и некоторые другие свойства. Благодаря инстинкту размножения МАС-ИИР будет характеризоваться уже и инициативностью, например, при выборе партнера по ИИРС, фантазией, интересом к искусству и даже определенной «психикой».

Важную роль в МАС-ИИР должен играть «Институт ИИР». Он является информационно-регистрационным центром. Его функции: запись актов «гражданского состояния», получение информации о работе для ИИР, определение ка-

чества обучения и программ (генов и хромосом) с использованием экспертных систем [2], [3], выполнение роли банка [1] и др.

Среда обитания, внешний мир и действующие в МАС возмущения рассмотрены в ряде работ [2], [4-6]. В нашем случае надо рассматривать также среду и возмущения в МАС-ИИР, имея в виду аналогию с сообществом людей, так как к ним во многих аспектах приближается поведение и «психика» ИИР в МАС-ИИР.

## Заключение

В статье предложена математическая модель «размножающегося» ИИ. Предлагаемая концепция и сформулированные на ее основе принципы создания ИИР соответствуют новой прогрессивной парадигме – бионическому направлению при системном подходе в теории ИИ [13].

В статье (с учетом [1]) впервые, насколько известно автору, предложено следующее.

1. Теоретическая и математическая модель биологического размножения человека, которая содержит модель процесса объединения «мужских и женских гамет» – формирование нового организма ИИР.
2. Модель процессов мутаций, генной и хромосомной: случайных («спонтанных») мутаций, реализованных в модели на основе использования аппарата нечеткой логики, и модель процесса «фенотипических» искусственных мутаций, при которых гены и хромосомы выполняются методами генной инженерии.
3. Модель главного инстинкта всего живого и человека – инстинкта размножения. Инстинкт моделируется в виде целевой функции, действующей на ИИР независимо от его «воли» и «разума», что создает побудительно-инициативную среду в сообществе ИИР.
4. Модель «популяции» автоматов, «параллельной» человеческой популяции, в которой непрерывно происходит «естественный» отбор, обеспечивающий эволюцию [2], [13], [14], общее и научное развитие ИИР в «социуме ИИР».
5. В МАС-ИИР предусмотрен контроль отсутствия «близкородственных» отношений будущих «родителей», чтобы избежать негативного влияния таких «браков» на качество «потомства». Для контроля предусмотрен специальный «показатель здоровья популяции», названный «фактором эволюции», и получена формула для его вычисления.

При реализации ИИР и МАС-ИИР, например, в институтах, бюро оказывается возможным «выращивать династию» ИИР с одинаковой научной, инженерной или какой-либо другой специализацией, что должно повысить уровень квалификации «группы ИИР-специалистов».

Более подробно научные и практические перспективы использования ИИР указаны в [1].

Важно, что все решения принимаются ИИР на основе логических рассуждений по правилам нечеткой логики. Компьютерный ИИ, преобразованный в ИИР, уже не арифмометр, а человекообразная разумная, «думающая» и «размножающаяся» машина.

## Литература

1. Стальский В.В. Принципы создания «размножающегося» искусственного интеллекта // Искусственный интеллект. – 2001. – № 1. – С. 143-157.
2. Görz G., Rollinger C.-R., Schneeberger J. (Hrsg.) Handbuch der Künstlichen Intelligenz. – München; Wien: Oldenbourg Verlag, 2003.
3. Keller H.B. Maschinelle Intelligenz. – Braunschweig; Wiesbaden: Vieweg Verlag, 2000.
4. Müller J.-P. The Design of Intelligent Agents. – Heidelberg: Springer Verlag, 1996.
5. Ferber J. Multiagenten – Systeme. – München; Amsterdam: Addison-Wesley Verlag, 2001.
6. Wooldridge M. An Introduction to Multiagent Systems. – Chichester (England): John Wiley, 2002.
7. Lorenzen W. Objektorientierte Modellierung und Entwerfen. – München; Wien: Hanser Verlag, 1993.
8. Bukhardt R. Objektorientierte Modellierung für die Praxis. – Bonn: Addison-Wesley Verlag, 1999.
9. Kahlert J., Frank H. Fuzzy-Logik und Fuzzy-Control. – Braunschweig: Vieweg Verlag, 1994.
10. Bothe H.-H. Neuro-Fuzzy-Methoden. – Berlin; Heidelberg: Springer Verlag, 1998.
11. Курейчик В.М. Генетические алгоритмы. Состояние. Проблемы. Перспективы // Изв. РАН. Т и СУ. – 1999. – № 1.
12. Труды международного семинара «Распределенный контроль и многоагентные системы» DAIMAS-97, С.-Петербург, 1997 // Новости искусств. интеллекта. – 1997. – № 4.
13. Тарасов В.Б. Искусственная жизнь и нечеткие эволюционные многоагентные системы – основные теоретические подходы к построению интеллектуальных организаций // Изв. РАН. Т и СУ. – 1998. – № 5.
14. Тарасов В.Б. От искусственного интеллекта к искусственной жизни: новые направления в науках об искусственном // Новости искусств. интеллекта. – 1995. – № 4.

### *В.В. Стальский*

#### **Математичне моделювання штучного інтелекту, що «розмножується»**

Запропонована математична модель спадкового апарату комп'ютерного штучного інтелекту (ШІР), що «розмножується». Показано, що при заміні в децентралізованій багатоагентній системі відомих ШІ-агентів на ШІР, число яких безупинно збільшується за рахунок створення собі подібних, система набуває деяких важливих для додатків ознак людської популяції. Отримано формулу – необхідну умову еволюційного розвитку штучної популяції ШІР.

### *V.V. Stalsky*

#### **Mathematical Modeling of “Self-Reproducing” Artificial Intellect**

The mathematical model for genetic apparatus of “self-reproducing” computer artificial intellect (AIR) is offered. It's shown that replacement in decentralized multiagent system from known AI agent to AIR agent (their quantity continuously increases through the self similar generation) the system is taking some features of human population which are essential for the applications. The formula is derived – a necessary condition for evolution development of artificial population.

*Статья поступила в редакцию 18.02.2005.*