



ΑΥΤΟΠΡΟΣΑΡΜΟΖΩΜΕΝΑ ΠΙΘΑΝΟΤΙΚΑ ΝΕΥΡΩΝΙΚΑ ΔΙΚΤΥΑ

*Β.Α. Γεωργίου, Ν.Γ. Παυλίδης,
Φ.Δ. Αλεβίζος, Μ.Ν. Βραχάτης*

Τμήμα Μαθηματικών,

University of Patras Artificial Intelligence Research Center (UPAIRC),

Πανεπιστήμιο Πατρών, 26110 Πάτρα,

email: {vlg, npav, philipos, vrahatis}@math.upatras.gr

ΠΕΡΙΛΗΨΗ

Στην εργασία αυτή προτείνονται τα αυτοπροσαρμοζόμενα πιθανοτικά νευρωνικά δίκτυα (self-adaptive probabilistic neural networks). Τα νέα αυτά δίκτυα ενσωματώνουν τον αλγόριθμο Βελτιστοποίησης Σμήνους Σωματιδίων (Particle Swarm Optimization) με σκοπό τη βελτιστοποίηση της παραμέτρου λείανσης (smoothing) του πυρήνα (kernel) του πιθανοτικού νευρωνικού δικτύου. Με το τρόπο αυτό βελτιώνεται η αποδοτικότητα του δικτύου. Τα προτεινόμενα μοντέλα ελέγχονται σε δυο σύνολα δεδομένων από το χώρο της βιοπληροφορικής και συγκρίνονται με νευρωνικά δίκτυα εμπρόσθιας τροφοδότησης με πολύ καλά αποτελέσματα.

1. ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Ο κλάδος της βιοπληροφορικής έχει μια ραγδαία ανάπτυξη τα τελευταία χρόνια. Μια σημαντική περιοχή του κλάδου αυτού είναι ο εντοπισμός της θέσης των πρωτεϊνών σε ένα κύτταρο. Πολυάριθμα συστήματα, όπως συστήματα βασισμένα σε κανόνες (rule-based systems, δέντρα αποφάσεων, κανόνες αποφάσεων), στατιστικά συστήματα εκμάθησης (Naive Bayes, Support Vector Machines) και τεχνητά νευρωνικά δίκτυα,

έχουν χρησιμοποιηθεί για εκτέλεση εργασιών πρόβλεψης και ταξινόμησης στο συγκεκριμένο πρόβλημα όπως στο Tan & Gilbert (2003).

Μια αποτελεσματική προσέγγιση για την επίλυση τέτοιων προβλημάτων είναι τα *Πιθανοτικά Νευρωνικά Δίκτυα* (ΠΝΔ), Tan & Gilbert (2003). Τα ΠΝΔ αναπτύχθηκαν από τον Specht (1990). Αποτελούν μια κλάση των νευρωνικών δικτύων και συνδυάζουν κάποια από τα καλύτερα χαρακτηριστικά της στατιστικής αναγνώρισης προτύπων και των νευρωνικών δικτύων εμπρόσθιας τροφοδότησης (feedforward neural networks, FNNs). Τα ΠΝΔ είναι η υλοποίηση της διαχωριστικής ανάλυσης πυρήνων (kernel discriminant analysis) με χρήση νευρωνικών δικτύων. Το κλασικό ΠΝΔ μπορεί να χαρακτηριστεί σαν μια ευφυής μνήμη διότι κάθε πρότυπο εκπαίδευσης (training pattern) αποθηκεύεται σε ένα νευρώνα του δικτύου, Berthold & Diamond (1998). Χαρακτηριστικές ιδιότητες των ΠΝΔ είναι ο μικρός χρόνος εκπαίδευσης και η παραγωγή αποτελεσμάτων με χρήση εκ των υστέρων (posterior) πιθανοτήτων κατά Bayes. Αυτές οι ιδιότητες έχουν σαν συνέπεια τις μεγάλες απαιτήσεις σε μνήμη και την αργή ταχύτητα εκτέλεσης μιας πρόβλεψης για ένα νέο πρότυπο, Specht (1990).

Η απόδοση ενός ΠΝΔ επηρεάζεται σημαντικά από την παράμετρο λείανσης (smoothing parameter). Στην εργασία αυτή, προτείνεται ένα αυτοπροσαρμοζόμενο ΠΝΔ το οποίο ενσωματώνει τον αλγόριθμο βελτιστοποίησης σμήνους σωματιδίων (Particle Swarm Optimization, PSO) για τη βελτιστοποίηση της παραμέτρου λείανσης του ΠΝΔ. Η PSO είναι μία μέθοδος βελτιστοποίησης της ευφυίας σμήνους, που έχει σαν κίνητρο τη δυναμική των κοινωνικά οργανωμένων αποικιών, Kennedy & Eberhart (2001) και έχει αποδειχθεί ιδιαίτερα αποδοτική σε πληθώρα εφαρμογών στις επιστήμες και στη βιομηχανία, Parsopoulos & Vrahatis (2002). Ο προτεινόμενος αλγόριθμος έχει εφαρμοστεί σε δυο σύνολα δεδομένων από το χώρο της βιοπληροφορικής, το E.coli και το Yeast, χρησιμοποιώντας διάφορες τεχνικές δειγματοληψίας. Επίσης τα αποτελέσματα αυτά έχουν συγκριθεί με τα αντίστοιχα αποτελέσματα που παρήχθησαν από τέσσερα διαφορετικά νευρωνικά δίκτυα εμπρόσθιας τροφοδότησης (FNNs).

2. ΠΙΘΑΝΟΤΙΚΑ ΝΕΥΡΩΝΙΚΑ ΔΙΚΤΥΑ

Τα πιθανοτικά νευρωνικά δίκτυα είναι δίκτυα με επίβλεψη (supervised) τα οποία χρησιμοποιούνται ευρέως στην αναγνώριση προτύπων καθώς και στην ταξινόμηση και ομαδοποίηση των δεδομένων, Specht & Romsdahl (1994). Σχετίζονται με τον κανόνα ταξινόμησης του Bayes και τη μη παραμετρική εκτίμηση της συνάρτησης πυκνότητας πιθανότητας του Parzen (1962), Specht (1990). Ένα σημαντικό προσόν των ΠΝΔ, σε σύγκριση με τα FNNs, είναι ότι προσφέρουν ένα τρόπο ερμηνείας της δομής του δικτύου Berthold & Diamond (1998). Η τυπική διαδικασία εκπαίδευσης ενός ΠΝΔ απαιτεί ένα μόνο πέρασμα όλων των προτύπων του συνόλου εκπαίδευσης, Specht (1990). Το

χαρακτηριστικό αυτό μεταφράζεται σε πιο γρήγορη εκπαίδευση του ΠΝΔ από την εκπαίδευση ενός FNN.

Η δομή ενός ΠΝΔ είναι παρόμοια με αυτή ενός FNN μόνο που η αρχιτεκτονική του ΠΝΔ περιορίζεται σε τέσσερα επίπεδα, το επίπεδο εισόδου, προτύπων, άθροισης και εξόδου. Τα δεδομένα υπό μορφή διανυσμάτων $X = (x_1, \dots, x_n)^T \in \mathbb{R}^n$ τοποθετούνται στους n νευρώνες εισόδου και στη συνέχεια περνούν στο επίπεδο προτύπων. Οι νευρώνες του επιπέδου προτύπων είναι χωρισμένοι σε K κλάσεις, όσες και οι κλάσεις των δεδομένων. Η έξοδος του i -οστού νευρώνα προτύπων της k -οστής κλάσης υπολογίζεται με τη χρήση ενός κανονικού πυρήνα της μορφής:

$$(2.1) \quad f_{k,i}(X) = \frac{1}{(2\pi\sigma^2)^{n/2}} \exp\left(-\frac{\|X - X_{k,i}\|^2}{2\sigma^2}\right),$$

όπου $X_{k,i} \in \mathbb{R}^n$ είναι το κέντρο του πυρήνα και σ η παράμετρος λείανσης. Το επίπεδο άθροισης του δικτύου υπολογίζει τη δεσμευμένη πιθανότητα της κάθε κλάσης,

$$(2.2) \quad G_k(X) = \sum_{i=1}^{M_k} w_{ki} f_{k,i}(X), \quad k \in \{1, \dots, K\},$$

όπου M_k είναι ο αριθμός των νευρώνων προτύπου της k -οστής κλάσης και $w_{ki} = p_k$ είναι η εκ των προτέρων πιθανότητά της. Ένα διάνυσμα X ταξινομείται σε εκείνη την κλάση στην οποία ο αντίστοιχος νευρώνας άθροισης αποκτά τη μεγαλύτερη τιμή.

3. ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗ ΜΕ ΧΡΗΣΗ ΤΟΥ PSO ΑΛΓΟΡΙΘΜΟΥ

Ο PSO είναι ένας στοχαστικός, πληθυσμιακός αλγόριθμος βελτιστοποίησης. Χρησιμοποιεί ένα πληθυσμό ατόμων τα οποία ταυτόχρονα διερευνούν για «καλές» περιοχές του χώρου αναζήτησης. Ο πληθυσμός καλείται *σμήνος* και τα άτομα (δηλαδή τα σημεία αναζήτησης) καλούνται *σωματίδια*. Κάθε σωματίδιο κινείται με μεταβαλλόμενη ταχύτητα στο χώρο αναζήτησης και «θυμάται» τη καλύτερη θέση που έχει επισκεφθεί. Η θέση αυτή γνωστοποιείται σε κάθε επανάληψη σε όλα τα σωματίδια του σμήνους, Kennedy & Eberhart (2001).

Έστω ένας d -διάστατος χώρος αναζήτησης, $S \subset \mathbb{R}^d$, και ένα σμήνος που αποτελείται από NP σωματίδια. Το i -οστό σωματίδιο είναι ένα d -διάστατο διάνυσμα $Z_i = (z_{i1}, z_{i2}, \dots, z_{id})^T \in S$. Έστω η ταχύτητα του σωματιδίου $V_i = (v_{i1}, v_{i2}, \dots, v_{id})^T \in S$. Η καλύτερη προηγούμενη θέση του i -οστού σωματιδίου συμβολίζεται $BP_i = (bp_{i1}, bp_{i2}, \dots, bp_{id})^T \in S$. Έστω g_i ο δείκτης του σωματιδίου που έχει την καλύτερη θέση μέχρι το βήμα t . Τότε το σμήνος εξελίσσεται σύμφωνα με τις εξισώσεις:

$$(3.1) \quad V_i(t+1) = \omega V_i(t) + c_1 r_1 (BP_i(t) - Z_i(t)) + c_2 r_2 (BP_{g_i}(t) - Z_i(t)),$$

$$(3.2) \quad Z_i(t+1) = Z_i(t) + V_i(t+1),$$

όπου $i = 1, \dots, NP$, ω είναι μια παράμετρος που ονομάζεται βάρος αδράνειας (*inertia weight*), c_1 είναι η γνωστική (*cognitive*) σταθερά και c_2 είναι η κοινωνική (*social*) σταθερά. Επίσης, r_1, r_2 είναι τυχαίες μεταβλητές ομοιόμορφα κατανομημένες στο $[0, 1]$. Εναλλακτικά, η ταχύτητα μπορεί να ενημερώνεται σύμφωνα με την παρακάτω εξίσωση.

$$(3.3) \quad V_i(t+1) = \chi \left[V_i(t) + c_1 r_1 (BP_i(t) - Z_i(t)) + c_2 r_2 (BP_{g_i}(t) - Z_i(t)) \right],$$

όπου χ είναι ο παράγοντας περιορισμού (*constriction factor*), Clerc & Kennedy (2002).

4. Η ΠΡΟΤΕΙΝΟΜΕΝΗ ΠΡΟΣΕΓΓΙΣΗ ΚΑΙ ΠΕΙΡΑΜΑΤΙΚΑ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

Όπως αναφέρθηκε νωρίτερα η παράμετρος λείανσης σ είναι κρίσιμη για την αποδοτικότητα του ΠΙΝΔ. Στην εργασία αυτή, ο καθορισμός της παραμέτρου σ επιτυγχάνεται μέσω της PSO. Ο αλγόριθμος PSO αρχικοποιείται τυχαία με ένα σμήνος τιμών του σ και η βελτιστοποίηση επιτυγχάνεται για ένα συγκεκριμένο μέρος του συνόλου δεδομένων ως προς το ποσοστό επιτυχούς ταξινόμησης. Το μοντέλο αυτό το ονομάζουμε *Αυτοπροσαρμοζόμενο Πιθανοτικό Νευρωνικό Δίκτυο* (ΑΠΝΔ).

Εφαρμόσαμε το μοντέλο σε δυο από τα πιο γνωστά σύνολα δεδομένων του χώρου της Βιοπληροφορικής, συγκεκριμένα στο *E.coli* και στο *Yeast*, Tan & Gilbert (2003). Για να καθοριστεί η παράμετρος λείανσης, ένα σμήνος από 20 σωματίδια εξελίχθηκε για 100 γενιές. Τα σωματίδια περιορίστηκαν στο διάστημα $[0, 1]$ ώστε να αποφευχθούν υπερβολικές ταχύτητες. Οι τιμές των παραμέτρων c_1 και c_2 ήταν 2.05, ενώ ο χ ήταν 0.729, Clerc & Kennedy (2002). Το βάρος αδράνειας ω είχε αρχικοποιηθεί στο 1.0 και σταδιακά μειωνόταν προς το μηδέν για το 75% των επαναλήψεων.

Η αποδοτικότητα του ΑΠΝΔ εξετάστηκε ως προς τρεις διαφορετικές τεχνικές δειγματοληψίας, τη Στρωματοποιημένη Δειγματοληψία με ποσοστό 50%, τη 10-επίπεδη Διασταυρούμενη Δειγματοληψία (10-fold Cross-Validation) καθώς και το χωρισμό του συνόλου δεδομένων σε σύνολα εκπαίδευσης, επαλήθευσης και ελέγχου με ποσοστά 50%, 25% και 25% αντίστοιχα. Επίσης η αποδοτικότητα του ΑΠΝΔ συγκρίθηκε με αυτή ενός FNN. Το FNN είχε ένα κρυφό επίπεδο με 16 νευρώνες δηλαδή η τοπολογία (αρχιτεκτονική) του δικτύου για το *E.coli* ήταν 7-16-8 και για το *Yeast* ήταν 8-16-10, Magoulas (2004). Το FNN εκπαιδεύτηκε με τη μέθοδο R-PROP, Riedmiller & Braun (1993), για 500 επαναλήψεις με ρυθμό εκπαίδευσης (learning rate) ίσο με 0.01.

Στη συνέχεια παρουσιάζεται μια σύντομη περιγραφή των δεδομένων. Το πρώτο σύνολο δεδομένων είναι το *E.coli* (βακτηρίδιο Εσχερίχια) και ο στόχος του είναι να

Πίνακας 1: Ποσοστό επιτυχούς ταξινόμησης των ΑΠΝΔ και FNN για το E.coli

Μοντέλο	Μέθοδος Δειγμ.	Μέσος	Τυπ.Απ.	Min.	Max.
ΑΠΝΔ (con)	Στρωματ. Δειγματ.	85.54	2.31	77.11	90.36
ΑΠΝΔ (ine)	Στρωματ. Δειγματ.	85.57	2.49	77.71	90.36
ΑΠΝΔ (con)	10-επίπ. Διασταύρωση	84.96	3.37	75.60	88.10
ΑΠΝΔ (ine)	10-επίπ. Διασταύρωση	85.16	3.38	73.51	88.10
ΑΠΝΔ (con)	Εκπαίδ.-Επαλ.-Έλεγχ.	84.08	5.58	66.99	95.18
ΑΠΝΔ (ine)	Εκπαίδ.-Επαλ.-Έλεγχ.	85.30	3.83	71.08	95.18
FNN	Στρωματ. Δειγματ.	84.37	2.36	79.52	88.55
FNN	10-επίπ. Διασταύρωση	83.93	1.42	80.65	86.91
FNN	Εκπαίδ.-Επαλ.-Έλεγχ.	84.10	4.55	71.08	92.77

προβλεφθεί η θέση των πρωτεϊνών στο κύτταρο, Horton & Nakai (1996). Υπάρχουν 8 κυτταρικές θέσεις όπως π.χ. κυτόπλασμα, περίπλασμα, εσωτερική μεμβράνη κ.α. Οι μεταβλητές είναι οι μετρήσεις για την ακολουθία σήματος κατά McGeoch και Von Heijne, Horton & Nakai (1996), η παρουσία φορτίου στα *N*-terminus των λιποπρωτεϊνών και 3 διαφορετικές μετρήσεις της περιεκτικότητας αμινοξέων. Το δεύτερο σύνολο δεδομένων είναι το Yeast και ο στόχος του είναι παρόμοιος με αυτόν του E.coli δηλαδή ο καθορισμός της θέσης των πρωτεϊνών του Yeast, Horton & Nakai (1996). Υπάρχουν 10 τοποθεσίες του κυττάρου: κυτταρικός σκελετός, πυρήνας, μιτοχόνδριο, μεμβράνη, κ.α. Οι μεταβλητές είναι οι ίδιες με αυτές του E.coli με επιπλέον μεταβλητή την πληροφορία της θέσης του πυρήνα. Το E.coli αποτελείται από 336 παρατηρήσεις και το Yeast από 1484 παρατηρήσεις.

Στον Πίνακα 1 παρουσιάζεται ο μέσος όρος, η τυπική απόκλιση καθώς και η ελάχιστη και μέγιστη τιμή των ποσοστών της επιτυχούς ταξινόμησης (σε μορφή ποσοστού) για το E.coli σύνολο δεδομένων για κάθε μια τεχνική δειγματοληψίας και για τις δυο παραλλαγές της PSO, constriction (con) και inertia (ine), καθώς και για το FNN. Τα καλύτερα αποτελέσματα παρουσιάζονται με έντονη γραφή. Οι ίδιες πληροφορίες παρουσιάζονται στον Πίνακα 2 για το σύνολο δεδομένων Yeast.

Στη στρωματοποιημένη δειγματοληψία, το μέγεθος του τυχαίου δείγματος κάθε στρώματος είχε οριστεί στο 50% του μεγέθους της αντίστοιχης κλάσης. Όπως φαίνεται και από τον Πίνακα 1, τα ΑΠΝΔ που χρησιμοποίησαν σύνολο εκπαίδευσης με στρωματοποιημένη δειγματοληψία, πέτυχαν το μεγαλύτερο μέσο ποσοστό επιτυχούς ταξινόμησης

Πίνακας 2: Ποσοστό επιτυχούς ταξινόμησης των ΑΠΝΔ και FNN για το Yeast.

Μοντέλο	Μέθοδος Δειγμ.	Μέσος	Τυπ.Απ.	Min.	Max.
ΑΠΝΔ (con)	Στρωματ. Δειγματ.	56.74	2.73	48.31	60.22
ΑΠΝΔ (ine)	Στρωματ. Δειγματ.	57.53	1.94	50.07	61.16
ΑΠΝΔ (con)	10-επίπ. Διασταύρωση	58.18	2.18	53.42	62.16
ΑΠΝΔ (ine)	10-επίπ. Διασταύρωση	57.80	2.81	44.59	62.16
ΑΠΝΔ (con)	Εκπαίδ.-Επαλ.-Έλεγχ.	56.28	4.37	37.30	63.24
ΑΠΝΔ (ine)	Εκπαίδ.-Επαλ.-Έλεγχ.	56.31	4.23	37.03	62.97
FNN	Στρωματ. Δειγματ.	55.74	1.87	52.10	59.40
FNN	10-επίπ. Διασταύρωση	55.58	0.67	54.10	57.07
FNN	Εκπαίδ.-Επαλ.-Έλεγχ.	55.45	2.33	48.65	61.35

για το E.coli, ενώ για το Yeast με 10-επίπεδη διασταυρούμενη δειγματοληψία σύμφωνα με τον Πίνακα 2.

Εφαρμόζοντας έναν μη παραμετρικό έλεγχο Kruskal–Wallis για τη μέση απόδοση των ΑΠΝΔ για τις τρεις τεχνικές δειγματοληψίας, και για τα δύο σύνολα δεδομένων μαζί, συμπεραίνουμε ότι υπάρχει μια μικρή διαφορά μεταξύ των τεχνικών δειγματοληψίας η οποία δεν είναι στατιστικά σημαντική ($p - value = 0.057$).

Στους Πίνακες 1 και 2 παρουσιάζεται η απόδοση των FNNs χρησιμοποιώντας και τις τρεις τεχνικές δειγματοληψίας για τα δύο σύνολα δεδομένων. Εφαρμόζοντας πάλι έναν μη παραμετρικό έλεγχο Kruskal–Wallis για τη μέση απόδοση των FNN για τις τρεις τεχνικές δειγματοληψίας, και για τα δύο σύνολα δεδομένων μαζί, συμπεραίνουμε ότι δεν υπάρχει στατιστικά σημαντική διαφορά μεταξύ των τεχνικών δειγματοληψίας ($p - value = 0.387$).

Συγκρίνοντας την απόδοση των ΑΠΝΔ με την απόδοση των FNN, συμπεραίνουμε ότι και για το E.coli και για το Yeast υπάρχει στατιστικά σημαντική διαφορά, ($p - value = 0.016$) και ($p - value < 0.001$) αντίστοιχα. Δηλαδή τα ΑΠΝΔ υπερέχουν από τα FNNs σε προβλήματα βιοπληροφορικής.

Επίσης, συγκρίνοντας την παραλλαγή του αλγόριθμου PSO με το βάρος αδράνειας σε σχέση με την παραλλαγή με το παράγοντα περιορισμού, δεν παρατηρείται στατιστικά σημαντική διαφορά μεταξύ τους και στα δύο σύνολα δεδομένων. Για το E.coli έχουμε ($p - value = 0.366$) και για το Yeast ($p - value = 0.537$).

5. ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ

Στην παρούσα εργασία προτάθηκε ένα αυτοπροσαρμοζόμενο μοντέλο για πιθανοτικά νευρωνικά δίκτυα. Η προτεινόμενη προσέγγιση ενσωματώνει τον αλγόριθμο Βελτιστοποίησης Σμήνους Σωματιδίων για αναζήτηση μιας κατάλληλης τιμής της παραμέτρου λείανσης του πιθανοτικού νευρωνικού δικτύου έτσι ώστε να μεγιστοποιηθεί το ποσοστό επιτυχούς ταξινόμησης. Η αποτελεσματικότητα του προτεινόμενου μοντέλου δοκιμάστηκε σε δύο πραγματικά σύνολα δεδομένων από το χώρο της βιοπληροφορικής (E.coli και Yeast) με ενθαρρυντικά αποτελέσματα. Μεταξύ των τριών τεχνικών δειγματοληψίας που χρησιμοποιήθηκαν, δεν παρατηρήθηκε στατιστικά σημαντική διαφορά. Για την περαιτέρω διερεύνηση των δυνατοτήτων του, το μοντέλο συγκρίθηκε με μοντέλα νευρωνικών δικτύων εμπρόσθιας τροφοδότησης εκπαιδευμένα με τον αλγόριθμο R-PROP. Οι συγκρίσεις έδειξαν ότι το ΑΠΝΔ πέτυχε στατιστικά σημαντική ανώτερη απόδοση τόσο στο Yeast όσο και στο E.coli. Επίσης πρέπει να αναφερθεί ότι το ΑΠΝΔ είναι πιο γρήγορο στην εκπαίδευσή του από το FNN.

Μελλοντικά θα ερευνήσουμε τη γενίκευση του προτεινόμενου αυτοπροσαρμοζόμενου σχήματος στον καθορισμό πίνακα παραμέτρων λείανσης του πυρήνα, με στόχο την περαιτέρω βελτίωση της απόδοσης των ΠΝΔ. Επίσης θα εφαρμόσουμε και άλλες διαφορετικές εξελικτικές υπολογιστικές τεχνικές.

6. ΕΥΧΑΡΙΣΤΙΕΣ

Ευχαριστούμε το Επιχειρησιακό Πρόγραμμα Εκπαίδευσης και Αρχικής Επαγγελματικής Κατάρτισης II (ΕΠΕΑΕΚ II) και συγκεκριμένα το πρόγραμμα ΗΡΑΚΛΕΙΤΟΣ για τη χρηματοδότηση της παραπάνω εργασίας.



ABSTRACT

In this paper a new model called Self Adaptive Probabilistic Neural Network is proposed. This new model incorporates the Particle Swarm Optimization algorithm in order to optimize the spread (smoothing) parameter of the kernel of the probabilistic neural network. Using this algorithm, a better effectiveness of the network

is achieved. The performance of the proposed model is evaluated on two real-world data sets from the field of bioinformatics and is compared with feed forward neural networks with promising results.

ΑΝΑΦΟΡΕΣ

- Berthold, M. & Diamond, J. (1998): Constructive Training of Probabilistic Neural Networks, *Neurocomputing*, 167–183.
- Clerc, M. & Kennedy, J. (2002): The Particle Swarm–Explosion, Stability, and Convergence in a Multidimensional Complex Space, *IEEE Trans. Evol. Comput.*, 6, 1 58–73.
- Horton, P. & Nakai, K. (1996): A Probabilistic Classification System for Predicting the Cellular Localization Sites of Proteins, *Proceedings of 4th International Conference on ISMB*, 109–115.
- Kennedy, J. & Eberhart, R. (2001): *Swarm Intelligence*, Morgan Kaufmann Publishers.
- Magoulas, G. D. (2004): Building diverse neural ensembles for bioinformatics applications. *Sp. sess. proc. EUNITE 2004 Symp.*, pages 5–14, Aachen, Germany, 2004.
- Parsopoulos, K. E. & Vrahatis, M. N. (2002): Recent Approaches to Global Optimization Problems Through Particle Swarm Optimization, *Natural Computing*, 1, 2–3 235–306.
- Parzen, E. (1962): On the estimation of a probability density function and mode. *Annals of Mathematical Statistics*, 3, 1065–1076.
- Riedmiller, M. & Braun, H. (1993): A Direct Adaptive Method for Faster Backpropagation Learning: The RPROP Algorithm. *Proceedings of the IEEE International Conference on Neural Networks, San Francisco, CA*, 586–591.
- Specht, D. F. (1990): Probabilistic Neural Networks. *Neural Networks*, 1, 3 109–118.
- Specht, D. F. & Romsdahl, H. (1994): Experience with Adaptive Probabilistic Neural Network and Adaptive General Regression Neural Network. *Proceedings of the IEEE International Conference on Neural Networks*, 2, 1203–1208.
- Tan, A. C. & Gilbert, D. (2003): An Empirical Comparison of Supervised Machine Learning Techniques in Bioinformatics, *Proceedings of the 1st Asia Pacific Bioinformatics Conference (APBC 2003)*, 219–222.