



**ΘΕΜΑΤΑ ΔΑΣΟΛΟΓΙΑΣ ΚΑΙ ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗΣ
ΠΕΡΙΒΑΛΛΟΝΤΟΣ ΚΑΙ ΦΥΣΙΚΩΝ ΠΟΡΩΝ**

**Κλιματική Αλλαγή:
Διεπιστημονικές Προσεγγίσεις**

**7^{ος}
τόμος**

Επιμέλεια

Ευάγγελος Ι. Μανωλάς

Ευάγγελος Δ. Πρωτοπαπαδάκης

**ΕΚΔΟΣΗ ΤΜΗΜΑΤΟΣ ΔΑΣΟΛΟΓΙΑΣ ΚΑΙ
ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗΣ ΠΕΡΙΒΑΛΛΟΝΤΟΣ ΚΑΙ
ΦΥΣΙΚΩΝ ΠΟΡΩΝ ΤΟΥ Δ.Π.Θ.**

**ΓΕΝΕΤΙΚΗ ΤΑΥΤΟΠΟΙΗΣΗ ΧΩΡΟΚΑΤΑΚΤΗΤΙΚΩΝ ΕΙΔΩΝ ΜΕ
ΕΞΕΛΙΓΜΕΝΕΣ ΜΕΘΟΔΟΥΣ ΤΕΧΝΗΤΗΣ ΝΟΗΜΟΣΥΝΗΣ:
Η ΠΕΡΙΠΤΩΣΗ ΤΟΥ ΑΣΙΑΤΙΚΟΥ ΚΟΥΝΟΥΠΙΟΥ ΤΙΓΡΗΣ
(Aedes albopictus)**

Κωνσταντίνος Δεμερτζής

Εργαστήριο Δασικής Πληροφορικής
Τμήμα Δασολογίας και Διαχείρισης Περιβάλλοντος και Φυσικών Πόρων
Σχολή Επιστημών Γεωπονίας και Δασολογίας
Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης
E-mail: kdemertz@fmenr.duth.gr

Λάζαρος Ηλιάδης

Εργαστήριο Δασικής Πληροφορικής
Τμήμα Δασολογίας και Διαχείρισης Περιβάλλοντος και Φυσικών Πόρων
Σχολή Επιστημών Γεωπονίας και Δασολογίας
Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης
E-mail: liliadis@fmenr.duth.gr

ΠΕΡΙΛΗΨΗ

Μια από τις άμεσες συνέπειες της κλιματικής αλλαγής εντοπίζεται στην εξάπλωση των χωροκατακτητικών ειδών, τα οποία συνιστούν μια σοβαρή και ταχέως επιδεινούμενη απειλή για τη φυσική βιοποικιλότητα του γηγενούς περιβάλλοντος, αλλά και γενικότερα της χλωρίδας, της πανίδας, ακόμα και του ανθρώπινου πληθυσμού ενός τόπου. Χαρακτηριστική περίπτωση χωροκατακτητικού είδους το οποίο συνιστά σοβαρότατη απειλή για τον άνθρωπο είναι το ασιατικό κουνούπι τίγρης (*Aedes albopictus*), το οποίο έφτασε στην Ευρώπη μέσω του εμπορίου μεταχειρισμένων ελαστικών αυτοκινήτων. Είναι φορέας τουλάχιστον 22 ιών, συμπεριλαμβανομένων του ιού του δυτικού Νείλου του δάγκειου πυρετού, της εγκεφαλίτιδας, καθώς και διάφορων παράσιτων που προκαλούν φιλαρίαση. Η εν λόγω εργασία προτείνει την δημιουργία ενός συστήματος τεχνητής νοημοσύνης, το οποίο πραγματοποιεί εκτεταμένες συγκρίσεις σε πρωτεϊνικές και DNA ακολουθίες, προκειμένου να αναγνωρίσει και κατηγοριοποιήσει σωστά το ασιατικό κουνούπι τίγρης, σε σύγκριση με άλλα είδη κουνουπιών. Συγκεκριμένα, εξάγονται τα χαρακτηριστικά των ακολουθιών που είναι γνωστά και ως DNA Barcodes και πραγματοποιείται μια προσέγγιση ταξινόμησης με τη χαρτογράφηση των αρχικών δεδομένων σε ένα σύνολο σημείων στο χώρο, γεγονός που καθιστά ευκολότερο τον εντοπισμό των πολύπλοκων σχέσεων τους. Υιοθετούνται λοιπόν αλγόριθμοι μηχανικής μάθησης για την αυτόματη αναγνώριση του γενετικού κώδικα του ασιατικού κουνουπιού τίγρης. Αυτό γίνεται με βάση τα πιο σύγχρονα Τεχνητά Νευρωνικά Δίκτυα (ΤΝΔ) τρίτης γεννεάς (Evolving Spiking Neural Networks - Εξελικτικά Νευρωνικά Δίκτυα Αιχμής) τα οποία ακολουθούν με ιδιαίτερο ρεαλισμό την πραγματική λειτουργία του ανθρώπινου εγκεφάλου. Για την αξιολόγηση της αποτελεσματικότητας του προτεινόμενου προτύπου, πραγματοποιήθηκε εκτεταμένη

σύγκριση με διάφορους τύπους νευρωνικών δικτύων καθώς και αντίστοιχες μεθόδους μηχανικής μάθησης.

Λέξεις κλειδιά: *Κλιματική αλλαγή, χωροκατακτητικά είδη, κουνούπι τίγρης Aedes Albopictus, γενετικός ραβδοκόδικας, εξελικτική μηχανική μάθηση, τεχνητά νευρωνικά δίκτυα*

Εισαγωγή

Κλιματική αλλαγή και χωροκατακτητικά είδη

Ο όρος κλιματική αλλαγή αναφέρεται στην μεταβολή του παγκόσμιου κλίματος και ειδικότερα σε μεταβολές των μετεωρολογικών συνθηκών που εκτείνονται σε μεγάλη χρονική κλίμακα, περιλαμβάνοντας στατιστικά σημαντικές διακυμάνσεις ως προς τη μέση κατάστασή του, ή την μεταβλητότητά του, σε χρονικό ορίζοντα δεκαετιών και άνω. Οι κλιματικές αλλαγές οφείλονται σε φυσικές διαδικασίες, καθώς και σε ανθρώπινες δραστηριότητες, όπως η τροποποίηση της σύνθεσης της ατμόσφαιρας.

Οι δυνητικές επιπτώσεις τις κλιματικής αλλαγής στα οικοσυστήματα είναι εμφανείς σε διάφορα επίπεδα της βιολογικής οργάνωσης και ιδιαίτερα στις διαταραχές που παρατηρούνται στην βιοπικουλιότητα, στις τροποποιήσεις στο επίπεδο της βιοκοινωνίας, στον αφανισμό οργανισμών και στην εμφάνιση χωροκατακτητικών ειδών.

Χωροκατακτητικά ονομάζονται τα είδη που εισέρχονται σε νέους, ξένους βιοτόπους, μπορούν να καταπνίξουν τη φυσική χλωρίδα ή πανίδα και να βλάψουν το περιβάλλον, ενώ εξαιρετικά σημαντικές κρίνονται επίσης οι κοινωνικές και οικονομικές επιπτώσεις τους, όπως για παράδειγμα στην υγεία του ανθρώπου, τη γεωργία, την αλιεία και την παραγωγή τροφίμων. Η μετακίνηση – μετανάστευση των ειδών πραγματοποιείται αναζητώντας συνήθως ψυχρότερο κλίμα, είτε γιατί το φυσικό τους περιβάλλον δεν ικανοποιεί το εύρος θερμοκρασιών στο οποίο μπορούν να επιβιώσουν, είτε γιατί ακολουθούν διάφορα είδη φυτών ή οργανισμών τα οποία μεταναστεύουν σε νέες περιοχές (Robert et al. 2004).

Κουνούπι τίγρης (Aedes Albopictus)

Χαρακτηριστική περίπτωση χωροκατακτητικού είδους το οποίο συνιστά σοβαρότατη απειλή για τον άνθρωπο, είναι το ασιατικό κουνούπι τίγρης (*Aedes (Stegomyia) Albopictus*). Θεωρείται είδος κουνουπιού που κατάγεται από την Ανατολική Ασία και (Βογιατζόγλου & Σαμανίδου, 2011) έφτασε στην Ευρώπη μέσω του εμπορίου μεταχειρισμένων ελαστικών αυτοκινήτων. Πρόκειται για ένα είδος κουνουπιού που φέρει λευκά λείπια ως ενήλικο υπό μορφή λευκής γραμμής στη ραχιαία πλευρά του θώρακα (Σαββοπούλου & Σουλτάνη κ.α. 2011). Τα ενήλικα είναι σχετικά μικρά σε μέγεθος, με ασπρόμαυρο χρωματισμό, ενώ κατά την φαινοτυπική του αναγνώριση μπορεί εύκολα να γίνει σύγχυση με το συγγενές γένος – είδος *Aedes Cretinus*, το οποίο έχει καταγραφεί στην Ελλάδα και την Τουρκία (ECDC 2015). Αναπτύσσει πολλές γενιές το έτος, τρεφόμενο κυρίως με ανθρώπινο αίμα, αλλά και με αίμα θηλαστικών και πτηνών. Τα ωά του αντέχουν στην ξηρασία, ενώ οι προνύμφες του μπορούν να αναπτυχθούν ακόμα και σε μικρές υδάτινες εστίες, όπως δοχεία, κοιλότητες δένδρων ή ελαστικά οχημάτων. Ανάλογα με τη θερμοκρασία και τη διαθεσιμότητα της τροφής το στάδιο της προνύμφης διαρκεί 5-10 ημέρες και της νύμφης 2-3. Τα ενήλικα θηλυκά τα οποία τσιμπούν κατά τη διάρκεια της ημέρας τους

ξενιστές για λήψη αίματος (Βογιατζόγλου & Σαμανίδου 2011), ζουν 4 με 8 εβδομάδες, αλλά μπορεί να επιβιώσουν έως και 3 με 6 μήνες, ενώ το εύρος πτήσης τους είναι γύρω στα 200 μέτρα. Είναι φορέας τουλάχιστον 22 ιών, συμπεριλαμβανομένων του ιού του Δ. Νείλου του δάγκειου πυρετού, της εγκεφαλίτιδας, διάφορων παράσιτων που προκαλούν φιλαρίαση και πολλών αρμοϊών (Chikungunya, Tahyna, Sindbis, Inkoo, Snowshoe Hare Virus, Rift Valley Fever (RVF)). Έχουν παρατηρηθεί υβριδικοί πληθυσμοί με ενδιάμεσα βιολογικά χαρακτηριστικά, που επιδεικνύουν ιδιαίτερα τυχαίες συμπεριφορές ως προς τις διατροφικές τους συνήθειες.

Οι επιπτώσεις αυτών των διαφορετικών συμπεριφορών στην μετάδοση των ασθενειών είναι σημαντικές και ως εκ τούτου προκύπτει η ανάγκη ανάπτυξης μεθόδων, οι οποίες θα επιτρέπουν την έγκυρη ταυτοποίηση των κουνουπιών πριν εκτιμηθεί με ακρίβεια ο ρόλος τους ως φορείς. Δυστυχώς, παρά τις έντονες διαφοροποιήσεις των βιολογικών τους χαρακτηριστικών οι μορφολογικές διαφορές είναι πολύ περιορισμένες γεγονός που δυσχεραίνει την ταυτοποίηση των ειδών του συμπλέγματος βάσει μορφολογίας και κατά συνέπεια την ορθολογική τους διαχείριση.

Η ταξινόμηση του *Aedes Albopictus* με αποκλειστικά φαινοτυπικούς δείκτες (Jean 2014), με δεδομένο ότι πρόκειται για ένα σχετικά σπάνιο και άγνωστο στο ευρύ κοινό είδος, αποτελεί εξαιρετικά δύσκολη και επικίνδυνη διαδικασία, καθώς ούτε οι μεγάλες διαφορές στη μορφολογία, αλλά ούτε και οι σημαντικές ομοιότητες, αντανakλούν τη συγγένεια ή όχι των οργανισμών (species problem) (Miller 2001). Ακόμη σοβαρότερη, κρίνεται η ανάγκη εμπειριστατωμένης και απόλυτα έγκυρης ταυτοποίησης του εν λόγω είδους, στις περιπτώσεις σχεδιασμού προγραμμάτων αντιμετώπισης κουνουπιών, καθώς αποτελεί σοβαρή απειλή για τη δημόσια υγεία (Becker et al. 2010).

Γενετικές μέθοδοι αναγνώρισης και ταυτοποίησης ειδών

Στην προσπάθεια ταυτοποίησης των ειδών προτάθηκαν και εφαρμόστηκαν διάφορες προσεγγίσεις όπως φαινοτυπικοί δείκτες, βιοχημικοί δείκτες, DNA μοριακοί δείκτες, μικροδορυφόροι (SSR + HRM) και χλωροπλαστικοί (DNA Barcoding + HRM).

Η γενετική ταυτοποίηση πραγματοποιείται μέσω σύγκρισης συγκεκριμένων περιοχών του γονιδιώματος με υψηλό βαθμό πολυμορφικότητας. Το γονιδίωμα είναι μια τεράστια συλλογή πληροφοριών οι οποίες οργανώνονται στα χρωμοσώματα του πυρήνα του κυττάρου και στο κυκλικό DNA των μιτοχονδρίων. Οι πληροφορίες αυτές καταγράφονται με τον κώδικα των τεσσάρων γραμμμάτων A, T, C και G που αποτελούν συντομογραφίες των βάσεων αδενίνη, θυμίνη, κυτοσίνη και γουανίνη, αντίστοιχα. Η διαδοχή των βάσεων δίνει την πρωτοδιάταξη του μορίου του DNA, που έχει την ιδιότητα να είναι μοναδική για κάθε οργανισμό και περιέχει τις πληροφορίες εκείνες που είναι υπεύθυνες για την εκδήλωση των βιολογικών λειτουργιών, την οργάνωση και λειτουργία των κυττάρων του και, σε αλληλεπίδραση με το περιβάλλον, τα μοναδικά φαινοτυπικά χαρακτηριστικά κάθε οργανισμού, καθώς και τη διαφοροποίηση και εξέλιξη των οργανισμών.

Σχετικά με τις γενετικές μεθόδους αναγνώρισης και ταυτοποίησης ειδών, στα αρχικά στάδια αφορούσαν ηλεκτροφορήσεις πρωτεϊνών και μεθόδους υβριδισμού. Στη συνέχεια και με την ευρεία χρήση της τεχνικής της αλυσιδωτής αντίδρασης πολυμεράσης (Polymerase Chain Reaction - PCR), αναπτύχθηκαν μοριακοί δείκτες

που απαιτούν μια ελάχιστη ποσότητα δείγματος προς ταυτοποίηση και είναι ικανοί να δώσουν ακριβέστερες απαντήσεις. Οι πλέον πρόσφατες τεχνικές επιχειρούν το διαχωρισμό των ειδών και υβριδίων με τη χρήση αναλύσεων πολυμορφισμών του γονιδίου της κυτοχρωμικής οξειδάσης 1 (CO1) του mtDNA. Πρόκειται για επαναλαμβανόμενες γενετικές αλληλουχίες με μέγεθος 648 ζευγών βάσεων, οι οποίες εμφανίζουν διάφορα αλληλόμορφα στον πληθυσμό. Οι αλληλουχίες του CO1 είναι παρούσες σε εκατοντάδες αντίγραφα ανά κύτταρο, δεν εμπεριέχουν ενθέσεις ή ελλείμματα και όπως κάθε γονίδιο που κωδικοποιεί πρωτεΐνες, η τρίτη θέση των κωδικονίων παρουσιάζει μεγάλο ρυθμό νουκλεοτιδικών υποκαταστάσεων. Αλλαγές στην αμινοξική τους αλληλουχία εμφανίζονται πιο αργά από κάθε άλλο μιτοχονδριακό γονίδιο, βοηθώντας στη διερεύνηση μεγαλύτερων ταξινομικών λεπτομερειών και στον ευκολότερο σχεδιασμό εκκινητών (Μαμούρης, Σαρρή 2012). Ο συνδυασμός των αλληλομόρφων όλων των εξεταζόμενων πολυμορφικών δεικτών είναι ικανός να αποκλείσει ή όχι την γενετική συγγένεια ανάμεσα στα εξεταζόμενα είδη.

Η μέθοδος αυτή η οποία είναι γνωστή και ως DNA Barcoding (γενετικός ραβδοκώδικας) αποτελεί την καλύτερη επιλογή για μελέτες σε επίπεδο ενδοειδικών πληθυσμών και υποειδών, ειδικότερα για τον χαρακτηρισμό υβριδίων, λόγω του ότι εμφανίζουν υψηλά επίπεδα πολυμορφισμού και μπορούν να χρησιμοποιηθούν για να περιγράψουν την γενετική ποικιλότητα μέσα σε πληθυσμούς και να εκτιμήσουν το βαθμό γενετικής διαφοροποίησης μεταξύ των πληθυσμών. Επίσης με την μέθοδο αυτή μπορεί να αναγνωριστούν είδη μελετώντας μόνο υπολείμματά τους καθώς επίσης και σε οποιοδήποτε στάδιο του κύκλου ζωής τους. Ένα ακόμα τεράστιο πλεονέκτημα που παρουσιάζει αυτή η μέθοδος ταξινόμησης είναι ότι μπορεί να ξεχωρίσει είδη που είναι πολύ όμοια μεταξύ τους, κάτι πολύ συχνό στη φύση και έτσι να μειώσει την ασάφεια και την αμφιβολία μεταξύ των ταξινομήσεων (Paul et al. 2003).

Προτεινόμενο σύστημα

Στόχος της μελέτης είναι η δημιουργία ενός εξελιγμένου συστήματος αυτόματης αναγνώρισης από ψηφιακές μηχανές, οι οποίες μέσω των εκτεταμένων συγκρίσεων σε πρωτεϊνικές και DNA ακολουθίες, θα μπορούν να αναγνωρίσουν το άκρως επικίνδυνο για την δημόσια υγεία χωροκατακτητικό είδος κουνουπιού, *Aedes Albopictus*, με γρήγορες και έγκυρες μεθόδους γενετικής ταυτοποίησης. που βασίζονται σε εξελιγμένες τεχνικές υπολογιστικής νοημοσύνης. Συγκεκριμένα στο προτεινόμενο σύστημα, η ταυτοποίηση πραγματοποιείται με τη χρήση εξελικτικών ΤΝΔ αιχμής 3ης γεννεάς (Evolving Spiking Neural Networks) (eSNN). Ο αλγόριθμος αυτός αποτελεί μια από τις πλέον σύγχρονες και αξιόπιστες μεθόδους υπολογιστικής ευφυΐας, που διακρίνεται για την ταχύτητα κατηγοριοποίησης, την υψηλή ακρίβεια καθώς και την γενίκευση μάθησης σε νέα δεδομένα (Kukin & Sboev 2015), (Samanwoy & Adeli 2009). Για την απόδειξη της ανωτερότητας του προτεινόμενου σχήματος, πραγματοποιήθηκε συγκριτική εφαρμογή και ανάλυση αποτελεσματικότητας της προσέγγισης eSNN με άλλες βιολογικά εμπνευσμένες μεθόδους. Τα δεδομένα που χρησιμοποιήθηκαν ήταν πολυπαραμετρικά και υψηλής πολυπλοκότητας.

Βιβλιογραφική ανασκόπηση

Σε αντίθεση με τις πολλές μελέτες με πυρηνικά γονίδια, σχετικά λίγες ταξινομικές μελέτες εστιάστηκαν στο μιτοχονδριακό (mt) DNA και ακόμη λιγότερες μελέτησαν τον πολυμορφισμό του γονιδίου CO1 παρά τη διαγνωσμένη ικανότητά του στη διευθέτηση ταξινομικών προβλημάτων και ανάλυσης της βιοποικιλότητας (Γιατρόπουλος 2013). Στην εργασία του ο Pan Yi (Pan 2005) χρησιμοποιεί μεθόδους μηχανικής μάθησης με διάφορα προηγμένα συστήματα κωδικοποίησης των εισερχόμενων πληροφοριών για να βελτιώσει την ακρίβεια πρόβλεψης σε ένα πρόβλημα σχετικό με την δομή των πρωτεϊνών. Επίσης οι Xin Ma και Χου L. (Xin Ma, Hu L. 2013) πρότειναν μια μέθοδο για τον τρόπο σύγκρισης των πρωτεϊνών με βάση τις πληροφορίες ακολουθίας τους χρησιμοποιώντας ένα σύστημα μηχανικής μάθησης με τον αλγόριθμο υποστήριξης διανυσμάτων (Support Vector Machines - SVM). Τέλος, οι Yu et al. (2015) παρουσίασαν μια αρκετά πολύπλοκη μέθοδο μηχανικής μάθησης για την σύγκριση ακολουθιών και την ταυτοποίηση γενετικής πληροφορίας. Το συγκεκριμένο σύστημα ταυτοποιεί τη γενετική πληροφορία με βάση διαφορετικούς υποχώρους του DNA, με μια συνδυαστική μηχανική μάθηση (ensemble machine learning methods).

Καινοτομία προτεινόμενου συστήματος

Η βασική καινοτομία που προτείνει η συγκεκριμένη εργασία, αφορά στην έκχυση τεχνητής ευφυΐας σε ψηφιακές μηχανές οι οποίες θα μπορούν να ταυτοποιήσουν με βάση το γενετικό υλικό και άρα με μεγάλη ακρίβεια, το είδος των κουνουπιών της κάθε εξεταζόμενης περίπτωσης. Το γεγονός αυτό θα ενισχύσει σημαντικά τις διαδικασίες σχεδιασμού και κατάρτισης καινοτόμων προγραμμάτων αντιμετώπισης προνυμφών με μεθόδους βιολογικής και χημικής καταπολέμησης τους, καθώς και εξελιγμένων τεχνικών αντιμετώπισης ενήλικων κουνουπιών, με βασικό σκοπό τη προστασία της δημόσιας υγείας.

Επίσης, με την προσθήκη ενός συστήματος μηχανικής μάθησης στα συστήματα αναγνώρισης DNA, το οποίο βασίζεται στην εξαιρετικά αποδοτική και ιδιαίτερα γρήγορη προσέγγιση των eSNN, απλοποιείται η διαδικασία και περιορίζεται στο ελάχιστο ο χρόνος που απαιτείται για την εξαγωγή των αποτελεσμάτων της ταυτοποίησης.

Ένα ακόμα καινοτόμο στοιχείο της παρούσας ερευνητικής προσπάθειας, αφορά στον τρόπο συλλογής και επιλογής των δεδομένων, τα οποία προέκυψαν με βάση τις γενετικές ομοιότητες των ειδών σύμφωνα με τον αλγόριθμο FASTA (Gusfield 1997).

Τέλος, καινοτόμο μπορεί να χαρακτηριστεί το γεγονός ότι ο αλγόριθμος των eSNN, ο οποίος μέχρι τώρα έχει χρησιμοποιηθεί με ιδιαίτερη επιτυχία για την επίλυση προβλημάτων μηχανικής (Demertzis, Pliadis 2014 & 2015), προτείνεται πρώτη φορά για χρήση σε ένα σύστημα ανάλυσης DNA, για την επίλυση ενός ιδιαίτερα πολύπλοκου πραγματικού περιβαλλοντικού προβλήματος του τομέα της ασφάλειας και προστασίας της δημόσιας υγείας.

Σύνολα Δεδομένων

Προκειμένου να δημιουργηθούν υψηλής πολυπλοκότητας σενάρια και κατάλληλα και αντιπροσωπευτικά σύνολα δεδομένων, ικανά να εκπαιδεύσουν το eSNN ώστε να είναι σε θέση να γενικεύσει, χρησιμοποιήθηκε ο ευρετικός αλγόριθμος σύγκρισης

ακολουθιών βιολογικών δεδομένων FASTA. Με την βοήθεια του εν λόγω αλγορίθμου πραγματοποιήθηκαν εκτεταμένες συγκρίσεις σε πρωτεϊνικές και DNA ακολουθίες του κουνουπιού *Aedes Albopictus*, με αντίστοιχα είδη κουνουπιών της βάσης δεδομένων Barcode of Life Data – BOLD (Ivanova et al. 2005), ώστε να επιλεγούν αυτά τα οποία παρουσιάζουν υψηλές γενετικές ομοιότητες. Από την διαδικασία αυτή δημιουργήθηκαν 2 υψηλής πολυπλοκότητας σύνολα δεδομένων (datasets) με 287 ανεξάρτητες μεταβλητές το καθένα. Θα πρέπει να επισημανθεί ότι κατά την προεπεξεργασία των δεδομένων πραγματοποιήθηκε μετατροπή των γενετικών πληροφοριών που καταγράφονται με τον κώδικα των τεσσάρων γραμμάτων A, T, C και G στα DNA barcodes των υπό εξέταση ειδών, σε αριθμητικά δεδομένα.

Το πρώτο σύνολο δεδομένων ονομάστηκε Binary_Dataset και περιλαμβάνει 1553 δείγματα γενετικού υλικού κουνουπιών από τα οποία 1067 δείγματα διαφόρων κουνουπιών και 486 δείγματα του *Aedes Albopictus*. Το δεύτερο σύνολο δεδομένων ονομάστηκε Multiclass_Dataset και περιλαμβάνει 3578 δείγματα γενετικού υλικού κουνουπιών της οικογένειας *Aedes* τα οποία κατατάσσονται σε 123 κλάσεις, από τα οποία 486 δείγματα *Aedes Albopictus*.

Μεθοδολογία

Evolving Spiking Neural Network (eSNN)

Τα eSNN είναι ένας τύπος των πλέον σύγχρονων νευρωνικών δικτύων 3ης γενιάς των λεγόμενων Spiking νευρωνικών δικτύων, τα οποία λειτουργούν με ερεθισμούς και εγέρσεις ή αιχμές (spikes) για την μετάδοση της πληροφορίας (Kasabov 2006). Υιοθετείται το πρότυπο Thorpe (Thorpe & Gautrais 1998, Thorpe et al. 2001), κατά το οποίο ενισχύεται η σπουδαιότητα των spikes που λαμβάνουν χώρα σε προγενέστερο χρόνο και η συναπτική πλαστικότητα χρησιμοποιείται για την επίβλεψη του αλγορίθμου μάθησης. Η τοπολογία των eSNN είναι αυστηρά εμπρόσθιας τροφοδοσίας (strictly feed-forward), οργανώνονται σε διάφορα επίπεδα και η τροποποίηση των βαρών πραγματοποιείται στις συνάψεις μεταξύ των νευρώνων στα επίπεδα εισόδου, εξόδου, καθώς και στο κρυφό επίπεδο. Η διαδικασία ταξινόμησης περιλαμβάνει την μετατροπή του συνόλου δεδομένων της εισερχόμενης πληροφορίας σε μια ακολουθία από spikes χρησιμοποιώντας μια τεχνική κωδικοποίησης η οποία ονομάζεται Rank Order Population Encoding (ROPE), ενώ η διαδικασία εκπαίδευσης ακολουθεί την τεχνική One-Pass Learning Algorithm (OPLA) (Kasabov 2006).

Rank Order Population Encoding (ROPE)

Πρόκειται για έναν αλγόριθμο ιεραρχικής τοποθέτησης των ενεργών νευρώνων ο οποίος χρησιμοποιείται για την κωδικοποίηση της εισερχόμενης πληροφορίας. Επιτρέπει τη χαρτογράφηση των φορέων των πραγματικών τιμών σε μια ακολουθία από spikes. Μια παραλλαγή της μεθόδου χρησιμοποιείται από τον eSNN αλγόριθμο, η οποία με την βοήθεια επικαλυπτόμενων πεδίων ευαισθησίας, κωδικοποιεί συνεχόμενες τιμές με την χρήση νευρώνων. Με την μέθοδο αυτή η οποία ονομάζεται ROPE με Γκαουσιανά Δεκτικά Πεδία (ΓΔΠ) (Gaussian Receptive Fields (ROPE-GRF)), επιτρέπεται η αντιστοίχιση των πραγματικών τιμών ενός συνόλου δεδομένων, σε μια ακολουθία από spikes με βάση ένα σύνολο δεκτικών πεδίων, τα οποία επιτρέπουν την κωδικοποίηση συνεχών τιμών χρησιμοποιώντας ένα σύνολο

νευρώνων με επικαλυπτόμενα προφίλ ευαισθησίας (receptive fields) (Wysoski et al. 2006, Schliebs et al. 2009).

One-Pass Learning Algorithm (OPLA)

Σκοπός αυτής της μεθόδου μάθησης είναι να δημιουργήσει ένα αποθετήριο εκπαιδευμένων νευρώνων εξόδου κατά τη διάρκεια της παρουσίασης των δειγμάτων εκπαίδευσης. Μετά την παρουσίαση ενός δείγματος εισόδου, η αντίστοιχη ακολουθία αιχμών (spike train) διαδίδεται μέσω του δικτύου το οποίο μπορεί να οδηγήσει στην πυροδότηση ορισμένων νευρώνων εξόδου. Εάν ένας ή περισσότεροι νευρώνες εξόδου πληρούν τα κριτήρια, εκπέμπεται σήμα (spike). Ο νευρώνας με το μικρότερο χρόνο απόκρισης μεταξύ όλων των ενεργοποιημένων νευρώνων εξόδου προσδιορίζεται ως ο κυρίαρχος νευρώνας. Η ετικέτα του κυρίαρχου νευρώνα αντιπροσωπεύει το αποτέλεσμα της ταξινόμησης για το δείγμα εισόδου. Στη συνέχεια, το συναπτικό βάρος του εκπαιδευμένου νευρώνα συγκρίνεται με τα βάρη που αντιστοιχούν σε νευρώνες που βρίσκονται ήδη αποθηκευμένα στο αποθετήριο εκπαιδευμένων νευρώνων. Δύο νευρώνες θεωρούνται «παρόμοιοι» αν η ελάχιστη Ευκλείδεια απόσταση μεταξύ των διανυσμάτων των συναπτικών βαρών τους, είναι μικρότερη από ένα καθορισμένο όριο ομοιότητας (similarity threshold). Στην περίπτωση αυτή τα κατώφλια εκπομπής αιχμών (firing thresholds) και τα συναπτικά βάρη συγχωνεύονται. Η συγχώνευση υλοποιείται με το μέσο όρο των βαρών σύνδεσης και των δύο ορίων πυροδότησης. Εάν δεν υπάρχει άλλος παρόμοιος νευρώνας στο αποθετήριο με τον εκπαιδευμένο νευρώνα, ο νευρώνας προστίθεται στο αποθετήριο ως νέος νευρώνας εξόδου. Η μάθηση δημιουργεί επαναληπτικά αποθετήρια νευρώνων εξόδου, με ένα αποθετήριο για κάθε κατηγορία ή κλάση. Λόγω της εξελικτικής φύσης του δικτύου, είναι δυνατόν να αποκτήσει γνώσεις καθώς αυτές καθίστανται διαθέσιμες από τα δείγματα δεδομένων, χωρίς την απαίτηση της εκ νέου εκπαίδευσης (Wysoski et al. 2006, Schliebs et al. 2009).

Διαδικασία Γενετικής Ταυτοποίησης με τον Αλγόριθμο eSNN

Προκειμένου να χρησιμοποιηθεί ο αλγόριθμος eSNN για την γενετική ταυτοποίηση του *Aedes Albopictus*, ακολουθείται η αλγοριθμική διαδικασία που περιλαμβάνει τα παρακάτω βήματα:

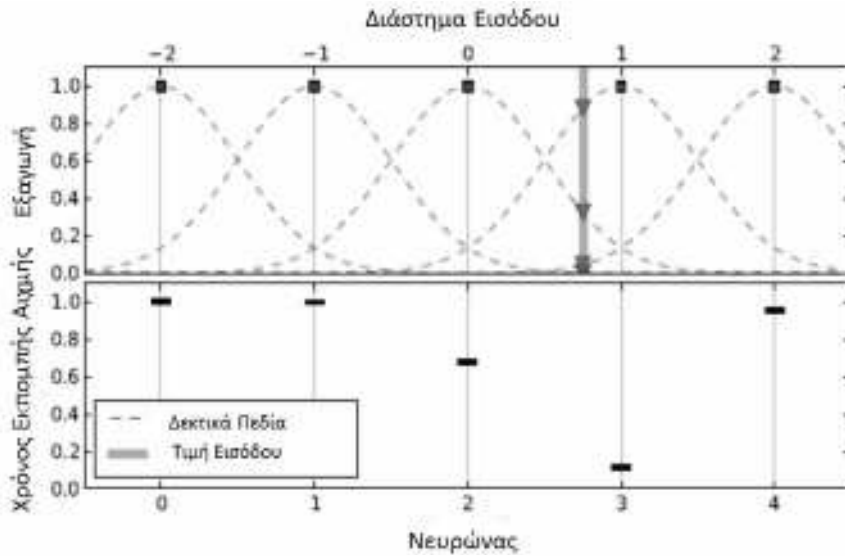
Βήμα 1ο: Κωδικοποίηση κάθε μεταβλητής εισόδου των δημιουργηθέντων συνόλων δεδομένων, με την τεχνική ROPE-ΓΔΠ, από ένα σύνολο από M μονοδιάστατα δεκτικά πεδία. Για κάθε μεταβλητή n ορίζεται το διάστημα $[I_{min}^n, I_{max}^n]$ το οποίο καθορίζει το μέγεθος των δεκτικών πεδίων στο οποίο θα κωδικοποιηθεί η εισερχόμενη πληροφορία.

Το ΓΔΠ για το νευρώνα i δίνεται από το κέντρο μ_i όπως παρακάτω (Kasabov 2006, Wysoski et al. 2006, Schliebs et al. 2009):

$$\mu_i = I_{min}^n + \frac{2i-3}{2} \frac{I_{max}^n - I_{min}^n}{M-2} \quad (\text{Συνάρτηση 1})$$

και από το πλάτος σ όπως παρακάτω: $\sigma = \frac{1}{\beta} \frac{I_{max}^n - I_{min}^n}{M-2}$ (Συνάρτηση 2)

με $1 \leq \beta \leq 2$ (η παράμετρος β καθορίζει το πλάτος του κάθε ΓΔΠ).



Εικόνα 1. Rank Order Population Encoding με Γκαουσιανά Δεκτικά Πεδία.

Βήμα 2ο: Πραγματοποιείται εκπαίδευση του δικτύου με τον αλγόριθμο μάθησης OPLA. Στόχος του OPLA είναι η δημιουργία των κατάλληλων νευρώνων εξόδου, ο καθένας εκ των οποίων ανήκει σε μια κλάση $l \in L$, σε σχέση με τις κλάσεις του δοθέντος συνόλου δεδομένων. Μετά την είσοδο ενός δείγματος τιμών στο δίκτυο, το αντίστοιχο παραγόμενο σύνολο αλληλουχίας αιχμών (spiketrain) διαδίδεται διαμέσου του eSNN γεγονός που μπορεί να οδηγήσει στην πυροδότηση κάποιων νευρώνων εξόδου. Υπάρχει πιθανότητα να μην ενεργοποιηθούν κάποιοι νευρώνες εξόδου και το δίκτυο να παραμείνει ανενεργό, οπότε στην περίπτωση αυτή το αποτέλεσμα της κατηγοριοποίησης είναι απροσδιόριστο. Στην περίπτωση της εκπομπής ενός περισσοτέρων spikes, ο νευρώνας με το μικρότερο χρόνο απόκρισης από όλους τους ενεργοποιημένους νευρώνες, καθορίζει την κλάση του δείγματος. Ο OPLA δημιουργεί για κάθε κλάση $l \in L$ ένα σύνολο εκπαιδευμένων – εξελιγμένων νευρώνων εξόδου κατά την διάρκεια της διαδικασίας εκπαίδευσης με το δείγμα του συνόλου δεδομένων. Η ακριβής διαδικασία περιγράφεται στον Αλγόριθμο 1 (Kasabov 2006, Wysoski et al. 2006, Schliebs et al. 2009).

Αλγόριθμος 1 (OPLA eSNN)

Απαιτούνται: m_l, s_l, c_l για την κλάση με ετικέτα $l \in L$

- 1: Αρχικοποίησε το αποθετήριο Νευρώνων $R_l = \{\}$
- 2: **για όλα** τα δείγματα $X^{(i)}$ που ανήκουν στην κλάση l **κάνε**
- 3: $w_j^{(i)} \leftarrow (m_l)^{\text{order}(j)}, \forall j | j$ προσυναπτικός νευρώνας του i
- 4: $u_{max}^{(i)} \leftarrow \sum_j w_j^{(i)} (m_l)^{\text{order}(j)}$
- 5: $\theta^{(i)} \leftarrow c_l u_{max}^{(i)}$
- 6: **εάν** $\min(d(w^{(i)}, w^{(k)})) < s_l, w^{(k)} \in R_l$ **τότε**
- 7: $w^{(k)} \leftarrow$ συγχώνευσε $w^{(i)}$ και $w^{(k)}$ σύμφωνα με την Συνάρτηση 3

8: $\theta^{(k)} \leftarrow$ συγχώνευσε $\theta^{(i)}$ και $\theta^{(k)}$ σύμφωνα με την Συνάρτηση 4

9: αλλιώς

10: $R_i \leftarrow R_i \cup \{w^{(i)}\}$

11: τέλος εάν

12: τέλος για

Για κάθε δείγμα εκπαίδευσης i το οποίο ανήκει στην κλάση $l \in L$ ένας νέος νευρώνας εξόδου δημιουργείται και διασυνδέεται πλήρως με το προηγούμενο στρώμα νευρώνων έτσι ώστε οι πραγματικές τιμές των βαρών $w_j^{(i)}$ με $w_j^{(i)} \in R$ να υποδηλώνουν την σύνδεση μεταξύ του προσυναπτικού νευρώνα j και του νέοδημιουργηθέντος νευρώνα i . Στη συνέχεια τα εισερχόμενα spikes διαδίδονται μέσω του δικτύου, με την τιμή του βάρους $w_j^{(i)}$ να υπολογίζεται ακολουθώντας την σειρά διάδοσης του σήματος (spike) διαμέσου της σύναψης

$$j: w_j^{(i)} = (m_i)^{\text{order}(j)}, \forall j | j \text{ προσυναπτικός νευρώνας του } i \text{ (Τύπος 1)}$$

(η παράμετρος m_i είναι ο παράγοντας διαμόρφωσης του νευρωνικού μοντέλου Thorpe. Διαφορετική κλάση ενδέχεται να έχει διαφορετική παράμετρο m_i).

Ο τελεστής $\text{order}(j)$ αντιπροσωπεύει την κατάταξη του spike που εκπέμπεται από τον νευρώνα j . Για παράδειγμα, η κατάταξη του νευρώνα j με $\text{order}(j)=0$ θα πρέπει να ανατεθεί εφόσον ο νευρώνας j είναι ο πρώτος μεταξύ όλων των προσυναπτικών νευρώνων του i που εκπέμπουν κάποιο spike. Κατά παρόμοιο τρόπο κατατάσσονται όλα τα spikes που εκπέμπονται από τους προσυναπτικούς νευρώνες και χρησιμοποιούνται για τον υπολογισμό των αντίστοιχων βαρών.

Το κατώφλι πυροδότησης $\theta^{(i)}$ του δημιουργηθέντα νευρώνα i ορίζεται ως το κλάσμα $c_i \in R$, $0 < c_i < 1$, του μέγιστου πιθανού δυναμικού

$$u_{\max}^{(i)} : \theta^{(i)} \leftarrow c_i u_{\max}^{(i)} \text{ (Τύπος 2)}$$

$$u_{\max}^{(i)} \leftarrow \sum_j w_j^{(i)} (m_i)^{\text{order}(j)} \text{ (Τύπος 3)}$$

(το κλάσμα c_i είναι παράμετρος του νευρωνικού μοντέλου Thorpe. Διαφορετική κλάση ενδέχεται να έχει διαφορετική παράμετρο c_i). Το βάρος κάθε νευρώνα συγκρίνεται με τα βάρη των εκπαιδευμένων – εξελιγμένων νευρώνων που ήδη έχουν αποθηκευτεί. Εάν η ελάχιστη Ευκλείδεια απόσταση μεταξύ των βαρών του νευρώνα i και του εξελιγμένου – εκπαιδευμένου νευρώνα k είναι μικρότερη από ένα καθορισμένο όριο ομοιότητας s_b , οι δύο νευρώνες θεωρούνται παρόμοιοι και έτσι συγχωνεύονται και από τα βάρη και το κατώφλι πυροδότησεως ακολουθώντας την παρακάτω συνάρτηση:

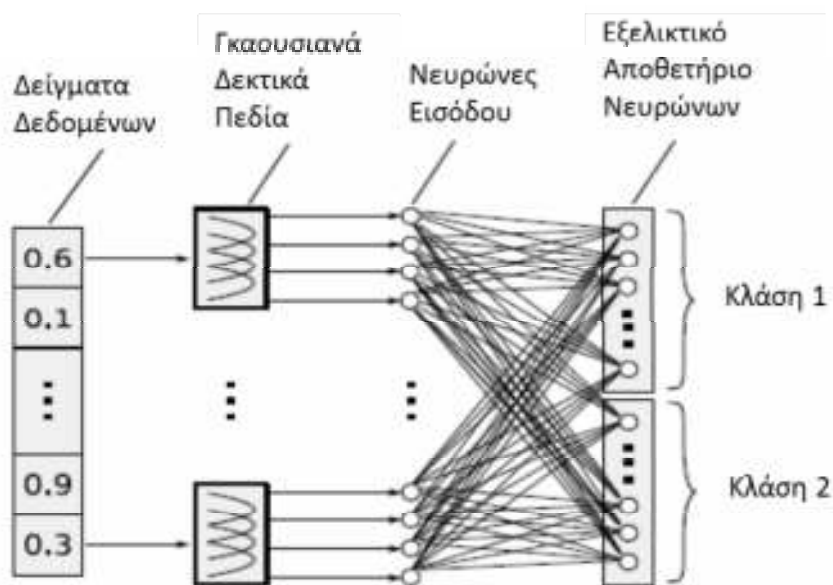
$$w_j^{(k)} \leftarrow \frac{w_j^{(i)} + N w_j^{(k)}}{1+N}, \forall j | j \text{ προσυναπτικός νευρώνας του } i \text{ (Συνάρτηση 3)}$$

$$\theta^{(k)} \leftarrow \frac{\theta^{(i)} + N \theta^{(k)}}{1+N} \text{ (Συνάρτηση 4)}$$

Ο ακέραιος N δηλώνει τον αριθμό των δειγμάτων που χρησιμοποιήθηκαν για την ενημέρωση του νευρώνα k .

Η συγχώνευση υλοποιείται από τον μέσο όρο των δύο βαρών σύνδεσης και από των δύο κατωφλίων πυροδότησης. Μετά την συγχώνευση ο εκπαιδευόμενος νευρώνας i εγκαταλείπεται και συνεχίζει το επόμενο δείγμα. Εάν δεν υπάρχει στο αποθετήριο κάποιος παρόμοιος νευρώνας με τον εκπαιδευόμενο νευρώνα i , ο νευρώνας i τοποθετείται στο αποθετήριο ως νέος νευρώνας εξόδου (Kasabov 2006, Wysoski et al. 2006, Schliebs et al. 2009).

Βήμα 3ο: Πραγματοποιούνται δοκιμές σε τυχαία δείγματα, προκειμένου να ελεγχθεί η απόδοση της μεθόδου και εξάγονται οι μετρήσεις ακρίβειας της ταξινόμησης.



Εικόνα 2. Σχηματική απεικόνιση του τρόπου λειτουργίας του eSNN.

Αποτελέσματα

Η βασική υπόθεση ότι στο Multiclass_Dataset το οποίο παρουσιάζει υψηλή πολυπλοκότητα, θα παρατηρούνταν και χαμηλότερη δυνατότητα απόδοσης των αλγορίθμων μάθησης επιβεβαιώθηκε, καθώς διαπιστώθηκε υψηλότερη συσχέτιση μεταξύ των ανεξάρτητων μεταβλητών και των κλάσεων. Συγκεκριμένα, στο Multiclass_Dataset του οποίου τα δεδομένα προήλθαν από δείγματα γενετικού υλικού κουνουπιών της οικογένειας Aedes τα οποία κατατάσσονται σε 123 κλάσεις και τα οποία παρουσιάζουν υψηλό δείκτη συσχέτισης, ο αλγόριθμος μηχανικής μάθησης eSNN κατάφερε να κατηγοριοποιήσει τα δεδομένα με ακρίβεια η οποία πλησιάζει το 94,2%. Αντίστοιχα στο Binary_Dataset στο οποίο περιλαμβάνονται δείγματα γενετικού υλικού διαφόρων κουνουπιών, παρατηρήθηκαν υψηλότερα αποτελέσματα κατηγοριοποίησης γεγονός που οφείλεται στην χαμηλή γενετική συσχέτιση μεταξύ των υπό εξέταση κουνουπιών και άρα στη χαμηλή πολυπλοκότητα μεταξύ των ανεξάρτητων μεταβλητών και των κλάσεων του συνόλου δεδομένων, με την ακρίβεια να φτάνει το 97,2%.

Σε αυτήν την ερευνητική προσπάθεια εκτός από τα εξελικτικά ΤΝΔ αιχμής πραγματοποιήθηκαν ταξινομήσεις με τους αλγόριθμους Radial Basis Function (RBF)

ANN, Group Methods of Data Handling (GMDH), Polynomial ANN (PANN) και Cascade Neural Networks (CNN).

Για την αντικειμενική λήψη των τελικών αποτελεσμάτων και την ολοκληρωμένη σύγκριση των αλγορίθμων, χρησιμοποιήθηκε η διασταυρωμένη 10πλή επικύρωση δεδομένων (10-fold cross validation), ενώ εξήχθησαν διάφορα μέτρα ακρίβειας αποτελεσματικότητας των ταξινομήσεων (Accuracy, RMSE, Precision, Recall, ROC Area). Τα αποτελέσματα ανά σύνολο δεδομένων και ανά αλγόριθμο, παρουσιάζονται αναλυτικά στους Πίνακες 1 και 2.

Είναι σημαντικό και θα πρέπει να επισημανθεί ότι είναι εξαιρετικά αισιόδοξο το γεγονός ότι τα αποτελέσματα είναι και στις δύο περιπτώσεις ιδιαίτερα υψηλά, γεγονός που επιβεβαιώνει και ενισχύει με τον καλύτερο τρόπο την πρόταση για ενσωμάτωση μεθόδων τεχνητής ευφυΐας σε αυτόματες συσκευές αναγνώρισης DNA.

Πίνακας 1. Αποτελέσματα ταξινόμησης στο Binary_Dataset.

Classifier	Accuracy	RMSE	Precision	Recall	F-Measure	ROC Area
eSNN	97.8%	0.1160	0,979	0,979	0,979	0,999
RBFNN	89,6%	0.2072	0,897	0,897	0,896	0,979
GMDH	93,5%	0.1266	0,936	0,942	0,935	0,997
PANN	91,4%	0.1929	0,914	0,914	0,914	0,989
CNN	85,2%	0.2176	0,853	0,852	0,852	0,988

Πίνακας 2. Αποτελέσματα ταξινόμησης στο Multiclass_Dataset.

Classifier	Accuracy	RMSE	Precision	Recall	F-Measure	ROC Area
eSNN	94.2%	0.0257	0,937	0,942	0,938	0,989
RBFNN	80,3%	0.1257	0,809	0,809	0,803	0,989
GMDH	90,1%	0.1061	0,901	0,902	0,903	0,996
PANN	89,7%	0.1997	0,898	0,899	0,899	0,987
CNN	81,5%	0.1104	0,815	0,815	0,815	0,988

Συμπεράσματα

Η εξελιγμένη εφαρμογή υπολογιστικής ευφυΐας που περιγράφηκε, σε συνδυασμό με τα εξαιρετικά αισιόδοξα αποτελέσματα που προέκυψαν, αποτελεί μια αξιόπιστη καινοτόμα πρόταση στην τυποποίηση και το σχεδιασμό πρωτοκόλλων διαχείρισης ασθενειών που προέρχονται από τα κουνούπια και ιδιαίτερα του κουνουπιού τίγρης *Aedes Albopictus*. Συμπερασματικά η απλοποίηση των διαδικασιών ταυτοποίησης θα επιτρέψει την συλλογή

- δεδομένων για την επιδημιολογία των ασθενειών,
- στοιχείων της παρουσίας των διαφόρων ειδών κουνουπιών και της εποχικής διακύμανσης των πληθυσμών τους,
- δεδομένων για την χαρτογράφηση όλων των εστιών ανάπτυξης προνυμφών κουνουπιών,
- στοιχείων για τη συμπεριφορά των ενήλικων κουνουπιών και των σημείων ανάπαυσης ή διαχείμασης.

Είναι προφανές ότι η ευρεία εφαρμογή της προτεινόμενης μεθόδου η οποία απλοποιεί και ελαττώνει στο ελάχιστο το κόστος και τον χρόνο γενετικής ταυτοποίησης των κουνουπιών, καθώς και η ευρεία συλλογή των παραπάνω δεδομένων, αποτελεί απαραίτητη προϋπόθεση για την ανάλυση της εμφάνισης και της επιδημιολογίας ασθενειών όπως αυτή που προέρχεται από τον ιό του Δυτικού Νείλου, αλλά και γενικότερα ενός συστήματος διαχείρισης και πρόληψης κινδύνου, με στόχο τη προστασία της δημόσιας υγείας.

Επισκόπηση – Μελλοντικές Κατευθύνσεις

Μια καινοτόμος μέθοδος υπολογιστικής ευφυΐας με την χρήση eSNN παρουσιάστηκε στην εν λόγω εργασία, η οποία και δοκιμάστηκε με ιδιαίτερη επιτυχία ως προσθήκη σε ένα εξελικτικό σύστημα αναγνώρισης και ταυτοποίησης DNA, για τον έλεγχο και την αυτόματη αναγνώριση από ψηφιακές μηχανές, του άκρως επικίνδυνου για την δημόσια υγεία χωροκατακτητικού είδους κουνουπιού τίγρης, *Aedes Albopictus*. Συγκεκριμένα παρουσιάστηκε ένα ιδιαίτερα αποτελεσματικό, καινοτόμο και εξαιρετικά γρήγορο σύστημα μηχανικής μάθησης, το οποίο πραγματοποιεί ταυτοποίηση με βάση εκτεταμένες συγκρίσεις σε πρωτεϊνικές και DNA ακολουθίες, που είναι γνωστές και ως DNA barcodes, προκειμένου να ταυτοποιήσει γενετικά το κουνούπι *Aedes Albopictus*. Η βασική καινοτομία που εισάγει το προτεινόμενο σχήμα, αφορά την έκχυση τεχνητής ευφυΐας στις ψηφιακές μηχανές αναγνώρισης DNA, γεγονός που ενισχύει σημαντικά τις διαδικασίες ελέγχου μετάδοσης των ασθενειών και προστασίας της δημόσιας υγείας. Για την αξιολόγηση της προτεινόμενης προσέγγισης έγινε εφαρμογή σε ιδιαίτερα επίπονα σενάρια.

Μια από τις μελλοντικές ερευνητικές κατευθύνσεις που θα μπορούσαν να προάγουν το προτεινόμενο σύστημα, αφορά την υλοποίηση του σε ένα υβριδικό σχήμα, στο οποίο θα συνδυάζονται διαφορετικές μέθοδοι μάθησης (semi-supervised and unsupervised learning), για τον εντοπισμό και την αξιοποίηση της κρυμμένης γνώσης μεταξύ των ανομοιογενή δεδομένων που ενδέχεται να προκύψουν. Επίσης, η χρησιμοποίηση τεχνικών μείωσης παραμέτρων (feature or dimensionality reduction) όπως της Principal Component Analysis, καθώς και αντίστοιχων μεθόδων επιλογής των καταλληλότερων χαρακτηριστικών (feature selection) όπως της search based

method with Genetic Algorithm. Ακόμη η χρησιμοποίηση αντίστοιχων εξελιγμένων μεθόδων τεχνητής ευφυΐας όπως των Extreme Learning Machines, στην επίλυση του ίδιου προβλήματος. Τέλος, πολύ ενδιαφέρουσα κρίνεται η περίπτωση της υλοποίησης του εν λόγω συστήματος με τη χρήση κάποιας ευρετικής μεθόδου βελτιστοποίησης, όπως πχ ενός γενετικού αλγόριθμου.

Βιβλιογραφία

I. Ελληνόγλωσση

- Βογιατζόγλου-Σαμανίδου, Α. (2011). Τα κουνούπια της Ελλάδας. Μορφολογία, Βιολογία, Δημόσια Υγεία, Κλειδες προσδιορισμού, Αντιμετώπιση. Αθήνα: Εκδόσεις Αγροτύπος.
- Γιατρόπουλος, Α. (2013) Υγειονομική σημασία του Ασιατικού κουνουπιού τίγρης. Ανακτήθηκε στις 2 Μαΐου 2015 από <http://www.conops.gr/public-health-tiger/>
- Μαμούρης, Ζ., Σαρρή, Κ. (2012). Ειδικό πρόγραμμα ελέγχου για τον ιό του Δυτικού Νείλου και την ελονοσία, ενίσχυση της επιτήρησης στην ελληνική επικράτεια. Ανακτήθηκε στις 5 Μαΐου 2015 από <http://www.malwest.gr/>
- Σαββοπούλου-Σουλτάνη, Μ., Ανδρεάδης, Α., Σουλτάνη-Ζουρουλίδη, Χ. (2011). Έντομα και άλλα αρθρόποδα υγειονομικής σημασίας. Θεσσαλονίκη: Εκδόσεις Publish City.

II. Ξενόγλωσση

- Becker, N., Petrić, D., Zgomba, M., Boase, C., Madon, M., Dahl, C., Kaiser, A. (2010). Mosquitoes and their Control. 2nd edition. Berlin: Springer-Verlag.
- Demertzis, K., Iliadis, L. (2015). Evolving smart URL filter in a zone-based policy firewall for detecting algorithmically generated malicious domains. In: Gammernan, A., Vovk, V., Papadopoulos, H. (Eds). Statistical Learning and Data Sciences. Proceedings of the Third International Symposium, Egham, April 20-23, 2015. Berlin: Springer-Verlag, pp 223-233.
- Demertzis, K., Iliadis, L. (2014). Bio-inspired hybrid intelligent method for detecting android malware. In: Papadopoulos, G.A. (Ed). Advances in Intelligent Systems and Computing. Proceedings of the 9th International Conference on Knowledge, Information and Creativity Support Systems, Limassol, November 6-8, 2013. Berlin: Springer-Verlag (in progress).
- Demertzis, K., Iliadis, L. (2014). Evolving computational intelligence system for malware detection. In: Iliadis, L., Papazoglou, M., Pohl, K. (Eds). Advanced Information Systems Engineering Workshops. Proceedings of the International Workshops, Thessaloniki, June 16-20, 2014. Berlin: Springer-Verlag, pp pp 322-334.
- Demertzis, K., Iliadis, L. (2015). Bio-inspired hybrid artificial intelligence framework for cyber security. In: Daras, N.J., Rassias, M.Th. (Eds). Computation, Cryptography, and Network Security. Proceedings of the Second International Conference on Cryptography and Its Applications in the Armed Forces, Athens, April 2. Berlin: Springer-Verlag pp 161-193.
- Demertzis, K., Iliadis, L. (2014). A hybrid network anomaly and intrusion detection approach based on evolving spiking neural network classification. In: Sideridis, A.B., Kardasiadou, Z., Yialouris, K.P., Zorkadis, V. (Eds). E-Democracy, Security, Privacy and Trust in a Digital World. Proceedings of the

- 5th International Conference, E-Democracy, Athens, December 5-6, 2013. Berlin: Springer-Verlag, pp. 11-23.
- ECDC (2015). Ανακτήθηκε στις 5 Μαΐου 2015 από: <http://ecdc.europa.eu/en/healthtopics/vectors/mosquitoes/Pages/aedes-albopictus.aspx>
- Gusfield, D. (1997). Algorithms on Strings, Trees and Sequences. Cambridge: Cambridge University Press.
- Jean, S. (2014). Tiger mosquito identification / Aedes Albopictus. How to identify tiger mosquito based on pictures. Ανακτήθηκε στις 5 Μαΐου 2015 από <http://tiger-mosquito.info/how-to-identify-the-tiger-mosquito-pictures/>
- Ivanova, N. V., deWaard, J. R., Hajibabaei, M., Hebert, P. D. N. (2005). Protocols for high-volume DNA barcode analysis. Ανακτήθηκε στις 03 Μαΐου 2015 από <http://www.barcodeoflife.org/>
- Kasabov, N. (2006). Evolving Connectionist Systems: The Knowledge Engineering Approach. New York: Springer-Verlag.
- Kukin, K., Sboev, A. (2015). Comparison of learning methods for spiking neural networks. Optical Memory and Neural Networks. Vol. 24, pp. 123-129.
- Miller, W. (2001). The structure of species, outcomes of speciation and the 'species problem': Ideas for paleobiology. Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology. Vol. 176, pp.1-10.
- Paul, D. N. Hebert, Cywinska, A., Ball, S. L., deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. Ανακτήθηκε στις 07 Μαΐου 2015 από <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1691236/pdf/12614582.pdf>.
- Colautti, R., Hugh J. MacIsaac. (2004). A neutral terminology to define 'invasive species'. Diversity and Distributions. Vol. 10, pp. 135-141.
- Samanwoy, G, D., Adeli, H. (2009). Spiking neural networks. International Journal of Neural Systems. Vol 19, pp 295-308.
- Schliebs, S., Defoin-Platel, M., Kasabov, N. (2009). Integrated feature and parameter optimization for an evolving spiking neural network. Advances in Neural Networks Research. Vol. 22, pp. 623-632.
- Thorpe, S. J., Gautrais, J. (1998). Rank order coding. Computational Neuroscience. Berlin: Springer-Verlag.
- Thorpe, S. J., Arnaud, D., Rufin van Rullen. (2001). Spike-based strategies for rapid processing. Neural Networks. Vol. 14, pp. 715-725.
- Wysoski, S. G., Benuskova, L., Kasabov, N. (2006). Adaptive learning procedure for a network of spiking neurons and visual pattern recognition. In Advanced Concepts for Intelligent Vision Systems. Vol. 4179, pp. 1133-1142.
- Xin Ma, Hu L. (2013). Extracting sequence features to predict DNA-binding proteins using support vector machine. Computational and Information Sciences. Vol 1, pp 152-155.
- Yi Pan. (2005). Protein structure prediction and understanding using machine learning methods. Granular Computing, Vol. 1, pp. 17-28.
- Yu, D.J., Hu, J., Li, Q.M., Tang, Z.M., Yang, J.Y., Shen, H.B. (2015). Constructing query-driven dynamic machine learning model with application to protein-ligand binding sites prediction. US National Library of Medicine National Institutes of Health. Vol. 14, pp. 45-58.