

Streszczenie Rozprawy Doktorskiej

Autor: mgr inż. Karol Struniawski

Tytuł: Optimization and Applications of Extreme Learning Machine Method

Niniejsza rozprawa koncentruje się na opracowaniu rozszerzeń i usprawnień, optymalizacji oraz zastosowaniach metody Extreme Learning Machine (ELM) w różnych dziedzinach, ze szczególnym uwzględnieniem a) tworzenia narzędzi programistycznych oraz poszukiwaniu efektywnych energetycznie platform uruchomieniowych dla ELM, b) opracowaniu i realizacji usprawnień algorytmicznych dla ELM oraz c) praktycznych zastosowaniach ELM i innych metod uczenia maszynowego w zadaniach identyfikacji mikroorganizmów ryzosferowych. Taka kolejność odzwierciedla logiczną kolejność badań, ponieważ opracowanie platformy TfELM w części (a) stanowiło podstawę obliczeniową dla wszystkich dalszych eksperymentów i analiz przedstawionych w częściach (b-d).

a) Podstawę pracy stanowi TfELM – stworzona przez autora tej rozprawy od podstaw elastyczna platforma programistyczna napisana w języku Python, w pełni zintegrowana z bibliotekami TensorFlow, CUDA oraz scikit-learn. To otwarte oprogramowanie, dostępne w menadżerze pakietów dla języka Python - PyPI oraz GitHub wspiera 18 wariantów ELM i jest zgodne z konwencjami biblioteki scikit-learn, co umożliwia m.in. automatyczne obliczanie metryk w walidacji krzyżowej, zastosowanie Wyjaśnialnej Sztucznej Inteligencji (eng. Explainable AI) oraz zapisywanie i wczytywanie rozważanych modeli. Przeprowadzone testy wydajnościowe wykazały, że TfELM przewyższa istniejące implementacje pod względem efektywności obliczeń (krótszy czas nauczania i testowania modelu) dzięki zgodności z najnowszymi wersjami bibliotek TensorFlow i CUDA oraz zastosowaniu metod takich jak aproksymacja Nyströma. W rozprawie podjęto także temat wpływu architektury sprzętowej na wydajność algorytmów uczenia maszynowego, w tym ELM. Przeanalizowano możliwości energooszczędnych układów Apple Silicon (M1-M4), porównując ich wydajność z tradycyjnymi konfiguracjami GPU, takimi jak NVIDIA RTX 3090. Wyniki badań potwierdziły, że procesory M2 mogą stanowić efektywną energetycznie alternatywę dla wybranych zadań modeli typu ELM, przy zachowaniu wysokiej wydajności obliczeniowej.

b) Znaczną część pracy poświęcono optymalizacji algorytmicznej ELM. W badaniach nad Metaheurystycznymi Algorytmami (MA) wykazano, że techniki takie jak Salp Swarm Algorithm (SSA) czy Manta Ray Foraging Optimization (MRFO) pozwalają na zwiększenie dokładności modeli ELM. Kolejne badania skupiły się na optymalizacji doboru wartości parametrów dla różnych funkcji aktywacji do ELM za pomocą algorytmów MA, co przyniosło zauważalny wzrost skuteczności klasyfikatorów. Przeprowadzono również kompleksową analizę 36 funkcji aktywacji, w tym też dotąd niewykorzystywanych w ELM funkcji Mish i Sexp, potwierdzając kluczowe znaczenie doboru funkcji aktywacji dla wyników klasyfikacji. W rozprawie szczegółowo przeanalizowano także wpływ losowości wyboru wag w procesie

inicjalizacji wag w ELM. Badania wykazały, że wybór generatora liczb losowych oraz funkcji rozkładu prawdopodobieństwa może znacząco wpłynąć na stabilność i dokładność modeli. Eksperymenty dowiodły, że rozkład Pareto często przewyższał najczęściej stosowane w ELM rozkłady jednostajne.

c) Ważnym elementem pracy jest również testowanie praktycznego zastosowania ELM w analizie obrazów biologicznych (tj. do klasyfikacji bakterii i Chromist zamieszkujących ryzosferę). W serii różnorodnych badań skoncentrowano się na identyfikacji mikroorganizmów glebowych z wykorzystaniem uczenia maszynowego oraz innych technik przetwarzania obrazów (np. filtrowanie, segmentacja, czy ekstrakcja). W jednej z prac porównano efektywność ELM, maszyn wektorów nośnych oraz lasów losowych w klasyfikacji bakterii glebowych. Wyniki wykazały wyższość ELM, w kontekście dopasowania do danych oraz szybkości nauczania i testowania, w zadaniach klasyfikacji pojedynczych komórek wykorzystując stworzoną bibliotekę TfELM do obliczeń oraz usprawnienia sieci na bazie wiedzy ugruntowanej w publikacjach poświęconym optymalizacji sieci ELM. W kolejnych badaniach zastosowano konwolucyjne sieci neuronowe (eng. Convolutional Neural Network, CNN) do identyfikacji grzybów i Chromist potwierdzając efektywność podejścia opartego na analizie pojedynczych instancji nawet przy dużym zróżnicowaniu morfologicznym badanych danych. Najobszerniejsze studium poświęcono automatycznej identyfikacji mikroorganizmów glebowych hodowanych na pożywkach agarowych. Wykorzystując wcześniej stworzony pakiet TfELM, przeanalizowano skuteczność klasyfikatorów ELM i CNN, porównując cechy obliczone ręcznie w zestawieniu z tymi uzyskanymi przy użyciu CNN. Co istotne, cechy wyliczane z obrazu, które obejmowały cechy koloru, tekstury oraz kształtu, okazały się często bardziej skuteczne pod względem dopasowania modelu niż te uzyskane z głębokich sieci konwolucyjnych.

Podsumowując niniejsza rozprawa ma na celu wniesienie istotnego wkładu w rozwój ELM poprzez opracowanie nowoczesnych narzędzi programistycznych takich jak biblioteka TfELM, optymalizację algorytmiczną SSA i MRFO oraz praktyczne zastosowania w analizie obrazów biologicznych. Hipoteza badawcza niniejszej rozprawy zakłada, że ELM może zostać istotnie udoskonalona poprzez rozwój jej technik algorytmicznych - w szczególności dzięki zastosowaniu wspomnianych wcześniej rozszerzeń. Zmiany te nie tylko poprawiają wydajność ELM, ale także poszerzają zakres jego zastosowań w rozwiązywaniu rzeczywistych, opartych na danych problemów. Uzyskane wyniki stanowią solidną podstawę do dalszych badań nad wykorzystaniem ELM i jego wariantów w innych zadaniach uczenia maszynowego.