

Tranzytywność struktur modularnych

Rola, cele i problemy aplikacji w ramach inżynierii wiedzy i kognitywistyki

Adam Fedyniuk

Abstrakt:

Zastosowanie struktury modularnej w ramach różnych rozwiązań tak inżynierskich jak i teoretycznych niesie ze sobą pewne ograniczenia. Problemy te są bardzo widoczne w obrębie dyskursu na temat projektowania modularnych ontologii oraz wdrażania technologii *Semantic Web*. Pomimo szerokiego zakresu problemów związanych z aplikacją modularności w inżynierii wiedzy, istnieje wciąż niewyczerpane źródło innowacji oraz nowoczesnych inspiracji dla przezwyciężania problemów z metamodelowaniem, projektowaniem oraz hybrydyzacją systemów reprezentacji wiedzy. Inspirowanie się naturalnymi przejawami struktur modularnych może stanowić źródło wielu innowacji oraz podłoże dla opracowania nowych podejść tak w dziedzinie inżynierii wiedzy jak i kognitywistyki. Możliwość tak szerokiego zastosowania odkryć z dziedziny proteomiki, konektomiki, neurologii czy biologii systemowej na podłożu interdyscyplinarnym jest związane z tym, że w przypadku modularności, mamy do czynienia ze strukturami, które są obecne w każdej z tych dziedzin. Co więcej opisane są też podobnymi metodami nawiązującymi do teorii sieci jak np. mierzeniem centralności. Z uwagi na nawiązanie do obliczeniowego charakteru struktur modularnych obecnych w rozmaitych dziedzinach o charakterze interdyscyplinarnym, można dotrzeć do konkluzji, że pewne obserwowalne prawidłowości związane ze stopniami i rodzajami centralności są w istocie tranzytywne, bądź przynajmniej mają charakter projekcyjny w odniesieniu do metamodelowania ontologii.

Słowa kluczowe:

metamodelowanie, modularność, inżynieria wiedzy, konektomika, proteomika, centralność, teoria sieci, ontologie, interdyscyplinarność,

Analizując przejawy modularności w naturze, łatwo zauważyć, że wiele struktur tego typu można zaobserwować nawet na poziomie molekularnym. Z uwagi na temat rozprawy, przedstawione teorie i zagadnienia będą miały związek z podejściem inżynierskim do kwestii modularności. Mówiąc ściślej, przedstawiając przykłady modularności w naturze, posiłkowałem będę się teoriami i koncepcjami związanymi z proteomiką, stereoizomerią i biologią systemową.

Wybór tych dziedzin związany jest z wyjątkowymi cechami odkryć, które pozwoliły na rozwinięcie się takich dyscyplin jak bioinformatyka. Cechy, o których tu mowa zazwyczaj wykraczają poza przewidywania przyjętych metodologii w ramach różnych odsłon inżynierii czy informatyki. Przykładem może być tutaj częste przyjmowanie przez dany zaprojektowany system heurystyki dzieł i rządów w wypadku zastosowania modularnej architektury¹.

Zainteresowanie pograniczem informatyki i biologii zawdzięczać można rozwojowi metod sekwencjonowania genomu, których to rozwój nasilił się przez ostatnie 20 lat, z uwagi na szybki postęp technologiczny. Wraz z następującymi odkryciami powstało odrębne zagadnienie, które określa się mianem biokomputacji (*biocomputing*). Biokomputacja (albo biologiczna komputacja) dotyczy metod analizy informatycznej tworzącej komputacyjne podstawy dla diagnostyki genetycznej². Pomimo tego, że głównym celem projektów naukowych związanych z biokomputacją jest wykorzystanie jej narzędzi w proteomice (poszukiwanie biomarkerów nowotworów), jest ona motorem postępu wielu dziedzin z nią związanych, z uwagi na swój interdyscyplinarny charakter (tak jak w przypadku kognitywistyki).

Próbując niejako odwrócić ten proces, zauważalne są starania, aby wykorzystać różnego rodzaju naturalne rozwiązania dla problemów (oczywiście relewantnych z punktu widzenia danej dyscypliny) organizmów żywych. W przypadku analizowania zmian ewolucyjnych w procesie rozwoju życia biologicznego, tym bardziej z perspektywy biologii systemowej oraz proteomiki, łatwo dotrzeć do konkluzji, że natura w istocie jest bardziej inżynierem, aniżeli wynalazcą³. Odwrotnością

1 Azam F., (2000). *Biologically inspired modular neural networks*. Blacksburg, Virginia.

2 Źródło definicji: <http://www.biosino.org/mirror/www.uni-mainz.de/~cfrosch/bc4s/example.html>

3 Jest to postulat *nature as tinkerer* – opisany m.in. w Jacob F. (1977). *Evolution and tinkering*.

biokomputacji w swej idei byłoby właśnie inspirowanie się biologicznymi rozwiązaniami względem problemów danej dziedziny, w przypadku kognitywistyki można byłoby tu mówić wręcz o naśladownictwie albo (biorąc pod uwagę aspekt inżynierski) emulacji/symulacji.

Rozważając zagadnienie modularności można zauważyć, że wyżej wymienione podejścia całkowicie pokrywają się z możliwością eksploracji zastosowań tak modularności funkcjonalnej jak i architekuralnej. W polu projektowania sztucznych sieci neuronowych, posilkowanie się modularnością pozwoliło na tworzenie nie tylko struktur modularnych, ale także funkcji tego rodzaju poprzez budowanie hybrydowych sieci neuronowych⁴.

Hybrydyzacja sieci neuronowych łączy się często z konwersją typowej architektury typu *black box* (sieć rozumiana jako czarna skrzynka, której procesy przetwarzania danych wejściowych znajdują się poza zdalną kontrolą oraz ingerencją) w system niemonolityczny, choć nie zawsze opierający się w znaczącym funkcjonalnie stopniu o modularność. Wraz ze zmianą architektury oraz funkcji systemu zmienia się także jego zastosowanie. Otwarcie systemu monolitycznego oraz uposażenie go w dodatkowe struktury specjalizujące w danej funkcji pozwalają na przezwycięzenie typowych problemów systemów unitarnych takich jak brak mocy obliczeniowej, niestabilność, bądź zbyt spowolnione przetwarzanie danych czy katastroficzna interferencja⁵. Zmiana architektury pozwala także na osiągnięcie lepszych wyników pracy systemu w znacznie krótszym czasie, co jest rezultatem krótszego procesu uczenia się sieci.

Główną zaletą hybrydyzacji sztucznych sieci neuronowych jest możliwość zastosowania ich w dyscyplinach, które nie wymagają posilkowania się strukturami

Science, s. 1161-1166.

Postulat ten podtrzymywany jest też przez teorię ewolucji molekularnej oraz fakt, że większość białek wyewoluowała od wspólnego przodka, a ich konfiguracje potrafią być bardziej bądź mniej preferowane w danych strukturach w obrębie konkretnych gatunków, co potwierdzają badania związane z *Protein Data Bank* - <http://www.rcsb.org/pdb/>

4 Kollia I., Simou G., Stamou G., Stafylopatis A., (2009). *Interweaving Knowledge Representation and Adaptive Neural Networks*, National Technical University of Athens, Workshop on Inductive Reasoning and Machine Learning on the Semantic Web.

5 Jest to rozległe zapominanie przez daną sieć neuronową wcześniej wyuczonej informacji podczas nabywania nowych. Nazywane też katastroficznym zapominaniem.

biologicznymi, jak informatyka. Lecz w przypadku szeroko ujętej biokomputacji aplikacja narzędzi nauk kognitywnych wprowadza zupełnie nowy wymiar rozważań dla problemów skutecznej emulacji funkcji poznawczych oraz ich składowych.

W przypadku mapowania ontologii, korzystanie z sieci neuronowych do tego celu stanowi dobrą podstawę dla budowania ontologii modularnych. Spowodowane jest to tym, że niezbędnym elementem połączenia dwóch istniejących ontologii w ontologię modularną jest znalezienie wspólnych elementów (relacji, obiektów, własności) między nimi. Początkowe projekty sieci IENN (*identical elements neural network*) dały podstawy badawcze dla rozwinięcia tej teorii w stronę sieci, które ze względu na swoją architekturę i trening są w stanie dokonywać rozmaitych operacji na ontologiach, których dziedziny zazębiają się w różnym stopniu, a ich wydajność jest porównywalna z konkurencyjnymi systemami tego typu⁶.

Wykorzystując modularną architekturę przy projektowaniu sieci neuronowych mapujących ontologie (które także ze względu na swoją strukturę mogą być modularne, bądź podatne na proces modularyzacji) można stworzyć system, który będzie pozwalał na łatwiejszą analizę podatności na modularyzację ontologii, sprawdzenie zakresu w jakim ontologia będzie ponownie wykorzystana do reprezentacji danej złożonej dziedziny czy też możliwe, że pozwoli to na zaprojektowanie wszechstronnego systemu (głównie dzięki swojej modularności), który będzie mógł dokonywać takich operacji (o ile dziedziny ontologii będą na to pozwalały) na praktycznie każdej parze ontologii dziedzinowych. Ostatni z postulatów jest długoterminowym celem idei *Semantic Web* i z uwagi na bardzo szybki przyrost zawartości internetu wymaga wieloletnich starań, aby efekty tego rodzaju przedsięwzięć mogłyby być zauważalne.

Obecność architektury modularnej na wielu poziomach rozważań związanych z dyscyplinami naukowymi, a zwłaszcza tymi, które przyczyniają się do interdyscyplinarnego charakteru kognitywistyki dają mocne podstawy dla prób

6 Sieci IENN były podstawą dla OMNN – *ontology mapping neural network* – teorii, która przedstawia zarówno architekturę jak i nowatorskie podejście do zastosowania sieci neuronowej zamiast np. pluginów edytorów ontologii.
Peng, Y., (2010). *Ontology Mapping Neural Network: An Approach to Learning and Inferring Correspondences Among Ontologies*. University of Pittsburgh.

rozwiązywania problemów inżynierii wiedzy poprzez zastosowanie modularności rozległej. Warto jednak nadmienić, że rozwiązania nawiązujące do tej koncepcji powinny być opatrzone jednym zestawem zasad, aby jak najlepiej wykorzystać jedną z największych zalet modularności w tej odsłonie, mianowicie przejrzystości w funkcjonowaniu oraz oszczędności wykorzystywania zasobów systemu.

Przejrzystość procesów systemów rozlegle modularnych wynika z zastosowania heurystyki dzieł i rządów, która sprowadza się do aktywacji tylko niezbędnych do rozwiązania problemu modułów, co pozwala na łatwiejsze prześledzenie procesu w systemie. Dodatkowo, jeżeli system jest także zhierarchizowany, a na każdym z poziomów także występuje pewna forma modularności (mowa tutaj o rozległości modułów nie tylko w obrębie danego poziomu systemu, inaczej mówiąc – o rozległości w orientacji horyzontalnej, lecz o modularności rozległej wertykalnie) można postulować, że taki system będzie przejawiać wyjątkową sprawność w rozwiązywaniu problemów adaptacyjnych.

Obecność struktur modularnych na różnych poziomach systemu jest obecna także w konstytucji neuronalnej człowieka⁷. Co więcej, okazuje się, że aby lepiej zrozumieć wyjaśnianie struktur modularnych w ramach struktur neuronalnych, tak z perspektywy teoretycznej jak i empirycznej, warto posłużyć się teorią sieci. W przypadku układu nerwowego, nie jest to zabieg nowatorski, jednakże jeżeli rozpocznie się rozważać możliwość zastosowania różnego rodzaju narzędzi związanych z analizą sieci, okaże się, że istnieje wiele rozwiązań w tej kwestii.

Przykładem tej różnorodności jest wykształcenie się konektomiki w ramach teorii kognitywistycznych. Pomimo tego, że postulowanie, że konstytucja neuronalna mózgu ma formę sieci jest znany od dawna, lecz to interdyscyplinarny charakter badań pozwolił rozszerzyć pole rozważań nad tą tezą poprzez skorzystanie z narzędzi innych dziedzin nauki jak informatyka, matematyka, fizyka czy bardziej szczegółowo proteomika, biologia systemowa, biokomputacja, biofizyka.

7 Bassett D.S., Greenfield D.L., Meyer-Lindenberg A., Weinberger D.R., Moore S.W., Bullmore E.T., (2010). *Efficient physical embedding of topologically complex information processing networks in brains and computer circuits*. PloS Computer Biology vol. 6.
Honey C.J., Sporns O., Cammoun L., Gigandet X., Thiran J.P., Meuli R., Hagmann P., (2009). *Predicting human resting-state functional connectivity from structural connectivity*. Proceedings of National Academy of Science, USA.

Warto także zwrócić uwagę na fakt, że dyscypliny mające duży wkład w rozwój konektomiki same często miały charakter interdyscyplinarny, a narzędzia i teorie tych dyscyplin mogły odnaleźć swój odpowiednik w rozważaniach z zakresu innych dziedzin. Dlatego też, tak wiele wspólnego mają ze sobą konektomika i proteomika. Przedmioty badań różnią się znacznie, jako, że pierwsza odnosi się do kognitywistyki, druga do biologii systemowej, pierwsza dotyczy podejścia do badania konstytucji neuronalnej mózgu, druga zaś dotyczy funkcjonowania białek i kinaz białkowych. Pomimo tego, metodologia badań w obu przypadkach znajduje wiele wspólnych cech.

Przykładem, który łączy metodologicznie rozważania konektomiki i proteomiki jest pojęcie centralności. Centralność jest pojęciem matematycznym obecnym w teorii grafów oraz teorii sieci; jest to miara relewantności danego wierzchołka izolowanego w danym grafie⁸. Istnieją różne typy centralności, a każdy z nich przedstawia strukturę danej sieci czy grafu w inny sposób. Konceptualizacja typów centralności była związana z rozwojem społecznej analizy sieci⁹. W przypadku sieci społecznych, najczęściej rozważa się 4 rodzaje centralności, a sama centralność w tym przypadku jest miarą istotności członka sieci społecznej. Natomiast całościowo, w teorii sieci przyjmuje się 7 głównych typów centralności¹⁰:

1. stopniowa (*degree centrality*)
2. bliskości (*closeness centrality*)
3. pośrednia (*betweenness centrality*)
4. wektora własnego (*eigenvector centrality*)
5. Katza (*Katz centrality*)
6. Perkolacji (*percolation centrality*)
7. Międzyklikowa (*cross-clique centrality*)

8 Wierzchołek izolowany (ang. *vertex*) jest wierzchołkiem niebędącym końcem żadnej krawędzi grafu.

9 Newman M.E.J., (2010), *Networks: An Introduction*. Oxford University Press.

10 Oprócz wymienionych 7 typów istnieją także inne, jak centralność alfa (bądź też inne jak *outdegree centrality*, *prestige centrality*), która nie znalazła się na tej liście ponieważ jest uogólnieniem centralności wektora własnego, gdzie relewantność węzła w sieci jest uzależniona także od zewnętrznych czynników wpływających na wektory w grafie skierowanym.

Bonacich P., Paulette L., (2001), *Eigenvector-like measures of centrality for asymmetric relations*, Social Networks vol. 23, s. 191-201.

Warto zwrócić uwagę na fakt, że niektóre z typów centralności powstały na potrzeby technologii informacyjnej, jak w przypadku centralności Katza, która jest wykorzystywana przy nadawaniu określonej wartości liczbowej indeksowanym stronom internetowym (która jest wyznacznikiem ich jakości) w wyszukiwarce Google przez algorytm PageRank¹¹. Analiza sieci za pomocą centralności przynosi także pozytywne rezultaty badań w ramach proteomiki oraz kognitywistyki, a w szczególności konektomiki¹². Kiedy rozpocznie się rozważania na temat ludzkiego konektomu jako w pewien sposób scentralizowanej sieci, dotrzeć można do konkluzji, że zachowuje cechy przysługujące systemowi modułarnemu. Systemy scentralizowane w przypadku napotkania błędu wymagają stworzenia ścieżek alternatywnych dla rozwiązania danego problemu. Badając patologię niektórych chorób mózgu jego funkcjonowanie po wprowadzeniu drastycznych zmian do jego neuronalnej konstytucji widoczne są próby zachowania funkcji poznawczych mimo architekuralnej zmiany (jak w przypadku pacjentów poddanych kalozotomii).

Podobnie, rozważając projektowanie ontologii inspirowanych strukturami biologicznymi warto mieć na uwadze tego typu zależności, ponieważ metody mierzenia centralności mogą być również wykorzystane do analizy reprezentacji wizualnych ontologii¹³. Jest to możliwe dzięki temu, że pluginy (jak *Graph-Viz* w programie Protege) stosowane do wizualizacji struktury ontologii przedstawia je jako grafy skierowane.

Przyjmując podejście do projektowania ontologii zakładające inspirację strukturami biologicznymi (przy założeniu, że dana ontologia będzie posiadała cechę modularności) możemy wywnioskować, że pewne formy organizacji obecne w przyrodzie stanowią źródło rozmaitych możliwości aplikacji względem struktur sieci, grafów obecnych w wielu dyscyplinach, zwłaszcza tych o charakterze interdyscyplinarnym. Biorąc pod uwagę narzędzia używane do analizy sieci, możemy

11 Carriere S.J., Kazman R., (1997), *Web Query: Searching and Visualizing the Web through Connectivity*, Computer Networks and ISDN Systems vol. 29, s. 1257-1267.

12 Cheng F., Jia P., Wang Q., Zhao Z., (2014), *Quantitative network mapping of the human kinome interactome reveals new clues for rational kinase inhibitor discovery and individualized cancer therapy*, Oncotarget vol. 15.

Zuo X.N., Ehmke R., Mennes M., Imperati O., Castellanos F.X., Sporns O., Milham M.P., (2012), *Network centrality in the human functional connectome*, Cerebral Cortex vol. 22, s. 1862-1875.

13 Roche C., (2011), *Network analysis of Semantic Web Ontologies*, Stanford CS224W Social and Information Network Analysis.

dotrzeć do konkluzji o modularnym charakterze struktur obecnych na wielu poziomach istnienia (tzn. subkomórkowym, neuronalnym, społecznym itp.) jak i w ramach działania systemów biologicznych oraz wytworzonych sztucznie. Skoro różnego rodzaju narzędzia mogą zostać wykorzystane na każdym z możliwych przypadków, co więcej, dając przy tym wymierne rezultaty w postaci nowej wiedzy dotyczącej działania tych struktur, można postulować o tranzytywności (przechodniości) tych struktur z perspektywy ich aplikacji. Jednocześnie można postulować o innym ujęciu tej własności, mianowicie o projekcyjności struktur modularnych. Różnica polega głównie na tym, że tranzytywność jest pojęciem bardziej powiązaniem logicznym i dotyczy konkretnej relacji (którą zaobserwować można na podstawie wszechstronnego zastosowania takich matematycznych narzędzi jak metody mierzenia centralności sieci) natomiast projekcyjność dotyczy bezpośrednio możliwości przeniesienia, tych samych zależności na inny poziom rozważań. Przykładowo, konkretna miara centralności pokazuje możliwość wytworzenia się odporności na leki przeciwnowotworowe co jest obserwowalne na poziomie szlaków sygnałowych kinaz białkowych, lecz w ramach badań kognitywistycznych, ten sam typ centralności będzie wskaźnikiem wzorców aktywacji w różnych obszarach mózgu podczas wykonywania konkretnych czynności bądź podczas bezczynności (np. analizy *resting-state* lub pracy DMN – *default mode network*).

Sieć scentralizowana i zdecentralizowana jednakże nie musi być modularna. Mierzenie modularności w sieciach złożonych jest wykorzystywane m.in. do odnajdywania struktury społeczności (*community structure*). Centralność natomiast w dużej mierze przyczynia się do odkrywania zależności między obszarami o wysokim stopniu centralności, a tymi gdzie jest ona minimalna. Z drugiej strony, centralność jest wymiernym wyznacznikiem tego, w jakim stopniu można postulować o modularności danej struktury, tym bardziej jeżeli jest ona na tyle złożona, że korzystanie z innych metod tworzenia modułów staje się mało skuteczne (z uwagi na to, że im większa złożoność sieci, tym trudniej o wyznaczenie modułów w pewien „zdalny” sposób, tudzież adaptacji tejże struktury do tej formy). W przypadku analizy sieci, modularność ma swoje stałe miejsce i jest opatrzona odpowiednimi wzorami niezbędnymi do obliczania jej. Jednakże, rozważając samą architekturę modularną w sieciach, zwłaszcza mając na uwadze zastosowania w ramach metamodelowania

różnego typu, można zauważyć, że modularność nie musi być stała i jednoznaczna, jak struktury systemów unitarnych. Metody wyznacznia klik w grafach nieskierowanych, mierzenie współczynnika klastrowania oraz inne metody analizy metryki sieci pozwalają na łatwiejszą identyfikację modułów systemu.

W przypadku systemów dynamicznych, wyznaczenie stałych modułów zawsze stanowiło pewien problem, który w większym bądź mniejszym stopniu był rozwiązywany¹⁴. Na przeciw tym problemom wychodzą rozwiązania konektomiki. Przykładowo, dla dynamicznych systemów, które muszą dostosowywać się do problemów adaptacyjnych, warto rozważyć możliwość zastosowania struktury, która będzie dostatecznie elastyczna, aby wyznaczać swoje moduły *ad hoc* w celu uzyskania optymalnego trybu pracy oraz ostatecznie rozwiązania.

Poza tranzytywnością struktur tak w sieciach neuronowych, społecznych czy nawet w ramach szlaków sygnałowych kinaz białkowych, warto zwrócić uwagę na fakt, że te same struktury mogą zostać utworzone w systemach reprezentacji wiedzy. Dlatego też, aby odnaleźć nowe drogi innowacji w tym zakresie, można zwrócić się w stronę wymienionych wcześniej metod. Przenikanie się rozwiązań w nauce na płaszczyźnie interdyscyplinarnej jest bardzo dobrze widoczne pomiędzy konektomiką, modelowaniem ontologii i proteomiką, gdy rozważy się problemy tych dziedzin przez pryzmat teorii sieci. Co jest wyjątkowo ciekawe, modularna architektura zdaje się być świetną podstawą dla zastosowania tych interdyscyplinarnych narzędzi, a co za tym idzie, także rozwiązań. W tym względzie, proteomika jest bardzo dobrym źródłem inspiracji, ponieważ metody badawcze struktur białek często napotykają problem ogromnej ilości uzyskanych danych, które trudno jest w całości przetworzyć i przeanalizować¹⁵. Ta swoista obfitość danych wciąż czekających na analizę sprawia, że wiele relacji i mechanizmów pracy kinaz białkowych pozostaje nieznanymi, a postęp w dziedzinach związanych z biologią systemową z czasem nie wytracił swojego impetu. Jednocześnie sprawia to, że sieci kinaz białkowych (sieci interaktomowe) jako inspiracje w projektowaniu nowoczesnych systemów

14 Dotyczy to całej historii modularności w nauce, tzn. ramach rozwiązywania problemów metodami programowania obiektowego, metod informatycznych w biologii czy wyjaśniania pracy mózgu w kognitywistyce czy rozwoju tej teorii w filozofii umysłu.

15 Jensen O.N., (2004), *Modification-specific proteomics: characterization of post-translational modifications by mass spectrometry*, Current Opinion in Chemical Biology vol. 8, s. 33–41.

reprezentacji wiedzy mogą okazać się wyjątkowo pojemnym źródłem różnorodnych architektur ułatwiających implementację funkcji w danym systemie.

Bibliografia:

1. Azam F., (2000). *Biologically inspired modular neural networks*. Blacksburg, Virginia.
2. Bassett D.S., Greenfield D.L., Meyer-Lindenberg A., Weinberger D.R., Moore S.W., Bullmore E.T., (2010). *Efficient physical embedding of topologically complex information processing networks in brains and computer circuits*. PloS Computer Biology vol. 6.
3. Bonacich P., Paulette L., (2001), *Eigenvector-like measures of centrality for asymmetric relations*, Social Networks vol. 23
4. Carriere S.J., Kazman R., (1997), *Web Query: Searching and Visualizing the Web through Connectivity*, Computer Networks and ISDN Systems vol. 29
5. Cheng F., Jia P., Wang Q., Zhao Z., (2014), *Quantitative network mapping of the human kinome interactome reveals new clues for rational kinase inhibitor discovery and individualized cancer therapy*, Oncotarget vol. 15.
6. De Las Rivas J., Prieto C., (2012), *Protein interactions: mapping interactome networks to support drug target discovery and selection*, Methods in Molecular Biology.
7. Honey C.J., Sporns O., Cammoun L., Gigandet X., Thiran J.P., Meuli R., Hagmann P., (2009). *Predicting human resting-state functional connectivity from structural connectivity*. Proceedings of National Academy of Science, USA.
8. Jacob F. (1977). *Evolution and tinkering*. Science.
9. Jensen O.N., (2004), *Modification-specific proteomics: characterization of post-translational modifications by mass spectrometry*, Current Opinion in Chemical Biology vol. 8.
10. Kollia I., Simou G., Stamou G., Stafylopatis A., (2009). *Interweaving Knowledge Representation and Adaptive Neural Networks*, National Technical University of Athens, Workshop on Inductive Reasoning and Machine Learning on the Semantic Web.
11. Newman M.E.J., (2010), *Networks: An Introduction*. Oxford University Press.
12. Peng, Y., (2010). *Ontology Mapping Neural Network: An Approach to Learning and Inferring Correspondences Among Ontologies*. University of

Pittsburgh.

13. Roche C., (2011), *Network analysis of Semantic Web Ontologies*, Stanford CS224W Social and Information Network Analysis.
14. Xiao Ch., Tao X., Yun L., Kai W., (2013), *Dynamic modular architecture of protein-protein interaction networks beyond the dichotomy of 'date' and 'party' hubs*, Scientific Reports vol. 3.
15. Zuo X.N., Ehmke R., Mennes M., Imperati O., Castellanos F.X., Sporns O., Milham M.P., (2012), *Network centrality in the human functional connectome*, Cerebral Cortex vol. 22