

2018-01-04

Biologicky motivované výpočtové modely

Biologicky motivované výpočtové modely

Mgr. Michal Kováč

Štefánikova 48, 852 01 Bratislava, Slovensko

17.1.2018

Vážení prítomní, volám sa Michal Kováč a chcel by som vám prezentovať výsledky mojej dizertačnej práce s názvom Biologicky motivované výpočtové modely.

2018-01-04

Biologicky motivované výpočtové modely

V úvode prezentácie vám predstavím rôzne výpočtové modely motivované biológiou. Najviac sme sa venovali P systémom, preto budem pokračovať formálnou definíciou a prehľadom rôznych variantov P systémov.

V druhej časti predstavím 4 témy nášho výskumu, z čoho 3 články boli publikované. V našej práci sme skúmali viaceré varianty P systémov a to konkrétne Sekvenčné P systémy s inhibítormi, Sekvenčné P systémy s aktívnymi membránami, Sekvenčné P systémy s množinami namiesto multimnožín, z čoho všetky spomenuté témy boli publikované. Dalším variantom P systémov, ktorým sme sa zaoberali bola Detekcia prázdnoty membrán.

2018-01-04

Biologicky motivované výpočtové modely

Prehľad problematiky

Prehľad modelov

Biologicky motivované výpočtové modely

Biologicky motivované výpočtové modely majú dvojaké uplatnenie. Jednak v rámci biológie môžu slúžiť ako reálne modely správania sa živých systémov, na ktorých môžeme robiť rôzne virtuálne biologické experimenty, prípadne verifikovať správnosť nášho chápania ich biologickej činnosti.

Na druhej strane môžu slúžiť ako modely na popis aj iných ako biologických systémov, čo otvára rad teoretických informatických otázok, napr. výpočtová sila alebo analýza behaviorálnych vlastností.

2018-01-04

Biologicky motivované výpočtové modely

Prehľad problematiky

Prehľad modelov

Biologicky motivované výpočtové modely

Dlho skúmané modely ako neurónové siete, celulórne automaty, evolučné algoritmy, L systémy, či swarm intelligence, si už našli svoje uplatnenie v praxi, kým membránové systémy sú ešte len v začiatkoch svojho vývoja.

2018-01-04

Biologicky motivované výpočtové modely

Prehľad problematiky

P systémy

Membránová štruktúra

Membránové systémy sú inšpirované bunkami. Základom je preto membránová štruktúra, ktorá pozostáva z regiónov, ktoré sú oddelené membránami. Tvorí to hierarchickú štruktúru, ktorá sa dá zobraziť aj ako strom.

NEXT SLIDE

Obsahom regionov je multimnožina objektov, ktoré v realite predstavujú napr. molekuly, vírusy, enzýmy alebo proteíny.

NEXT SLIDE

Objekty medzi sebou môžu interagovať. Táto interakcia je definovaná prepisovacími pravidlami.

2018-01-04

Biologicky motivované výpočtové modely

Prehľad problematiky

P systémy

Prepisovacie pravidlá

Prepisovacie pravidlá majú ľavú a pravú stranu. Na ľavej strane sú reaktanty, čo je multimnožina objektov.

NEXT SLIDE

Na pravej strane sú produkty, čo je multimnožina objektov, pričom pre každý objekt sa definuje, či ostáva v aktuálnom regióne, alebo ide cez membránu do vonkajšieho regionu alebo cez membránu s daný označením do vnútorného regionu.

Delta je špeciálny symbol, ktorý nepatrí abecede, ktorý keď je prítomný, tak po aplikovaní pravidla sa rozpustí membrána, v ktorej sa pravidlo aplikovalo a obsah membrány sa vyleje von.

Pravidlo je aplikovateľné v danom regióne, ak sú reaktanty obsiahnuté v multimnožine objektov, ktorá sa aktuálne nachádza v danom regióne.

2018-01-04

Biologicky motivované výpočtové modely

Prehľad problematiky

P systémy

Varianty pravidiel

Literatúra spomína rôzne spôsoby definovania prepisovacieho pravidla. Pôvodná definícia, ktorú uvádza Paun, používa kooperatívne pravidlá v znení, ako som uviedol. Takto definované P systémy sú Turingovsky úplné.

NEXT SLIDE

Nekooperatívne pravidlá neumožňujú interakciu medzi objektami, takže na ľavej strane je vždy iba jeden objekt. Takto definované P systémy sú ekvivalentné Parikhovmu zobrazeniu bezkontextových jazykov.

NEXT SLIDE

Pravidlá s inhibítormi umožňujú špecifikovať množinu objektov, inhibítorov, z ktorých ak aspoň jeden je prítomný v regióne, tak dané pravidlo sa nemôže uplatniť. Takto definované P systémy sú ekvivalentné Parikhovmu zobrazeniu triedy jazykov ETOL.

2018-01-04

Biologicky motivované výpočtové modely

Prehľad problematiky

P systémy

Varianty pravidiel

Katalytické pravidlá umožňujú objektom interagovať iba s objektom z množiny katalyzátorov. Dva katalyzátory stačia na Turingovskú úplnosť. Výpočtovú silu P systémov s jedným katalyzátorom nevieme zaradiť, je to otvorený problém. Ak ale umožníme pravidlá s inhibítormi, dosiahneme Turingovskú úplnosť.

Biologicky motivované výpočtové modely

- └ Skúmané varianty P systémov
 - └ Sekvenčné P systémy s inhibítormi
 - └ Prehľad simulácie pre akceptačný mód

Ked uvažujeme registrové stroje, kde musia byť všetky registre prázdne, aby sa výpočet korektne ukončil, máme pravidlá, ktoré pri dosiahnutí koncovej inštrukcie h , ak je niektorý register neprázdny, vytvorí sa špeciálny symbol, ktorý tam už ostane navždy, a vďaka poslednému pravidlu sa dosiahne, že výpočet nezastaví. Dokázali sme, že pre každý registrový stroj vieme zostrojiť sekvenčný P systém s inhibítormi, ktorý v akceptačnom mode zastaví na rovnakých vstupoch ako registrový stroj.

Prehľad simulácie pre akceptačný mód

- Registrařový stroj $M = (n, P, i, k, Lab)$
- P syst m (Σ, μ, w, R)
 - $\Sigma = Lab \cup \{a_1, a_2, \dots, a_k\}$
 - $w = i \cup j a_1^* a_2^* \dots a_k^*$, a_i je po atln n  hodnota registra
 - $\forall (a: add(j, k), i, j) \in P$:
 - $a \rightarrow a_j k \in R$
 - $a \rightarrow a_j i \in R$
 - $\forall (a: sub(j, k), i, j) \in P$:
 - $a_j \rightarrow k \in R$
 - $a \rightarrow i, a_j \in R$
 - $h_j \rightarrow h_j i \in R$
 - $\emptyset \rightarrow \emptyset i \in R$

Biologicky motivované výpočtové modely

- └ Skúmané varianty P systémov
 - └ Sekvenčné P systémy s inhibítormi
 - └ Prehľad simulácie pre generatívny mód

V generatívnom mode sme sa rozhodli pre simuláciu maximálne paralelného P systému Pi 1 pomocou sekvenčného P systému s inhibítormi Pi 2.

NEXT SLIDE

Každý maximálne paralelný krok P_i 1 simulujeme pomocou niekoľkých sekvenčných krokov P_i 2.

Prehľad simulácie pre generatívny mód

- Simulácia maximálne paralelného P systému Π_2 pomocou sekvencného P systému s inhibičnými Π_2 .
- Každý maximálne paralelný krok Π_2 simulujeme sekvencnými krokmi Π_2 .
- Maximálne paralelný krok rozdeľujeme na 4 fázy:
 - RUN
 - SYNCHRONIZE
 - SENDOWN
 - RESTORE

Biologicky motivované výpočtové modely

- └ Skúmané varianty P systémov
 - └ Sekvenčné P systémy s inhibítormi
 - └ Prehľad simulácie pre generatívny mód

Kedže pravidlá sa uplatňujú simultánne vo všetkých membránach, tento proces treba synchronizovať. Maximálne paralelný krok rozdeľujeme na 4 fázy. Fáza je reprezentovaná špeciálnym objektom a všetky pravidlá sú kooperatívne, na ľavej strane každého pravidla je fáza, ku ktorej sa pravidlo viaže.

Prehľad simulácie pre generatívny mód

- Simulácia maximálne paralelného P systému Π_1 pomocou sekvenčného P systému s inhibítorom Π_2 .
- Každý maximálne paralelný krok Π_1 simulujeme sekvenčnými krokmi Π_2 .
- Maximálne paralelný krok rozdělujeme na 4 fázy:
 - RUN
 - SYNCHRONIZE
 - SENDDOWN
 - RESTORE

Biologicky motivované výpočtové modely

- └ Skúmané varianty P systémov
 - └ Sekvenčné P systémy s inhibítormi
 - └ Prehľad simulácie pre generatívny mód

V prvej fáze RUN v Pi 2 po jednom prepisujeme symboly pomocou pravidiel zodpovedajúcim pravidlám v Pi 1, akurát produkty si označujeme, aby neboli znovu použité, kým neskončí simulácia jedného maximálne paralelného kroku. Pomocou inhibítorov zistíme moment, kedy sa už v Pi 2 nedá aplikovať žiadne ďalšie pravidlo, ktoré by sa mohlo zahrnúť do multimnožiny pravidiel aplikovaných v Pi 1. To nám zaručí, že aplikované pravidlá sú maximálnou multimnožinou a môžeme prejsť do simulácie ďalšieho maximálne paralelného kroku.

Prehľad simulácie pre generatívny mód

- Simulácia maximálne paralelného P systému Π_1 pomocou sekvenčného P systému s inhibičnou Π_2 .
- Každý maximálne paralelný krok Π_1 simulujeme sekvenčnejmi krokmi Π_2 .
- Maximálne paralelný krok rozdeľujeme na 4 fázy:
 - RUN
 - SYNCHRONIZE
 - SENDDOWN
 - RESTORE

Biologicky motivované výpočtové modely

- └ Skúmané varianty P systémov
 - └ Sekvenčné P systémy s inhibítormi
 - └ Prehľad simulácie pre generatívny mód

V druhej fáze SYNCHRONIZE sa v každom regióne čaká na ostatné regióny, aby sa spustil ďalší maximálne paralelný krok. Pošle sa synchronizačný token do vonkajšej membrány. V nej, keď sa pozbierajú tokeny zo všetkých membrán, tak vonkajšia membrána pošle signál všetkým membránam, aby mohli začať ďalší maximálne paralelný krok.

Prehľad simulácie pre generatívny mód

- Simulácia maximálne paralelného P systému Π_2 pomocou sekvenčného P systému s inhibítorom Π_2 .
- Každý maximálne paralelný krok Π_2 simulujeme sekvenčnými krokmi Π_1 .
- Maximálne paralelný krok rozdeľujeme na 4 fázy:
 - RUN
 - SYNCHRONIZE
 - SENDOWN
 - RESTORE

Biologicky motivované výpočtové modely

- └ Skúmané varianty P systémov
 - └ Sekvenčné P systémy s inhibítormi
 - └ Prehľad simulácie pre generatívny mód

Po synchronizácii treba označené objekty odznačiť, aby boli pripravené na ďalší maximálne paralelný krok. To sa deje vo fáze RESTORE.

Posielanie objektov cez membránu do obaľujúcej membrány sa môže vykonať vo fáze RUN. Ale ak by sme poslali objekt do vnútornej membrány, tá ešte môže byť vo fáze RESTORE predchádzajúceho maximálne paralelného kroku. V tom prípade by sa stihli poslané objekty ešte odznačiť a mohli by sa uplatniť pravidlá toho istého maximálne paralelného kroku. Preto musíme počkať na synchronizáciu a posielanie objektov nadol vykonávať medzi fázou SYNCHRONIZE a fázou RESTORE. Túto fázu sme nazvali SENDDOWN.

Prehľad simulácie pre generatívny mód

- ◆ Simulácia maximálne paralelného P systému Π_2 pomocou sekvencného P systému s inhibičnými Π_2 .
- ◆ Každý maximálne paralelný krok Π_2 simulujeme sekvencnými krokmi Π_2 .
- ◆ Maximálne paralelný krok rozdeľujeme na 4 fázy:
 - ▶ RUN
 - ▶ SYNCHRONIZE
 - ▶ SLOWDOWN
 - ▶ RESTORE

Biologicky motivované výpočtové modely

- └ Skúmané varianty P systémov
 - └ Sekvenčné P systémy s aktívnymi membránami
 - └ Problém zastavenia

Problém zastavenia

- Problem zadrževanja je definovanj gre deterministički rešiv
- Zadrževanje: Ekstencija (ne)konacnogo vjpolta

Biologicky motivované výpočtové modely

- └ Skúmané varianty P systémov
 - └ Sekvenčné P systémy s množinami namiesto multimnožín
 - └ P systémy s množinami objektov

P systémy s množinami objektov

- **Akxiom [7]:** počty objektů se ignorují
 - Maximální paralelismus = determinismus.
 - Ekvivalence s konečnostrojovými automaty.
 - S aktivními membránami je model univerzální.
- **Kleijn, Koutny [3]:** "mini-axiomatic" computational step (= sekvenční redukce)
 - Ekvivalence s konečnostrojovými automaty.
- **Vlastnosti:**
 - Poskytlí bez konfliktů (objekty se mluví vzájemně jako reaktanty síťové na vlnových pravidlech).
 - Ak je objekt použitý aspoň v jednom pravidle jako reaktant, bude spotřebován.

