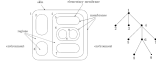


Vážená komisia, . . . , chcel by som vám prezentovať moje pokroky v dizertačnej práci.

Prezentáciu začnem prehľadom existujúcich modelov, ktoré sú inšpirované biológiou. Potom budem hovoriť o P systémoch, pretože im som sa najviac venoval. Existuje množstvo variantov, o ktorých niečo poviem v ďalšej časti. Prezentáciu zavřím predstretím plánov na dizertačnú prácu.

Biologicky motivované výpočtové modely majú dvojité 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)



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

- multimnožina objektov
- $a \cdot b \in B$
- prepisovacie pravidlá
- $a \cdot b \in B \Rightarrow a \cdot b \in B$
- $b \cdot a \in B$

V každej membráne je multimnožina objektov. Objekty predstavujú molekuly, alebo chemické zlúčeniny. Každá membrána má aj množinu prepisovacích pravidiel. Ľavá aj pravá strana pravidiel pozostáva z multimnožiny objektov, pričom ľavá strana nesmie byť prázdna. Posielanie objektov cez membránu sa uskutočňuje tak, že na pravej strane môžu mať objekty špecifikované, či ostanú v aktuálnom regióne, alebo sa pošlú cez membránu von, alebo dnu cez konkrétnu membránu. Pravidlo môže obsahovať špeciálny symbol delta. Po aplikácii takéhoto pravidla sa membrána rozpustí, jej pravidlá zaniknú, a objekty a prípadne membrány sa z vnútra vylejú von.

P systém sa definuje ako konštrukt pozostávajúci z abecedy objektov, membránovej štruktúry, počiatkovej multimnožiny objektov a prepisovacích pravidiel



Konfigurácia P systému v sebe zahŕňa membránovú štruktúru a obsah jednotlivých membrán. P systém má globálny časovač, v každom kroku, každá membrána aplikuje maximálnu multimnožinu pravidiel. V tomto príklade máme dve jednoduché pravidlá a multimnožinu aabb. Ak sa použije prvé pravidlo, žiadne ďalšie sa už v tomto kroku použiť nemôže, preto je to maximálna multimnožina. Ak sa použije druhé pravidlo, musí sa použiť dvakrát, aby to bola maximálna multimnožina. V tomto príklade sú teda dve maximálne multimnožiny pravidiel. O ďalšej konfigurácii sa rozhodne nedeterministicky.

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Prehľad problematiky
 - P systémy
 - Jazyk

Ak je postupnosť krokov výpočtu konečná, výpočet je úspešný a výsledok výpočtu je multimnožina objektov, ktorá prešla cez vonkajšiu membránu. Podobne by sa dal definovať aj ako multimnožina objektov, ktorá ostane v špecifickej membráne. V akceptačnom móde sa do špecifickej membrány vloží multimnožina objektov, pričom ostatné membrány sú prázdne. Ak výpočet zastaví, pôvodná multimnožina patrí do jazyka, inak nepatrí.

Jazyk

- výsledok výpočtu je multimnožina objektov, ktoré
 - prípad výpočtu patrí do vonkajšej membrány
 - keď boli vstup = špecifickej membrány
 - generovanie akceptačného módu
 - Parikhovi vzťahom: PARE

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Prehľad problematiky
 - P systémy
 - Jazyk

Pre väčšinu známych modelov sú generatívny aj akceptačný mód rovnako silné, u P systémoch to nie je vždy tak, preto sa oplatí skúmať obidva módy. Všetky možné úspešné výpočty definujú jazyk nad multimnožinami. Z hľadiska výpočtovej sily sa triedy týchto jazykov porovnávajú s Parikhovým zobrazením známych tried jazykov. P systémom zodpovedá trieda jazykov PsRE, čo je Parikov obraz triedy rekurzívne vyčísliteľných jazykov. Voláme ich univerzálne, lebo podľa Turingovej tézy nimi vieme simulovať akýkoľvek iný model, ktorý je algoritmicky simulovateľný.

Jazyk

- výsledok výpočtu je multimnožina objektov, ktoré
 - prípad výpočtu patrí do vonkajšej membrány
 - keď boli vstup = špecifickej membrány
 - generovanie akceptačného módu
 - Parikhovi vzťahom: PARE

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Prehľad problematiky
 - Varianty
 - Varianty objektov

Aby sme mohli definovať priamo jazyky nad stringami, Mate navrhol variant P systems with worm objects. V membránach sú rovno multimnožiny stringov, čo je inšpirované reťazcami DNA. Takto dostal tiež univerzálny model.

Variety objektov

- variety objektov
 - variety multimnožina objektov sú v membránach
 - variety stringov (DNA)
 - variety DNA

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Prehľad problematiky
 - Varianty
 - Varianty pravidiel

Pôvodná definícia definovala kontextové pravidlá. Ak by sme ľavú stranu obmedzili, že v nej môžu byť maximálne 2 objekty, sú to kooperatívne pravidlá. O nich Paun v pôvodnom článku ukázal, že sú tiež univerzálne. Katalyzátory sa definujú ako podmnožina objektov. Keď sa katalyzátor nachádza na ľavej strane pravidla, musí sa aj na pravej strane. Okrem katalyzátorov sa na ľavej strane nachádza práve jeden objekt, ktorý nie je katalyzátor. Séria článkov skúmala, koľko minimálne katalyzátorov treba na univerzálnosť. Až v roku 2005 Freund ukázal, že stačia 2 a nastolil otvorený problém, ako je to s 1 katalyzátorom. Jediné, na čo sa prišlo, je, že keď sa použijú navyše inhibitory, tak je to univerzálne.

Variety pravidiel

- kontextová (PARE)
- kooperatívna (PAKE) [5]
- katalyzátory
- 1 katalyzátor (PAKE) [5]
- 1 katalyzátor (všetky problémy)
- 1 katalyzátor + inhibitor (PAKE) [5]
- kooperatívna (PACF) [5]
- kooperatívna + inhibitor (PAKIL) [5]

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Prehľad problematiky
 - Varianty
 - Varianty pravidiel

Bezkontextové pravidlá majú na ľavej strane práve jeden objekt. Výpočtová sila zodpovedá bezkontextovým jazykom. A veľmi ani inhibitory nepomôžu, bude to zodpovedať len špeciálnej triede L systémov, ktoré nie sú univerzálne.

Variety pravidiel

- kontextová (PARE)
- kooperatívna (PAKE) [5]
- katalyzátory
- 1 katalyzátor (PAKE) [5]
- 1 katalyzátor (všetky problémy)
- 1 katalyzátor + inhibitor (PAKE) [5]
- kooperatívna (PACF) [5]
- kooperatívna + inhibitor (PAKIL) [5]

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Prehľad problematiky
 - Varianty
 - Varianty kroku výpočtu

Podobne existuje množstvo variantov spôsobu aplikácie pravidiel v jednom kroku výpočtu. Pri sekvenčnom móde sa v každom kroku nedeterministicky vyberie pravidlo, ktoré sa raz aplikuje. Ibarra ukázal, že sekvenčné P systémy sa dajú simulovať pomocou vector addition systems, čiže nie sú univerzálne. V asynchrónnom móde sa v každom kroku vyberie ľubovoľná multimnožina pravidiel, ktorá sa aplikuje. Aspoň v jednej membráne táto multimnožina nesmie byť prázdna. Vo väčšine prípadov dáva asynchrónny mód rovnaké výsledky ako sekvenčný. V minimálnom paralelizme pre každú membránu platí, že ak sa môže použiť aspoň jedno pravidlo, tak sa aspoň jedno musí použiť. Je to akoby odľahčenie podmienky v maximálnom paralelizme, pričom sa zachováva univerzalita.

Variety kroku výpočtu

- tranzitívna paralelizácia (PARE)
- sekvenčný (všetky problémy pomocou VASS, [5])
- asynchrónny (všetky problémy pomocou VASS, [5])
- asynchrónna paralelizácia (PAKE) [5]

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Plány na dizertačnú prácu
 - Aktuálne riešené problémy
 - Aktuálne riešené problémy

Maximálny paralelizmus je veľmi silná featúra. Globálny časovač reakcií vo väčšine prípadov tvorí hranicu toho, čo je, a čo nie je univerálne. Ani v bunke sa nenachádza taký časovač, podľa ktorého by sa reakcie synchronizovali. Preto sa hľadajú spôsoby, ako túto featuru odľahčiť, prípadne, akými spôsobmi by sa dal rozšíriť sekvenčný mód, aby bol univerzálny. Týmto problémom sa v poslednej dobe venujem aj ja. Ukázalo sa, že existujú spôsoby, ako rozšíriť sekvenčný mód, aby sa stal univerzálnym. Napríklad pravidlá s prioritami, či s vytváraním nových membrán, pričom sa akákoľvek ohraničenie na počet vytvorených membrán nestačí, treba neobmedzené množstvo.

Aktuálne riešené problémy

- tranzitívna paralelizácia je veľmi silná featúra...
 - ako sa dá rozšíriť sekvenčný mód
 - keď boli vstup = špecifickej membrány
 - generovanie akceptačného módu
 - Parikhovi vzťahom: PARE

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Plány na dizertačnú prácu
 - Aktuálne riešené problémy
 - Aktuálne riešené problémy

Môj výsledok je, že použitie inhibítorov v sekvenčných P systémoch nám tiež zaručí univerzalitu. Článok bol zaslaný na konferenciu, obsahuje dôkaz pomocou simulácie maximálne paralelného P systému. Skúmam aj ďalšie rozšírenia, napríklad pravidlá s detekciu prázdnych membrán.

Aktuálne riešené problémy

- tranzitívna paralelizácia je veľmi silná featúra...
 - ako sa dá rozšíriť sekvenčný mód
 - keď boli vstup = špecifickej membrány
 - generovanie akceptačného módu
 - Parikhovi vzťahom: PARE

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Plány na dizertačnú prácu
 - Ďalšie plány
 - Ďalšie plány

Ďalšie plány

- Preskúmať možnosti kombinovania ďalších variantov P systému s hľadiskom výpočtovej sily
 - Implementácia na digitály
 - Modely
 - Simulácia / simulácia
 - Simulácia P systému
 - ...

Medzi ďalšie plány patrí preskúmanie, ako pomôže kombinovanie s ďalšími variantami z hľadiska výpočtovej sily. Zaujímavé rozšírenia sú napríklad rozpadajúce sa objekty, kde má každý objekt určený čas rozpadu, a po danom počte krokov objekt zanikne. Takisto inšpiratívne je aj použitie energií. Každá reakcia spotrebuje nejakú energiu a po odpálení sa nejaká energia môže naspäť uvoľniť. Pri symport / antiport pravidlách komunikácia medzi membránami je vždy párova, pričom vždy idú dva objekty buď súbežne, alebo oproti sebe. Priestorové P systémy zavádzajú pre objekty pozíciu v priestore. Variantov je veľké množstvo, no stále sa oplatí hľadať aj nové.

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Plány na dizertačnú prácu
 - Ďalšie plány
 - Nové varianty

Nové varianty

- Nájsť nové varianty
 - Nový P? (aký variant by mal byť)
 - Realizácia
 - Simulácia
 - Implementácia

Zaujímavú definíciu dobrého variantu uvádza Besozzi vo svojej PhD práci. Mal by byť dostatočne realistický, vychádzať z reálnych pozorovaní biologických javov. Mal by byť dostatočne silný z výpočtového hľadiska, ideálne univerzálny. A mal by byť iredundantný, čiže definícia by mala byť dostatočne jednoduchá, nemala by obsahovať nič navyše.

2015-11-03

Biologicky motivované výpočtové modely

- Plány na dizertačnú prácu
 - Ďalšie plány
 - Inšpirácie z výsledkov iných formalizmov

Inšpirácie z výsledkov iných formalizmov

- Petriho siete
 - Všeobecné
 - Inhibičné siete
 - Inhibičné Petriho siete
- CLS (Calculus of Living Systems)
 - Inhibičný model, viaznutý P systémy [1]
- reakčné systémy [Kusnerberg, 2007]

Ďalšie plány zahŕňajú aj porovnanie s výsledkami iných formalizmov napríklad Petriho sietí, reaction systems, či CLS. Petriho siete nie sú univerzálne, no niektoré rozšírenia, napríklad s inhibítormi sú. Chcel by som preskúmať aj iné rozšírenia Petriho sietí, ktoré ešte nikto nevyskúšal aplikovať v P systémoch. Petriho siete sú oveľa viac preskúmané ako P systémy, takže sa oplatí nimi inšpirovať. Zaujímavý formalizmus je CLS, ktorý je sekvenčný, ale napriek tomu vie simulovať max. paralelné P systémy. Výhodou je, že pracuje so stringami. Článok písali Barbuti a Milazzo, ktorý je mojím oponentom. Okrem Petriho sietí som dostal odporúčanie pozrieť sa aj na formalizmus Reaction Systems. Zaoberá sa interakciami medzi reakciami, ktoré sa môžu navzájom ovplyvňovať - inhibovať alebo posilňovať.