Evolving Globally Synchronized Cellular Automata

Rajarshi Das, JamesP. Crutcheld,
Melanie Mitchell, James E. Hanson

Presentato da

Marco Vassura

SOMMARIO

Come interagisce un processo evolutivo con un sistema distribuito centralizzato per indurre una situazione di coordinamento globale?

Usando algoritmi genetici (GA) per evolvere automi cellulari (CA) mostriamo come vengano sfruttate certe particelle per ottenere la sincronizzazione.

INTRODUZIONE(1)

- La sincronizzazione spontanea di processi indipendenti è uno dei fenomeni più osservati in natura ed è spesso di fondamentale importanza, per esempio:
  - le onde a spirale mostrate durante la fase di riproduzione e sviluppo della muffa *Dictyostelium* [4]
  - la morfogenesi delle strutture embrionali nei primi momenti dello sviluppo [11]
  - le oscillazioni sincronizzate di agglomerati neurali che si pensa giochino un ruolo importante nella codifica dell'informazione [3]

INTRODUZIONE(2)

- Da sempre il funzionamento dei sistemi di calcolo dipende dalla possibilità di coordinare le singole unità di elaborazione
- L’evidente sincronizzazione di sistemi spazialmente distribuiti in natura indica come l’evoluzione abbia risolto il problema
- Per capire come facciamo un semplice modello applicando GA ad CA unidimensionali e ne analizziamo i risultati

AUTOMI CELLULARI

- Una collezione di variabili dipendenti dal tempo s_t^i chiamate *stati locali* e ordinate su un reticolo di *N celle*.
- $\mathbf{S}_t = s_t^0\, s_t^1 \ldots s_t^{N-1}$ detto *configurazione*, $\mathbf{S}_0$ quella iniziale (IC).
- $n_t^i = s_t^{i-r} \ldots s_t^i \ldots s_t^{i+r}$ detto *insieme di vicinanza* della cella i con r*aggio* r.
- Equazione di moto ϕ tale che ad ogni passo temporale $s_{t+1}^i = \phi\,(n_t^i)$; equazione globale di moto Φ tra configurazioni $\mathbf{S}_{t+1} = \Phi\,(\mathbf{S}_t)$ che applica ϕ contemporaneamente a tutte le celle.
- Nel nostro caso r = 3, N = 149 con condizione di confine spaziale $s_t^i = s_t^{i+N}$ e gli stati locali sono di 1 bit.

LA SINCRONIZZAZIONE

- L'obiettivo è trovare un CA che da qualsiasi IC $\mathbf{s_0}$, entro *M* passi temporali, raggiunga una configurazione finale oscillante tra 0 e 1: $\Phi(1^N) = 0^N$ e $\Phi(0^N) = 1^N$ (M è un parametro che dipende da N).
- Definiamo la *prestazione* $P_k^N(\phi)$, di un CA ϕ in un reticolo di N celle, come la frazione di k IC scelte a caso a partire dalle quali ϕ raggiunge la sincronizzazione.
- Non banale, ad esempio:

$$\phi_{osc}(n) = 1 \text{ se } n = 0^7 \text{ e } \phi_{osc}(n) = 0 \text{ altrimenti}$$

si ha

$$P_k^N(\phi_{osc}) = 0.54,\ 0.09,\ 0.02$$

per $k = 10^4$ ed N rispettivamente 149, 599 e 999.

GLI ESPERIMENTI CON GA(1)

- Il nostro GA inizia con P “cromosomi” generati casualmente: stringhe di bit che codificano CA elencando l’output di ogni ϕ in ordine lessicografico di configurazioni di insieme di vicinanza (sono lunghi $128 (= 2^{2r+1})$ bit, quindi 2^{128} CA: troppi per qualsiasi tipo di ricerca esaustiva).
- La funzione di *fitness* $F_I(\phi)$ è la frazione di I IC scelte a caso, con distrubuzione uniforme nel numero di 1, sulle quali ϕ raggiunge la sincronizzazione.

GLI ESPERIMENTI CON GA(2)

- Per ogni generazione si compiono i seguenti passi:
  - Si genera un nuovo insieme *I* di IC
  - Si calcola $F_I\,(\phi)$ per ogni ϕ della popolazione
  - La popolazione viene ordinata secondo F_I
  - I primi *E* (élite) CA passano nella nuova generazione
  - I rimanenti ($P - E$) CA della nuova generazione si formano incrociando coppie di CA élitari e mutandone *m* volte ogni discendente
- Nel nostro caso P = 100, E = 20, I = 100, m = 2, M è scelto da una distribuzione di Poisson con media 320 (circa 2N) e si itera l’algoritmo per 50 generazioni.

I RISULTATI

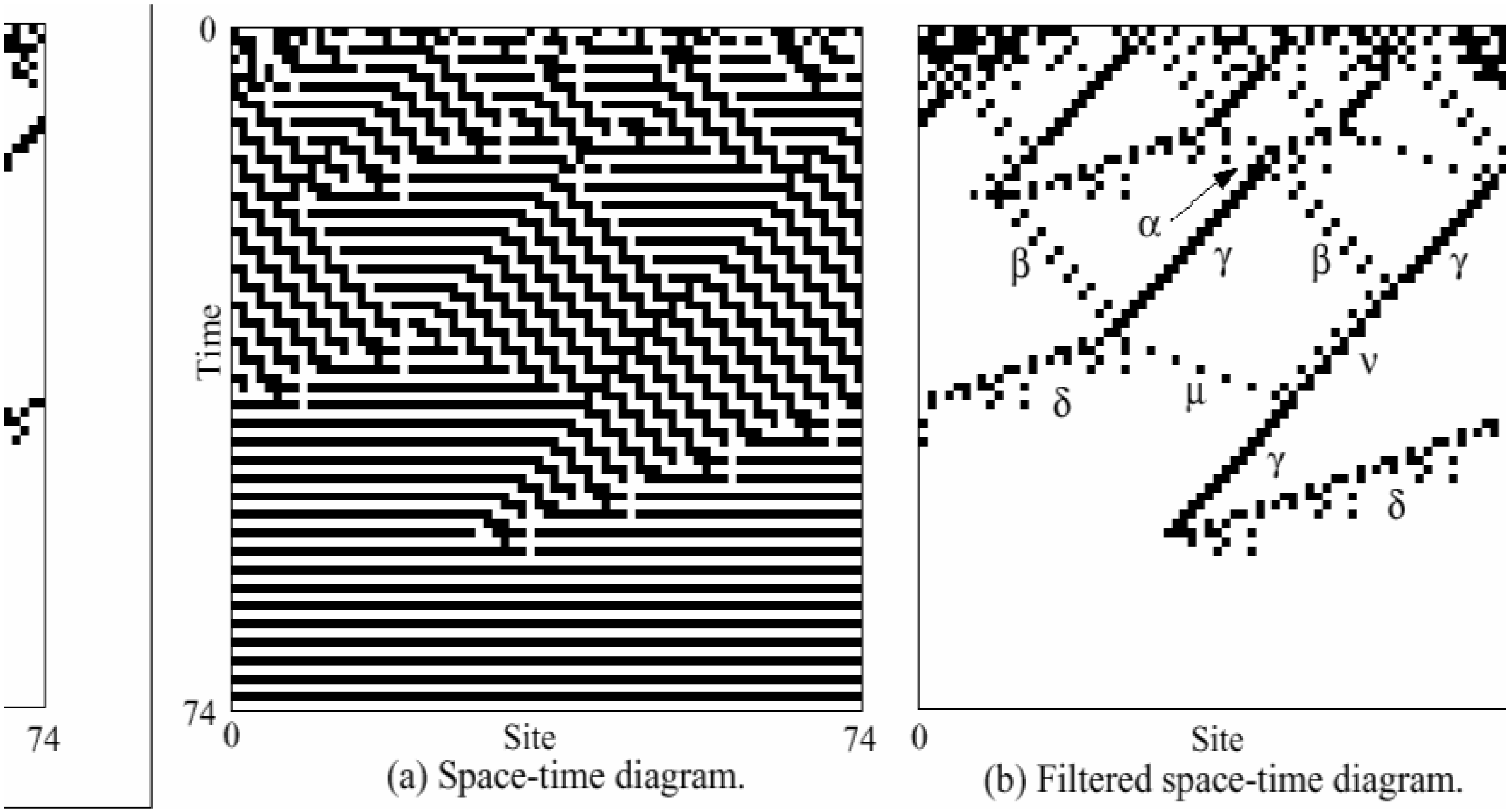
- Si è trovato un CA ottimo ($P_k^N = 1$) nel 20% delle 65 prove effettuate.
- Sebbene distinti gli CA trovati usano strategie simili per raggiungere la sincronizzazione.
- Restringendo *r* a 1 o 2 tutti gli CA trovati hanno prestazioni quasi nulle (se ne possono ottenere di migliori a mano): $r = 3$ sembra essere il minimo per cui GA possano risolvere questo problema.
- Difficile capire come si sono ottentuti questi CA: mentre incroci e mutazioni agiscono sulla struttura del CA (genotipo) la selezione si basa sul comportamento su un campione di IC (fenotipo).

MECCANICA COMPUTAZIONALE DEGLI AUTOMI CELLULARI(1)

Questa struttura sviluppata da Crutchfield ed Hanson [1, 6, 7] descrive la "computazione intrinseca" di un CA, tramite un diagramma spazio–temporale, in termini di:

- *Domini*: regioni omogenee di spazio–tempo nelle quali compare lo stesso "motivo", formalizzato tramite Automi Finiti Deterministici (DFA) per il riconoscimento del motivo
- *Particelle*: sono le irregolarità del diagramma, ai confini tra due domini, che hanno una localizzazione precisa; servono a veicolare l'informazione nello spazio–tempo
- *Iterazioni tra particelle*: quando due particelle si incontrano cambiano svolgendo operazioni logiche sulle informazioni veicolate

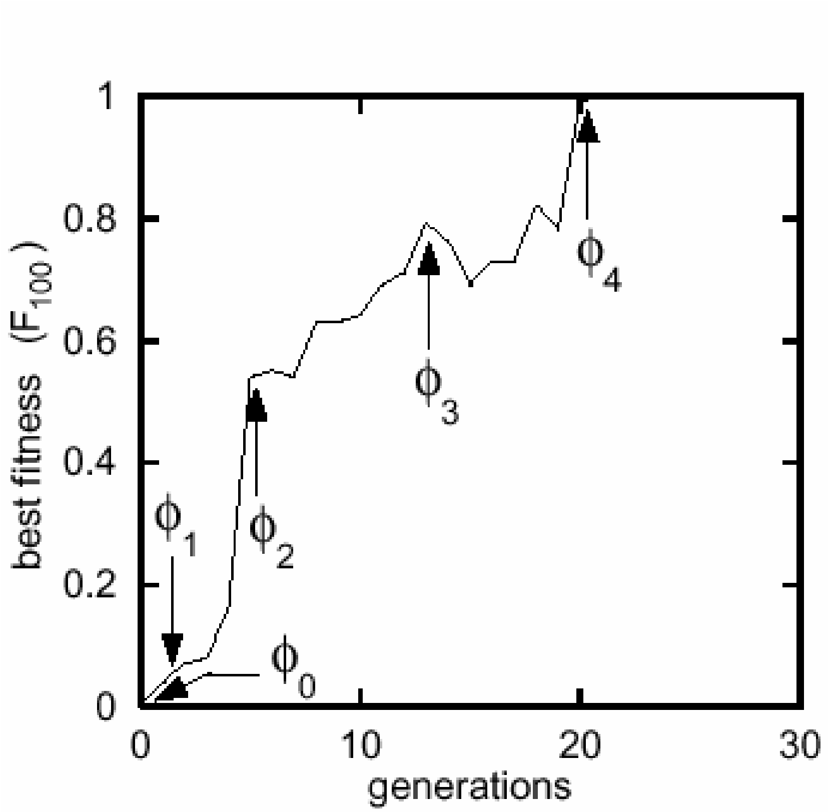
MECCANICA COMPUTAZIONALE DEGLI AUTOMI CELLULARI(2)



(a) Space-time diagram.

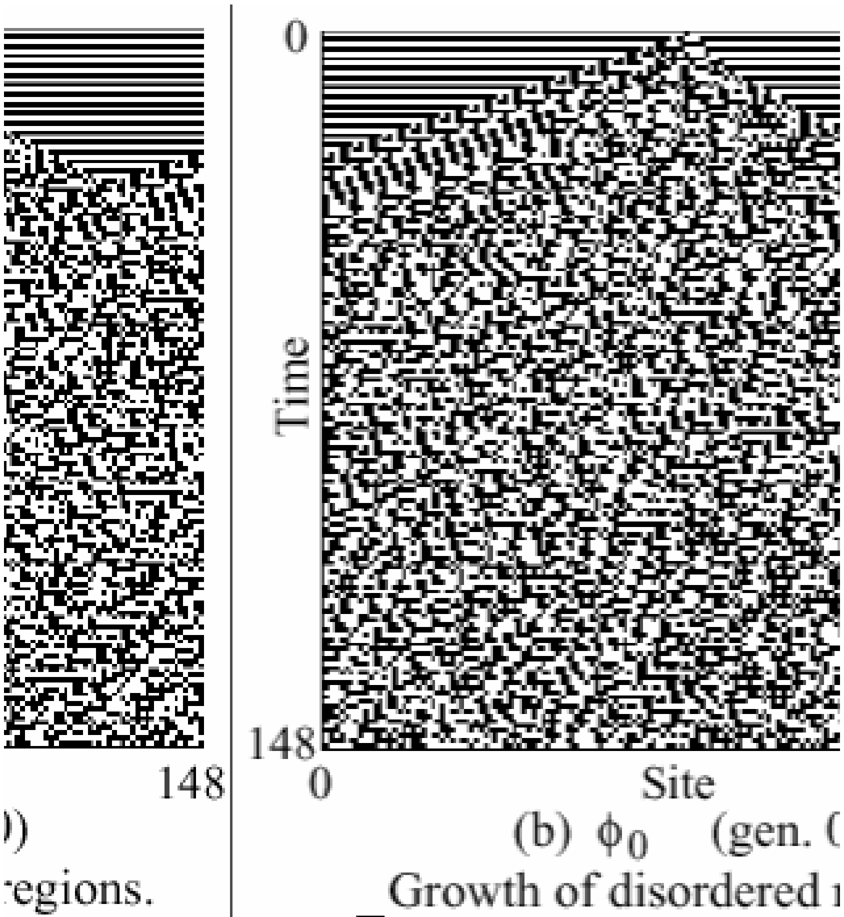
(b) Filtered space-time diagram.

L'EVOLUZIONE VERSO LA SINCRONIZZAZIONE



- Analizziamo una delle prove che ha prodotto un automa efficace (chiamiamolo ϕ_{sync})
- Nel tempo il miglior "fitness" è caratterizzato da periodi di crescita molto rapida: si possono individuare cinque "epoche" ad ognuna delle quali corrisponde una migliore strategia per raggiungere la sincronizzazione
- Un comportamento simile è osservabile in gran parte delle prove che hanno avuto successo

EPOCA 0
Diffusione delle irregolarità

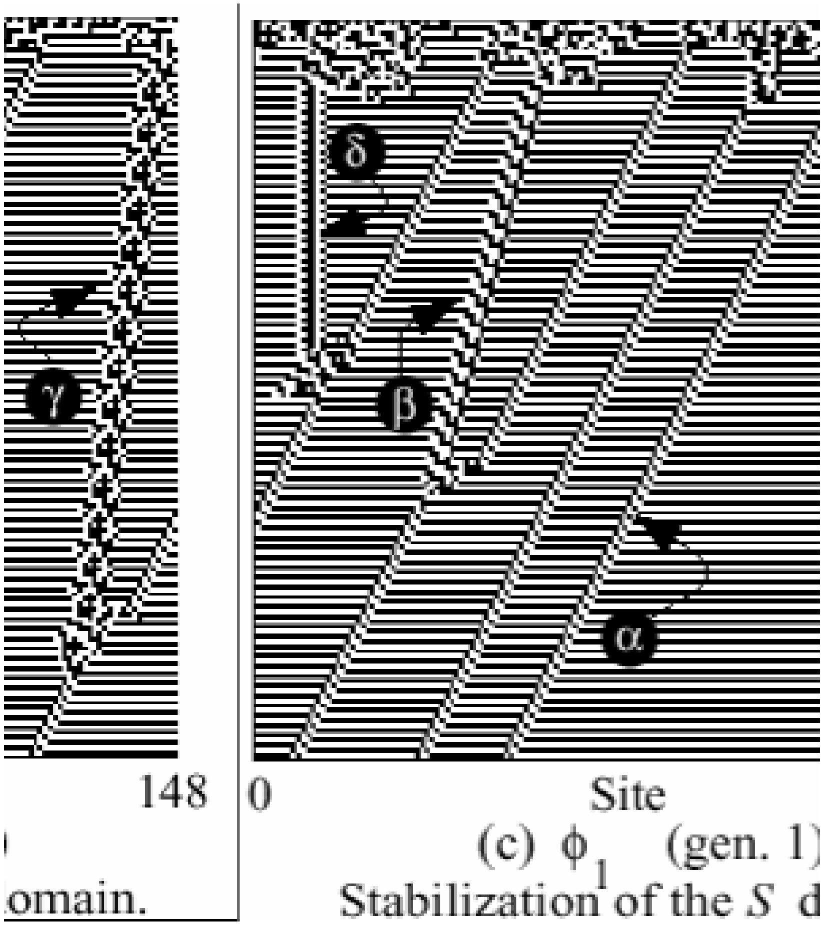


$F_{100} =$

0

- Per la sincronizzazione un CA deve avere $\phi(0^7) = 1$ e $\phi(1^7) = 0$, una regione locale così sincronizzata è un dominio (S) di periodo due: $0^* = \Phi(1^*)$ e $1^* = \Phi(0^*)$
- Poichè si tratta di due bit nel cromosoma circa 1/4 dei CA iniziali avranno il dominio S
- Comunque la stabilità di S perturbato dipende dagli altri bit del cromosoma: tipici CA iniziali (come ϕ_0) creano regioni disordinate

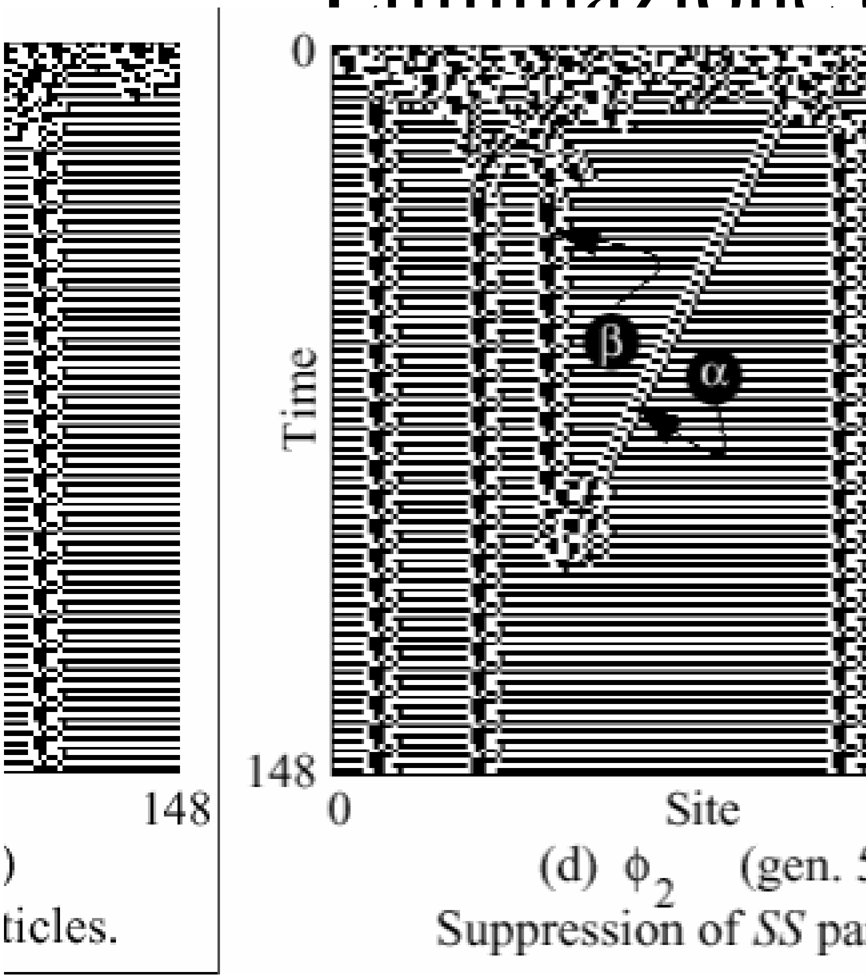
EPOCA 1
Stabilizzazione dei domini sincroni



$F_{100} =$ 0.04

- La ϕ_1 elimina regioni disordinate perchè mappa tutti gli 8 insiemi di vicinanza con almeno 6 zeri a 1 e 7 di quelli con almeno 6 uno a 0
- Gran parte di questi bit sono all'inizio o alla fine del cromosoma, è quindi facile che quest'innovazione derivi dall'incrocio di due CA
- Abbiamo particelle α di tipo SŠ, β, γ, δ di tipo SS
- Analizzando le iterazioni tra particelle vediamo che α è dominante: persiste dopo la collisione con qualsiasi altra
- Come risultato ϕ_1 sincronizza solo se la IC è composta da quasi tutti 1 o quasi tutti 0

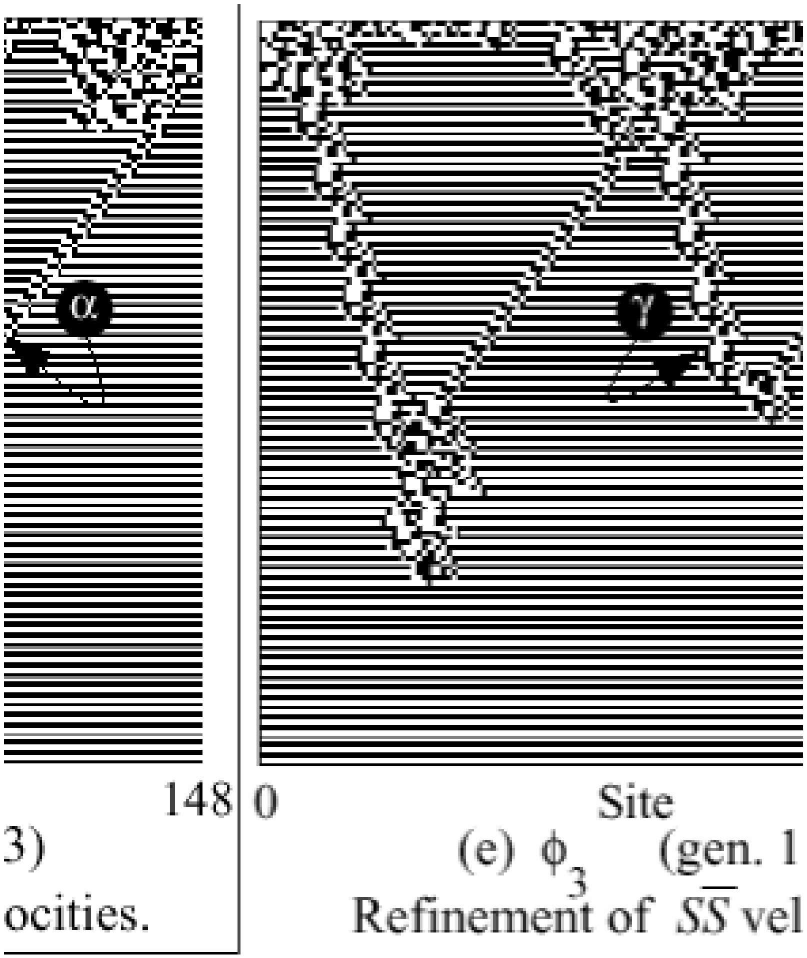
EPOCA 2
Eliminazione dei difetti di fase



F_{100} = 0.54

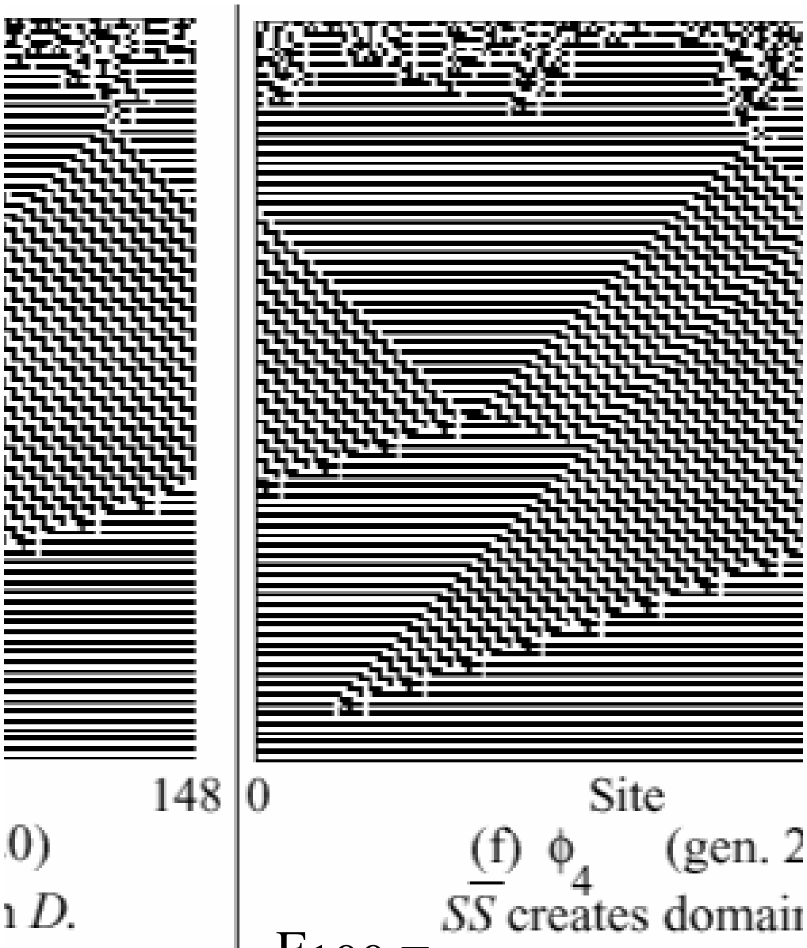
- Eliminazione delle particelle in fase (SS) che permette la sincronizzazione per IC con tanti 1 o tanti 0
- Due nuove particelle SŠ α e β che si annullano tra loro: la differenza di velocità è però solo 1/2 e spesso non collidono entro M passi
- La probabilità di avere β è doppia di quella per α: raro l'annullamento totale
- Un piccolo cambiamento nel cromosoma di ϕ può cambiare significativamente le proprietà delle particelle: questo ed i successivi miglioramenti sono dovuti pricipalmente alle mutazioni

EPOCA 3
Aggiustamento velocità relative



- La maggiore differenza di velocità tra le due particelle più comuni (α e γ) permette un’iterazione più veloce
- La probabilità che compaia α è quasi la stessa di quella per γ così che si ha spesso annullamento totale
- Per quanto si possa migliorare si ha sempre una probabilità non nulla di particelle che non si annullano: occorre cambiare strategia

EPOCA 4
Innovazione finale



$F_{100} = 0.99$

- Introdotto un nuovo dominio D composto da stringhe (1000)* e (0001)* alternativamente ripetute e shiftate
- Necessità di filtrare il diagramma per analizzare le particelle (ai confini tra i domini)
- Tutti i CA nelle generazioni successive hanno F = 1 e non si hanno cambiamenti significativi nel diagramma spazio–temporale: studiamo direttamente ϕ_{sync}

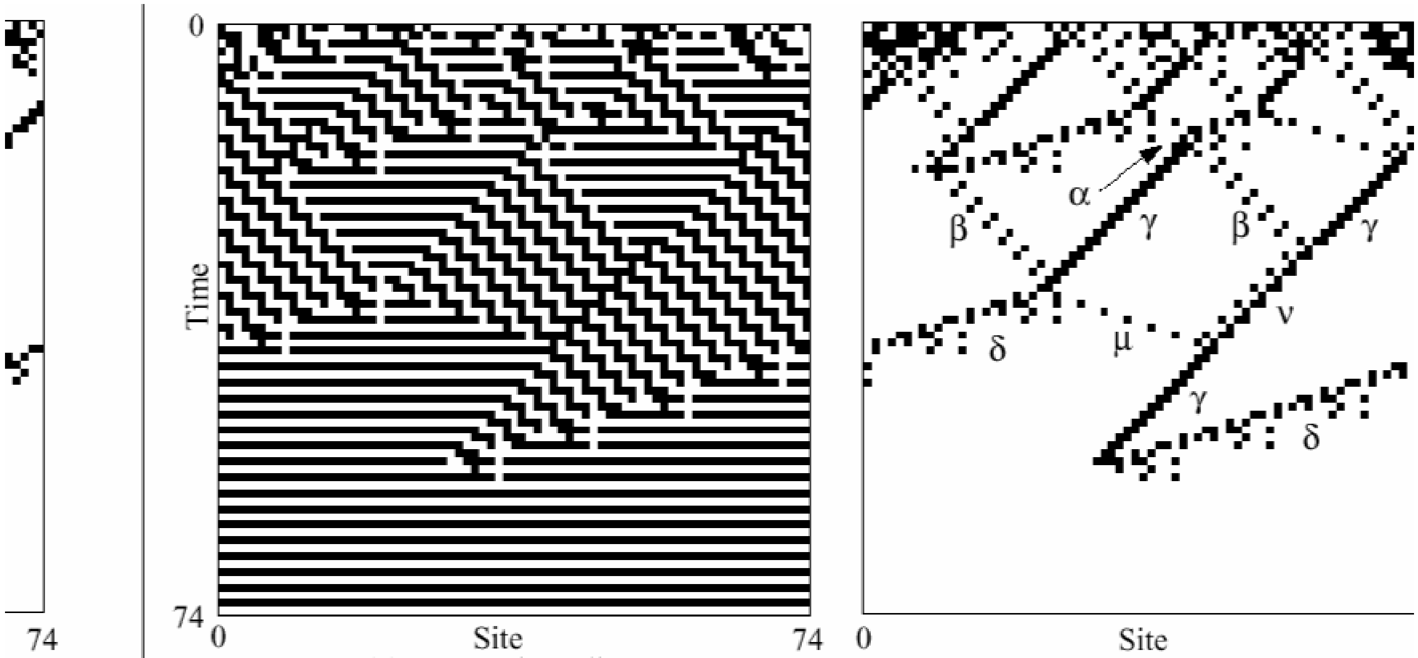
Funzionamento del CA finale(1)

...lle ed iterazioni		
...nio	Periodo temporale	Velocità
	-	0
	2	1
	2	-1
	4	-3
	2	3
	2	-1
...: $\gamma + \delta \rightarrow \emptyset$; $\mu + \beta \rightarrow \emptyset$		
...1); $\nu + \delta \rightarrow \beta$; $\mu + \nu \rightarrow \gamma$		
...d 4 $\neq$ 1); $\mu + \delta \rightarrow \gamma + \beta$		

Automa Cellulare		Partic...	
Cromosoma	Generazione ($\mathcal{P}^{149}_{10^4}$; $\mathcal{P}^{599}_{10^4}$; $\mathcal{P}^{999}_{10^4}$)	Nome	Domi...
ϕ_{sync} = FEB1C6EA B8E0C4DA 6484A5AA F410C8A0	100 (1.00; 1.00; 1.00)	α	$S\overline{S}$
		β	DS
		γ	SD
		δ	DS
		μ	SD
		ν	$D\overline{D}$
	Decay: $\alpha \rightarrow \gamma + \beta$ Annihilativ...		
	Reactive: $\beta + \gamma \rightarrow \nu$ (d mod 4 = ...		
	Reversible: $\beta + \gamma \rightarrow \delta + \mu$ (d mo...		

Abbiamo 5 particelle stabili ed una instabile α che si divide in γ e β le quali partono in direzioni opposte con velocità 1. In base al tipo di collisione (d è la distanza tra le particelle) γ e β generano altre particelle ancora più veloci che interagiscono con le rimanenti in modo da raggiungere la sincronizzazione.

Funzionamento del CA finale(2)



(a) Space-time diagram.

(b) Filtered space-time diagram.

Per raggiungere la sincronizzazione ϕ_{sync} produce regioni localmente sincrone, spesso tra loro fuori fase. Per risolvere i difetti di fase vengono diffuse particelle in direzioni opposte che permettono ad una regione sincrona di annullare le altre espandendosi. Nel diagramma filtrato notiamo l’interazione tra le particelle.

NOTE CONCLUSIVE

- In un CA si ha un clock per l’aggiornamento che è globalmente sincrono ma non necessita di configurazioni globalmente sincrone poichè ϕ definisce il comportamento locale.
- Possiamo quindi vedere questo articolo come un aspetto del problema generale: "Possono comunicazione ed elaborazione locali essere progettati da un GA per sfruttare il segnale di aggiornamento globalmente sincrono?"
- Un altro studio suggerito da questa prospettiva è l’evoluzione di un sistema distribuito decentralizzato con componenti totalmente asincroni.
- Infine l’evoluzione biologica è molto piu’ complessa del procedimento qui descritto, però l’analisi dettagliata di modelli semplificati come quello qui presentato è la base per capire il meccanismo evolutivo naturale.

Riferimenti

- I numeri tra parentesi quadre in questa presentazione si riferiscono alla bibliografia dell'articolo qui presentato (reperibile via web a partire da www.cs.unibo.it/~ozalp).
- Per approfondimenti e chiarimenti rimando all'articolo stesso ed alla bibliografia in esso contenuta.