

Распределенная модель бактериального поиска на основе марковских клеточных автоматов

Н. М. Ершов^{1,a}, С. В. Полуян^{2,b}

¹ Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова,
119991, Москва, ГСП-1, Ленинские горы, д. 1, стр. 52

² ГБОУ ВО Московской области "Университет "Дубна"
141980, Московская область, г. Дубна, ул. Университетская, 19

E-mail: ^a ershov@cs.msu.ru, ^b svpoluyan@gmail.com

Групповая робототехника представляет собой перспективное направление в области роевого интеллекта, заключающееся в построении робототехнических систем, состоящих из большого числа относительно просто устроенных роботов. Актуальной задачей в этой области является разработка распределенных алгоритмов управления такого рода системами. Проблема заключается в том, что требуется разработать алгоритм решения некоторой глобальной задачи, недоступной отдельным роботам, программируя локальное поведение многих таких роботов, действующих параллельно. В настоящей работе в качестве инструмента разработки такого рода распределенных алгоритмов предлагается использовать стохастические блочные клеточные автоматы с Марковскими системами правил. В таких автоматах каждая клетка помимо состояния, которое кодируется некоторым символом, обладает также ориентацией. Обновление состояния автомата выполняется посредством вероятностного разбиения множества его клеток на символьные цепочки с учетом ориентации клеток и последующей замене этих подцепочек согласно заданной системе правил. Особенностью предлагаемого подхода является то, что он позволяет единообразно описать как алгоритмическое поведение самих роботов, так и возможно неупорядоченное поведение среды. В работе рассматривается процесс разработки колонии искусственных бактерий, выполняющих коллективный поиск питательных веществ. За основу поведенческой модели бактерий был выбран алгоритм бактериального поиска – уже классический алгоритм роевой оптимизации, хорошо зарекомендовавший себя при решении различных задач непрерывной и дискретной оптимизации. В работе описывается клеточно-автоматная организация искусственных бактерий, предлагается реализация основных механизмов поведения бактерий – движение, рост, деление, смерть. Особое внимание уделяется построению механизма управления движением бактерий под действием химических сигналов – хемотаксису бактерий, играющего центральную роль в алгоритме бактериального поиска. Приводятся результаты компьютерного моделирования и численных экспериментов, показывающие работоспособность, как построенных распределенных алгоритмов управления колонией искусственных бактерий, так и всего клеточно-автоматного подхода к созданию такого рода алгоритмов.

Ключевые слова: роевой интеллект, роевая робототехника, бактериальный поиск, популяционное моделирование, клеточные автоматы

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (грант № 14-07-00628 А).

© 2016 Николай Михайлович Ершов, Сергей Владимирович Полуян

Введение

Групповая робототехника представляет собой перспективное направление в области роевого интеллекта, заключающееся в построении робототехнических систем, состоящих из большого числа относительно просто устроенных роботов [Brambilla, Ferrante, ..., 2013]. Актуальной задачей в этой области является разработка распределенных алгоритмов управления такого рода системами. В настоящей работе в качестве инструмента разработки такого рода распределенных алгоритмов предлагается использовать стохастические блочные клеточные автоматы с Марковскими системами правил [Ershov, Кравчук, 2015]. Особенностью такого подхода является то, что он позволяет единообразно описать как алгоритмическое поведение самих роботов, так и возможно неупорядоченное поведение среды. В работе рассматривается процесс разработки колонии искусственных бактерий, выполняющих коллективный поиск питательных веществ, при этом, особое внимание уделяется построению механизма управления движением бактерий под действием химических сигналов – хемотаксису бактерий [Passino, 2002].

Структура клеточно-автоматной модели бактерии

Задана двумерная прямоугольная область, в каждой клетке которой располагается ровно один символ из алфавита A . Кроме того, каждая клетка обладает некоторой ориентацией, т.е. ей приписано одно из четырех направлений – вправо (E), влево (W), вверх (N) и вниз (S). Будем считать, что пустые клетки автомата содержат «пустой» символ λ . Эволюция клеточного автомата происходит по следующей схеме. В начальный момент времени задается начальное распределение символов в форме символьной матрицы X , с элементами из алфавита A и начальное распределение направлений в форме матрицы D с символами из алфавита $\{E, W, N, S\}$. На каждом шаге алгоритма происходит модификация этих матриц в два этапа.

На первом этапе клетки матрицы X перебираются в случайном порядке. Если текущая клетка еще не была рассмотрена, то с вероятностью ω к ней присоединяется соседняя клетка, на которую указывает соответствующий символ матрицы D (если эта клетка еще свободна). В результате такого процесса матрица X разбивается на некоторое количество символьных цепочек. Пример такого разбиения показан на рисунке 1, начальные клетки в цепочках выделены черным цветом стрелок.

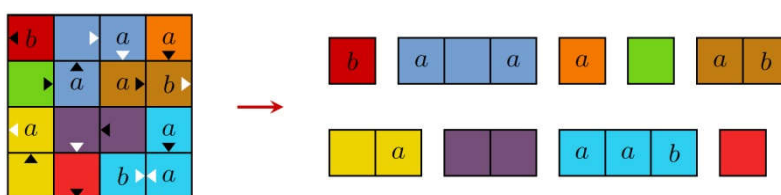


Рис. 1. Процесс разбиения клеточного пространства на символьные цепочки

На следующем этапе к каждой из полученных цепочек применяется правило из системы правил данного клеточного автомата. Каждое правило имеет вид $\alpha \rightarrow \beta [p]$, где α и β – две цепочки символов из алфавита A одинаковой длины, p – вероятность применения данного правила (по умолчанию $p = 1$). При этом каждый символ в цепочке β может быть помечен одним из модификаторов, которые указывают, как должна поменяться ориентация соответствующей клетки. Например, модификатор «*» определяет случайное изменение ориентации. Модификатор цифра меняет ориентацию данного символа на ориентации символа с указанным номером, которой последний обладал до применения этого правила.

Все пространство клеточного автомата условно разделяется на две части – на бактерии и на окружающую их среду. Будем предполагать, что среда представляется пустыми символами λ и рассматривается в качестве пространства, в котором перемещаются бактерии. Сами бактерии

представляются одномерными цепочками символов, в которых каждый символ (кроме последнего) ориентированы на следующий за ним символ. В базовом состоянии первая клетка цепочки, представляющей бактерию, содержит символ t (tail), последняя клетка цепочки – символ h (head), а все остальные *внутренние* клетки цепочки – символы x . Пример клеточного автомата с одной бактерией приведен на рисунке 2.

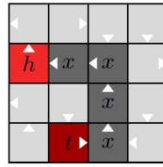


Рис. 2. Клеточно-автоматное устройство бактерии

Такая организация бактерий (с учетом описанной выше схемы разбиения клеточного пространства на одномерные цепочки) позволяет сделать все клетки бактерии (кроме головной клетки) недоступными для внешней среды. Все взаимодействие бактерии с внешней средой будет тогда производиться только со стороны (и с непосредственным участием) головного символа этой бактерии.

Реализация базовых типов поведения бактерий

Простейшим взаимодействием бактерии со средой является ее движение в пространстве, представленным этой средой. Схема прямолинейного движения бактерии описывается следующей системой правил:

$$\begin{cases} xh\lambda \rightarrow xmh^1, \\ xxt \rightarrow xtx, \\ txm \rightarrow tmx, \\ tm \rightarrow \lambda m. \end{cases}$$

Первое правило системы описывает процесс перемещения головы бактерии на свободную клетку перед ней. Символ m соответствует растяжению бактерии и по правилам $2-3$ этот символ постепенно перемещается к хвосту бактерии. Последнее правило перемещает хвост t на одну позицию и высвобождает пустой символ λ . Если к системе правил движения добавить правило $h \rightarrow h^*$, приводящее к случайному изменению ориентации головного символа, то бактерия начнет двигаться по случайной траектории.

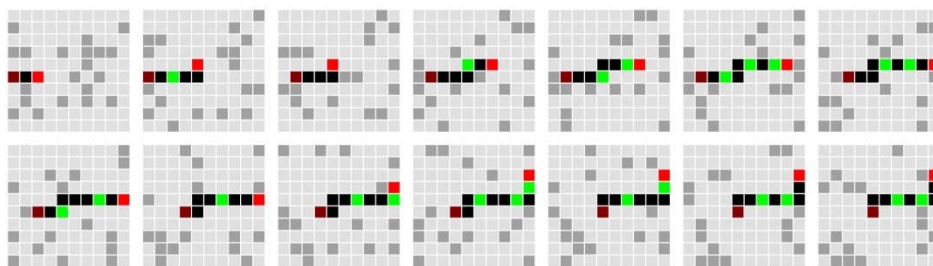


Рис. 3. Движение и рост бактерии

Будем представлять питательные вещества символами a . Эти символы будут совершать случайные блуждания, которые описываются следующей системой правил: $a\lambda \rightarrow \lambda a^*$, $a \rightarrow a^*$. Процесс потребления питательных символов бактериями в простейшем варианте описывается одним правилом $ha \rightarrow xh^*$, т.е. бактерия потребляет символ a , который тут же превращается во внутренний символ x , что приводит к росту бактерии. На рисунке 3 показан пример одновременного движения и роста одной бактерии.

Можно считать, что символы x представляют собой некоторую накопленную бактерией энергию. И эта энергия должна расходоваться на поддержание ее жизнедеятельности. Простейший вариант такого процесса расходования энергии может быть представлен одним правилом вида $tx \rightarrow \lambda t$, срабатывание которого приводит к уничтожению одного символа x . Варьируя вероятность p в этом правиле, можно менять скорость расходования накопленных питательных символов a – чем больше p , тем быстрее тратятся символы x , тем быстрее укорачивается бактерия.

Если длина бактерии уменьшается до 2 (цепочка th), то бактерия становится неактивной (она не может ни двигаться, ни питаться). В этом случае можно явно завершить ее существование правилом $th \rightarrow \lambda\lambda$. Таким образом, при отсутствии достаточного количества питательных веществ в окружающей среде бактерии постепенно вымирают. Если же питательных веществ в окружающей среде достаточно много, то длина бактерии будет неограниченно возрастать. Чтобы предотвратить такое развитие событий, можно ввести в рассмотрение деление бактерии на две новые бактерии при достижении ею некоторой критической длины.

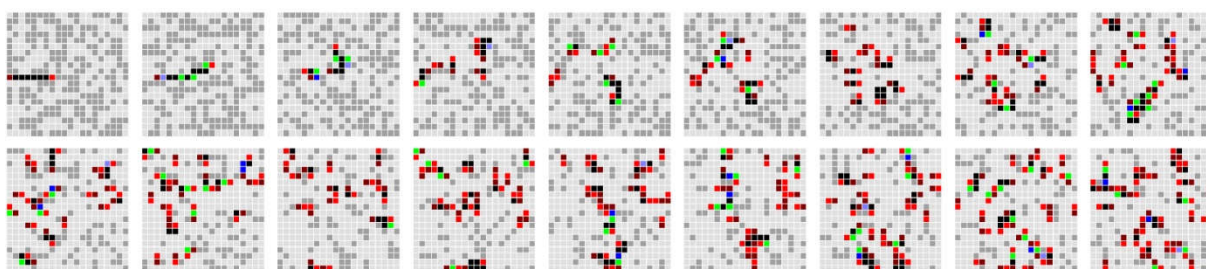


Рис. 4. Пример развития популяции бактерий

Этот процесс можно запрограммировать следующим образом. Символ t (хвост) с вероятностью p_1 генерирует *сигнальный* символ s : $tx \rightarrow ts$, который перемещается по направлению к головному символу: $sx \rightarrow xs$, $sm \rightarrow ms$. Этот символ, в свою очередь, с вероятностью p_2 вызывает деление бактерии в том месте, где он находится в данный момент времени: $sx \rightarrow ht$. Чем длиннее бактерия, тем больше вероятность, что она будет поделена на две новые бактерии. Пример развития популяции с одной бактерией в начальный момент времени приведен на рисунке 4.

Хемотаксис бактерий

Под хемотаксисом бактерий понимается некоторый адаптивный механизм движения бактерий, учитывающий тем или иным способом концентрацию химических веществ (питательных веществ или репеллентов) в окружающей бактерию среде. Известно, что многими видами бактерий реализуется т.н. градиентный механизм хемотаксиса, когда тип движения бактерий (прямолинейное движение или хаотическое движение) определяется по градиенту изменения, например, полезных веществ. Если их концентрация растет, то бактерия совершает более долгие прямолинейные движения. Если же эта концентрация начинает падать, то бактерия переходит к хаотическому движению.

В настоящей работе был реализован более простой «пороговый» вариант хемотаксиса. В этом случае бактерия также выбирает между двумя указанными выше типами движения, но теперь этот выбор производится на основании текущей концентрации питательных веществ, а не на ее градиенте. Если уровень концентрации высокий, то бактерия находится в «хорошем» месте, поэтому она переходит к хаотическому движению, которое не позволяет бактерии быстро удалиться от текущего ее положения. Если же уровень концентрации низкий, то бактерии надо как можно быстрее покинуть это место. Для этого бактерия просто переходит к прямолинейному движению в случайно выбранном направлении. Отметим, что «прямолинейность»

движения в данном случае означает, что бактерия относительно редко (по отношению к хаотическому режиму) меняет направление своего движения.

Была выполнена реализация такого механизма. Чтобы протестировать его работоспособность, была рассмотрена разновидность бактерий, которые не растут, не укорачиваются, не делятся и не умирают. Потребление питательных веществ, таким образом, не приводит к удлинению бактерий, а влияет только на способ их движения. В проведенном численном эксперименте в центре поля располагался «генератор питательных веществ», который с высокой частотой производит питательные символы, совершающих в дальнейшем случайные блуждания. Таким образом, концентрация питательных веществ оказывается тем выше, чем ближе текущая точка к источнику пищи. Всего в системе присутствовало 50 бактерий, которые в начальный момент времени были распределены равномерно по клеточному пространству.

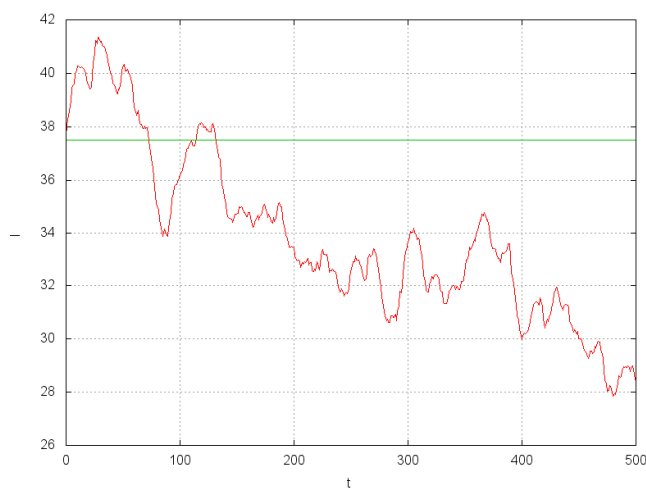


Рис. 5. Уменьшение расстояния до источника пищи под действием «порогового» хемотаксиса

На рисунке 5 показано, как изменяется среднее расстояние (среди всех бактерий) до источника пищи в процессе эволюции автомата. Прямая линия соответствует среднему расстоянию до источника пищи при случайном расположении бактерий. Видно, что постепенно все большее число бактерий начинает концентрироваться в окрестности источника пищи.

Таким образом, проведенные численные исследования показали, что описанный механизм порогового хемотаксиса является вполне работоспособным. Его эффективность, скорее всего, будет более высокой, если одновременно с ним использовать механизм отбора, основанный на росте бактерий и их делении при высокой концентрации пищи, а также укорачивания и смерти при недостатке пищи.

Список литературы

- Brambilla M., Ferrante E., Birattari M., Dorigo M.* Swarm robotics: a review from the swarm engineering perspective // *Swarm Intelligence*. 2013. Vol. 7, No. 1. P. 1–41.
- Ершов Н.М., Кравчук А.В.* Дискретное моделирование с помощью стохастических клеточных автоматов // *Вестник Российского университета дружбы народов: Серия Математика, информатика, физика*. 2015. № 2. С. 359–362.
- Ershov N.M., Kravchuk A.V.* Diskretnoe modelirovanie s pomoschyu stohasticheskikh kletochnykh avtomatov [Discrete Modeling Using Stochastic Cellular Automata] // *Vestnik Rossijskogo universiteta druzhby narodov: Seriya Matematika, informatika, fizika* [Bulletin of Peoples' Friendship University of Russia. Series Mathematics. Information Sciences. Physics]. 2015. No. 2. P. 359–362 (in Russian).
- Passino K.M.* Biomimicry of bacterial foraging for distributed optimization and control // *IEEE Control Systems Magazine*. — 2002. — Vol. 22, No. 3. — P. 52–67.

Distributed model of bacterial foraging algorithm based on Markov cellular automata

N. M. Ershov^{1,a}, S. V. Poluyan^{2,b}

² Moscow Region State Educational Institution for higher professional education University “Dubna”
19, Universitetskaya str., Dubna, Moscow region, 141980, Russia

E-mail: ^aershov@cs.msu.ru, ^bsvpoluyan@gmail.com

Swarm robotics is a new approach to the coordination of multi robot systems which consist of large numbers of mostly simple physical robots. It is supposed that a desired collective behavior emerges from the interactions between the robots and interactions of robots with the environment. An actual problem in this field is the development of the distributed algorithms for managing this kind of systems. Such kind of algorithms should solve a global problem, which is not available to individual robots, by programming the local behavior of many such robots operating in parallel. In this paper we propose to use stochastic block cellular automata as tool for the development of such distributed algorithms. In such automata every cell in addition to symbolic state has also orientation to one of its nearest neighbors. Updating the state of the automaton is performed by using probabilistic partition of its cells to the character chains, based on the orientation of the cells, and subsequent replacement of these chains according to a predetermined system of rules. A special feature of suggested approach is that it allows to uniformly describe both the algorithmic behavior of the robots themselves and disorderly behavior of the environment. The paper deals with the process of the development of artificial colony of bacteria that perform a collective search for nutrients. Used behavioral model of bacteria is based on the bacterial search algorithm, which is a classic swarm optimization algorithm, well-proven in solving various problems of continuous and discrete optimization. The paper describes the cellular automaton organization of artificial bacteria, suggested implementation of the major mechanisms of bacterial behavior – movement, growth, division and death. Particular attention is paid to the construction of moving control mechanism of bacteria under the influence of chemical signals – bacterial chemotaxis, which plays a central role in bacterial foraging algorithm. The results of computer modeling and numerical experiments are described, which show the performance as proposed distributed algorithms of controlling artificial colony of bacteria and the entire cell-automata approach to the creation of such algorithms.

Keywords: swarm intelligence, swarm robotics, bacterial foraging algorithm, population-based modeling, cellular automata

The work was supported by Russian Foundation for Basic Research (RFBR Project 14-07-00628).

© 2016 Nikolay M. Ershov, Sergey V. Poluyan