

# Automaty komórkowe

v. 2.71828182845904523536028

<http://home.agh.edu.pl/malarz/dyd/ak/>

**Krzysztof Malarz**

2 września 2019

Część I

# Teoria

## Model odwzorowań przypadkowych

ISTOTNIE.

- Zdziwiający przypadek, prawdę mówiąc.

CZASEM TAK BYWA.

- Wręcz niewiarygodny, można by uznać.

ŻYCIE SPRAWIA CZASEM TAKIE NIESPODZIANKI.

- Nie tylko życie, pozwolę sobie zauważyć [...]

[Terry Pratchett, *Wiedźmikołaj*, Prószyński i S-ka (Warszawa 2004)]

---

Szukając własności charakteryzujących dane odwzorowanie, możemy je porównać z ich średnimi po *wszystkich możliwych odwzorowaniach*. Zakładamy przy tym, że każde odwzorowanie jest równie prawdopodobne. Uzyskujemy w ten sposób model dynamiki zwany **modelem odwzorowań przypadkowych**.

Własności, które możemy porównywać, to:

- średnia długość cyklu granicznego,
- średni czas relaksacji,
- średni rozmiar basenu atrakcji (ilość konfiguracji, które kończą się w tym samym cyklu granicznym).

Obliczając te wielkości dla danego odwzorowania, obliczamy średnią po wszystkich stanach początkowych.

W Modelu odwzorowań przypadkowych (krócej - MOP) dokonujemy jeszcze jednego uśrednienia: **po wszystkich możliwych odwzorowaniach**.

Dla zbioru o  $N$  elementach istnieje  $N^N$  odwzorowań zbioru w siebie.

## Średnia długość cyklu

Obliczając średnią długość cyklu granicznego dla każdego z  $N^N$  odwzorowań musimy uwzględnić  $N$  możliwych stanów początkowych — pełna statystyka obejmuje więc  $N^{N+1}$  przypadków.

Ile jest przypadków, w których ewolucja już w pierwszym kroku pozostawi układ w stanie początkowym?

- W macierzy przejścia jest wówczas jedynka na diagonalu. Jest to możliwe na  $N$  sposobów. Ponieważ nie narzucamy innych warunków na położenie innych jedynek w macierzy odwzorowania: jedynki w  $(N-1)$  kolumnach można rozmieścić w  $N$  możliwych miejscach. Liczba takich przypadków:

$$K(c = 1, t = 0) = N \cdot N^{N-1}.$$

- Obliczając liczbę przypadków, gdzie drugi stan jest powtórzony ( $c = 2$ ), a stan początkowy należy do cyklu granicznego ( $t = 0$ ) liczymy jako:

$$K(c = 2, t = 0) = N \cdot (N - 1) \cdot N^{N-2}.$$

- Ogólny wzór na prawdopodobieństwo danej długości cyklu  $c$  i danego czasu włączeniowego  $t$ :

$$P_N(c, t) = \frac{K(c, t)}{N^{N+1}} = \frac{N!}{(N - t - c)!} N^{N-t-c}.$$

Rozkłady prawdopodobieństwa zmiennych  $c$  i  $t$  można otrzymać jako rozkłady brzegowe:

$$P_N(c) = \sum_{t=0}^{N-c} P(c, t),$$

$$P_N(t) = \sum_{c=1}^{N-t} P(c, t).$$

Tym sposobem możemy określić np. średnią długość cyklu:

$$\langle c \rangle = \sum_c cP(c) = \sqrt{\frac{\pi N}{8}}$$

, a jego dyspersja:

$$\langle (c - \langle c \rangle)^2 \rangle = \frac{16 - 3\pi}{24} N$$

i względny błąd wielkości  $c$ :

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \frac{\sqrt{\langle (c - \langle c \rangle)^2 \rangle}}{\langle c \rangle} \approx 0.7.$$

Średnia długość cyklu granicznego jest więc przykładem tzw. silnego braku samouśrednienia.



## Model Kauffmana

Badanie MOP przy użyciu symulacji komputerowych nastęca pewnych problemów: przy  $k = 2$  dla  $L = 10$  komórek mamy  $N = k^L = 2^{10} = 1024$  stanów układu.

Ilość odwzorowań do przebadania byłaby więc rzędu  $N^N \approx 10^{3000}$ .

Przykładem zagadnienia o dużym stopniu złożoności jest **model Kauffmana**:

- $k = 2$ ,  $L$  — liczba komórek w układzie,  $N = k^L$ ,
- stan komórki w  $(t + 1)$ -wszym kroku jest określony przez stan  $K$  innych komórek w  $t$ -tym kroku czasowym,
- regułę automatu losuje się na początku dla każdej komórki z osobna,
- losuje się również otoczenie każdej komórki.

Oryginalnie: do symulacji oddziaływania układu  $N$  genów (binarnych).

## Zasada działania:

- $r \rightarrow \infty$ : każdy gen wybiera losowo  $M$  sąsiadów spośród  $L - 1$  pozostałych,
- wówczas dla  $L \rightarrow \infty$  udaje się rodzaj rachunków średniopółowych: system jest niestabilny pod względem rozprzestrzeniania się uszkodzeń dla dużych  $M$ ,
- tu, duży oznacza już  $M = 2$ : mówimy o *katastrofie złożoności*,
- mutację, która zmienia *cały* garnitur genów (zmieniając np. fizyka w informatyka) nazywamy *katastrofą mutacyjną*.

Symulacje modelu Kaufmanna na sieciach regularnych z oddziaływaniem do najbliższych sąsiadów wyznaczonych przez tę właśnie sieć.

Wówczas dla każdego węzła pozostaje tylko wybrać jedną z  $2^M$  reguł.

- dla 1D i 2D-miodoplastrowej sieci system jest stabilny ze względu na rozprzestrzenianie się uszkodzeń (mutacji).
- dla kwadratowej, trójkątnej, 3D-SC, 4D-SC — już nie: mutacje propagują się na *całą* sieć.

- $L = 10^5$  genów:  $N = 2^L$  zestawów,
- w rzeczywistości zaś tylko  $10^3 \ll N$  różnych rodzajów komórek i dobry model powinien wyjaśnić, czemu jest ich tak mało,
- każdy gen wybiera regułę,
- przy  $M = 4$  sąsiadach mamy  $2^{16} = 65536$  możliwych reguł i każdy z  $L = 10^5$  genów stać na własną (regułę),
- reguły dla każdej komórki (genu) są wybierane losowo na początku symulacji i nie ulegają zmianie w czasie,
- wówczas system kończy w cyklu granicznym.

- Różne cykle graniczne odpowiadają różnym rodzajom komórek.
- liczba rodzajów tych cykli jest rzędu  $\sqrt{L}$  — no i tyle właśnie miało wyjść;
- dla  $L = 10^5$  osiągnięcie atraktora może trwać dłużej niż wiek Wszechświata — układ genów znajduje z pewnością sposób na ominięcie większości możliwych stanów i znalezienie stanu stacjonarnego,
- katastrofa złożoności: przy przejściu z  $M = 1$  do  $M = 2$  przechodzimy od krótkich cykli granicznych do chaotycznych i skomplikowanych.

[S.A.Kauffman, J. Theor. Biol. **22** (1969) 437][3]

[D.Stauffer, J. Phys. **A24** (1991) 909][2]

[K.Kułakowski, *Automaty komórkowe*, OEN AGH, Kraków 2000][1]

## Literatura

- [1] K.Kułakowski. *Automaty Komórkowe*. Kraków: OEN AGH, 2000.
- [2] D.Stauffer. W: *J. Phys.* A24 (1991), s. 909.
- [3] S.A.Kauffman. W: *J. Theor. Biol.* 22 (1969), s. 437.