

Alessandro Fontana: "Devo Co-evolution of Shape and Metabolism for an Artificial Organ"

(Ausarbeitung des Referats vom 18.06.12)

Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Informatik
Sommersemester 2012, 4. Fachsemester
Proseminar: "Artificial Life"
(Modul: B.Inf.27 Proseminar I)
Dozent: Prof. Dr. Winfried Kurt

Verfasser:
Michael Wolff
Hannoversche Straße 142
37077 Göttingen/Weende
michael.wolff87@gmx.de

Datum: 30.09.12

Inhalt:

| | |
|--|----|
| I. Einführung | 2 |
| II. Highlights des "Epigenetic Tracking" | 2 |
| III. Erweiterung des Modells | 7 |
| IV. Simulation & Auswertung | 11 |
| V. Biologische Korrelate | 15 |
| VI. Fazit & künftige Forschung | 15 |
| VII. Referenzen | 16 |

I. Einführung

Die bisherige Arbeit auf dem Gebiet der künstlichen Embryologie kann in zwei Kategorien unterteilt werden. Der grammatikalische Ansatz befasst sich mit der Entwicklung einer Menge von Umschreibungsregeln, genauer kontextfreien und kontextsensitiven Grammatiken oder L-Systeme.

Der zweite, zellchemische Ansatz versucht Zellbiologie auf einer tieferen Ebene zu simulieren, wie die Dynamiken chemischer Reaktionen und die Rekonstruktion von Netzwerken chemischer Signale. "Epigenetic Tracking" verfolgt den zellchemischen Ansatz und wurde erstmals 2008 von Alessandro Fontana, dem Schöpfer der Methode, beschrieben (Fontana, 2010: 16).

Die bestehende Methode kann nun auf zwei Arten Verwendung finden: Sie kann zum einen genutzt werden, um zu versuchen reale Probleme darzustellen und in Folge dessen zu beheben oder man versucht, durch Erweiterungen, die bestehende Lücke zwischen Modell und realen biologischen Systemen weiter zu schließen; letzteres wurde bereits 2009 durch Fontana, in seiner Arbeit über biologische Implikationen von Modellen, weiterverfolgt (Fontana, 2010: 16).

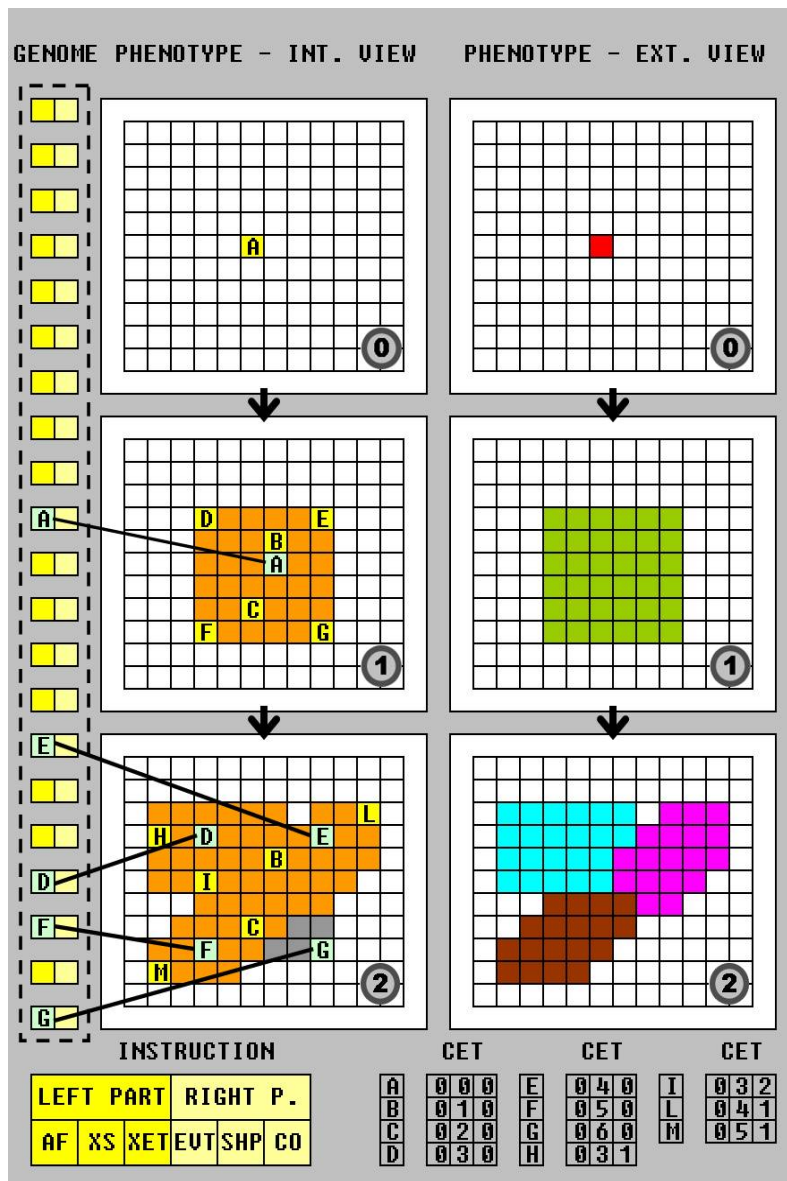
Fortfolgend wird im wesentlichen auf die Erweiterung der Methode eingegangen, um neben morphogenetischen auch metabolische Eigenschaften zu implementieren (Fontana, 2010: 16).

II. Highlights des "Epigenetic Tracking"

Zunächst wird der grobe Ablauf des "Epigenetic Tracking" betrachtet. Die erschaffenen Formen setzen sich aus künstlichen Zellen zusammen, die in ein Raster ("Grid") eingesetzt sind. Die Entwicklung beginnt mit einer Zygote, einer diploiden Zelle, die normalerweise durch die Verschmelzung zweier haploider Geschlechtszellen entsteht, welche zentral im "Grid" platziert wird. Die Entfaltung des Modells findet in n Alterungsschritten (AS) statt; sie stellen die globale Uhr des Organismus dar und werden unter allen Zellen geteilt (Fontana, 2010: 16).

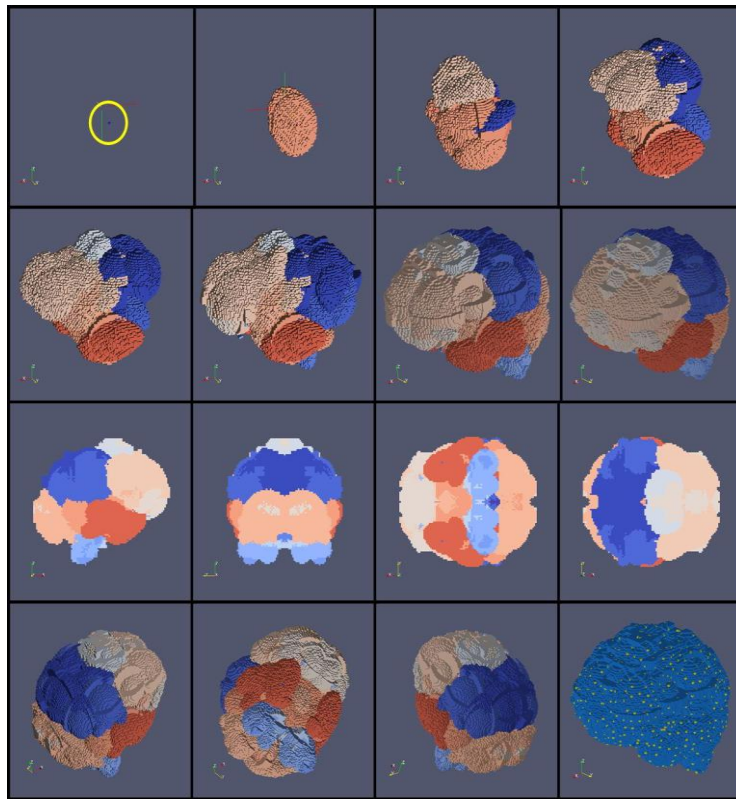
Es werden zwei Arten von Zellen unterschieden: Normale Zellen und Driver-Zellen. Normale Zellen machen den Großteil der Form des Organismus aus und besitzen sonst keine Funktionen. Driver-Zellen sind für die Entwicklung des Organismus verantwortlich. Es gibt weitaus weniger von ihnen als normale Zellen, etwa $1/100$; sie sind gleichverteilt auf die gesamte Form (Fontana, 2010: 16).

Driver-Zellen besitzen ein Genom, welches durch ein Feld von Instruktionen repräsentiert wird, auf das später noch genauer eingegangen wird. Sie besitzen außerdem eine Variable, genannt "cellular epigenetic type" (CET), die ein Feld von Integern ist. Für jede Driver-Zelle ist das Genom identisch und der CET verschieden; dementsprechend kann er als eindeutiger Schlüssel jeder Zelle gesehen werden (Fontana, 2010: 16).



(i)

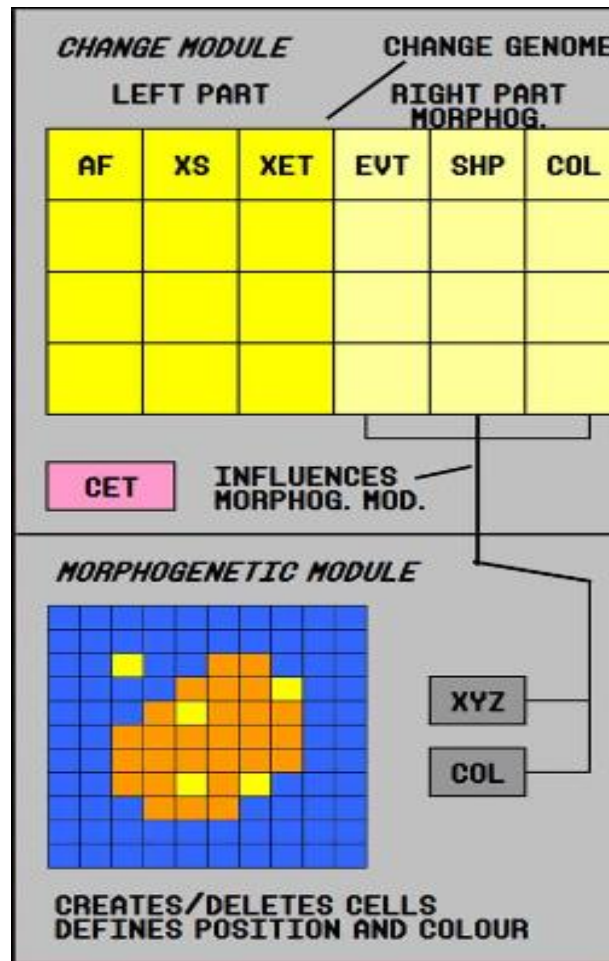
Die Betrachtung der Form des Organismus ist auf zwei Arten möglich: Bei der externen Sicht sind Zellen durch ihre Farbe dargestellt beziehungsweise unterschiedliche Bereiche des Organismus können farblich unterschieden werden. Bei der internen Sicht werden durch Farben Zelleigenschaften repräsentiert: blau sind lebendige normale Zellen, orange sind soeben erzeugte (im aktuellen AS) normale Zellen, grau sind soeben gestorbene Zellen und gelb sind Driver-Zellen, unabhängig ihrer Entstehungszeit. Der linke Teil der Instruktion setzt sich wie folgt zusammen: AF ist die "activation flag", die anzeigt, ob die Instruktion aktiv ist oder nicht; XS ist eine Variable des gleichen Typs wie AS; XET ist eine Variable des gleichen Typs wie CET. In jedem Schritt, für jede Instruktion und für jede Driver-Zelle testet der Algorithmus, ob der XET der Instruktion mit dem CET der Zelle übereinstimmt, genauso für XS und AS. Der XS fungiert in der Praxis also als zellinterner Timer, welcher die Instruktion zu einem bestimmten Zeitpunkt der Entwicklung des Organismus startet. Stimmt XS mit AS überein, wird der rechte Teil der Instruktion ausgeführt (Fontana, 2010: 17).



(ii)

Dieser setzt sich wie folgt zusammen: EVT ist der "event type", stellt also entweder eine Proliferation, die Zellteilung, oder eine Apoptose, den programmierten Zelltod, dar; SHP steht für "shape"; und CO steht für "color". SHP spezifiziert die Form des "change volume", des zellumgebenden Raumes, in dem Proliferations- bzw. Apoptose-Ereignisse auftreten. Die Form wird aus einer Anzahl Grundformen, sogenannter "shaping primitives", ausgewählt. CO legt die Farbe der durch Proliferation neu entstandenen Zellen fest. Bei einem Proliferations-Ereignis werden stets normale und Driver-Zellen erzeugt, wobei die neuen Driver-Zellen einheitlich über das "change volume" verteilt werden. Der CET der neuen Driver-Zellen setzt sich aus dem Wert der Mutter-Zelle und das Addieren von 1 an der i -ten Feld-Position zusammen, wobei i der Aktualwert des AS ist. Am Ende der Entwicklung des Organismus dient das "Anhängen" der vorliegenden Form an eine gewünschte Zielform als Gesundheitsmaß ("fitness measure"). Die Simulationen in Kapitel V zeigen, dass mit dieser Methode jede Art von Form mit beliebiger Komplexität erzeugt werden kann (Fontana, 2010: 17f.). Fontana erklärt: "The effectiveness of the method is, in our opinion, to be reconducted to the presence of a homogeneous distribution of driver cells, [...]" (Fontana, 2010: 18)

Das betrachtete Modell weist gewisse Ähnlichkeiten zu anderen Modellen der Entwicklung beziehungsweise Modellierung auf, zum Beispiel zu L-Systemen. Beide besitzen Produktionen, die den Austausch von Symbolen erlauben, jedoch gibt es einen Unterschied in der Art und Weise, wie neue Symbole erzeugt werden: bei L-Systemen müssen alle Symbole durch eine Liste festgelegt und bekannt sein (Fontana, 2010: 18).



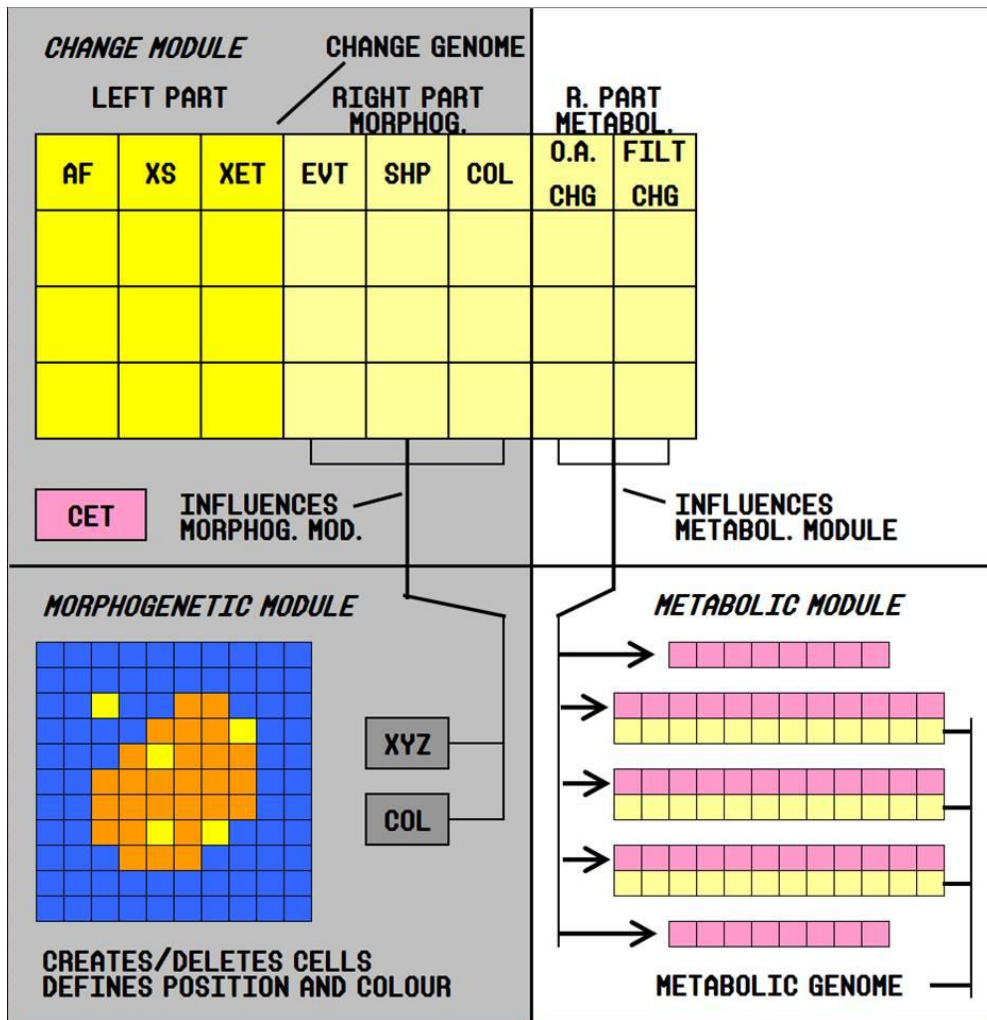
(iii)

Im vorliegenden Modell werden Symbole durch einen automatischen Prozess erzeugt und sind zuvor unbekannt; es ist lediglich bekannt, dass die Anzahl der Symbole proportional zur Größe des "change volume" ist. Ein weiterer Unterschied ist, dass in L-Systemen die Symbole einem endlichen Alphabet entstammen und hier das Alphabet praktisch unbegrenzt ist, was die Möglichkeit einer "open-end" Evolution bietet (Fontana, 2010: 18).

CA-basierte Modelle besitzen ebenfalls eine Variable für den Zellzustand, allerdings gibt es einen Unterschied in der Zuweisung dieser Variable: in CA-basierten Modellen setzt sich der Wert des Zellzustandes aus den Werten der benachbarten Zellen zusammen; im vorliegenden Modell gibt es eine einmalige Zuweisung des Wertes während der Proliferation. Des Weiteren unterscheiden CA-basierte Modelle keine Zelltypen, wie normale und Driver-Zellen (Fontana, 2010: 18).

In der bisher beschriebenen Modell-Version kann jede Zelle so gesehen werden, als bestünde sie aus zwei Modulen: ein "Morphogenetic Module", das alle zellulären Variablen bezüglich Morphologie, wie räumliche Position oder Farbe, besitzt; und ein "Change Module", welches eine Liste mit "change"-Instruktionen sowie dem CET besitzt. In Darstellung (iii) wird deutlich, wie die Instruktion des "Change Module" Veränderungen kodieren, die das "Morphogenetic Module" betreffen (Fontana, 2010: 18).

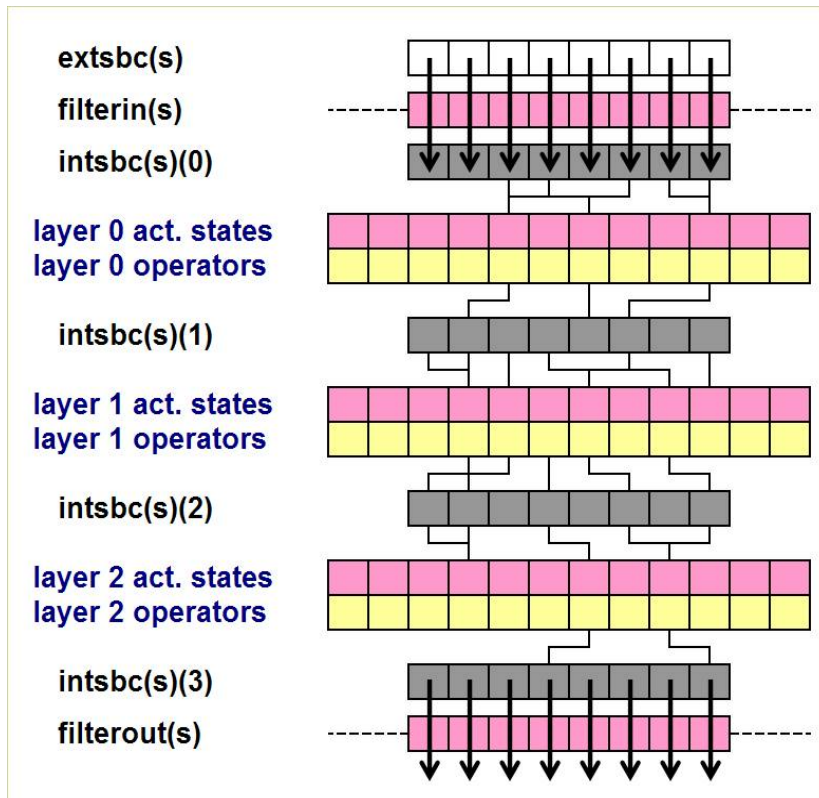
Jedes Modul besteht aus "genetischen" und "epigenetischen" Variablen: Die "genetischen" Variablen sind unveränderlich und in allen Zellen gleich; die "epigenetischen" Variablen verändern sich während der Entwicklung und können in jeder Zelle unterschiedlich sein. Dementsprechend besteht das "Change Module" aus einem Block genetischen Speichers, dem Genom, das nun "Change Genom" genannt wird, und einer epigenetischen Variable, dem CET. Neben Eigenschaften wie Position und Farbe besitzen Zellen bisher keinerlei Funktionen. Andererseits weiß man, dass Zellen komplexe chemische Reaktionen ausführen, indem sie gewisse Moleküle als Input verwenden und andere als Output produzieren. Die Summe dieser Reaktionen bezeichnet man als Zellmetabolismus. Allerdings sind einzelne Zellen keine hochkomplexen Maschinen: Erst die kombinierten Aktionen vieler einfacher "Prozessoren", wobei jeder lediglich eine kleine Anzahl Substanzen verarbeitet, realisiert den kompletten Zell-metabolismus. Solche Prozessoren werden von Genen implementiert und in relevanten Zellen aktiviert. Unterschiedliche Zelltypen besitzen unterschiedliche Muster der Genaktivierung und sind dadurch in der Lage, verschiedene spezialisierte Aufgaben zu erledigen. Gene sind standartmäßig aktiv; erst durch den Prozess der Methylierung, der ihre Transkription und somit ihre Verwendung innerhalb des Gennetzwerkes verhindert, findet eine selektive Deaktivierung bestimmter Gene statt. Im nächsten Abschnitt wird gezeigt, wie das Modell derart angereichert wird, dass ein Äquivalent eines metabolischen Netzwerkes realisiert werden kann (Fontana, 2010: 18f.).



(iv)

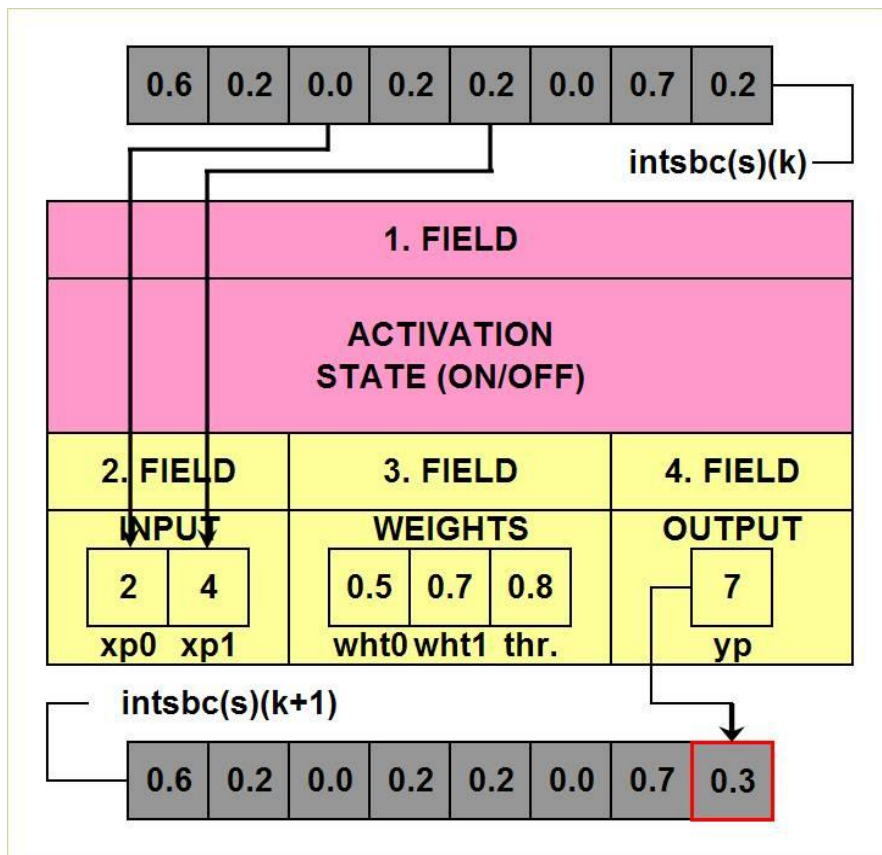
III. Erweiterung des Modells

Die Schlüsselinnovation der Erweiterung ist, dass ein neues Modul, namens "Metabolic Module", zur Implementierung metabolischer Prozesse eingeführt wird. Die für die Realisierung entsprechender Operationen benötigten Elemente, "Operatoren" genannt (in der Darstellung gelb), sind in Schichten organisiert und bilden ein zweites Genom, das "Metabolic Genome". Jeder Operator ist mit einer "binary flag" versehen (in der Darstellung rosa), die dessen Aktivierungszustand angibt. Das neue Modul besitzt außerdem zwei Felder, die der Verwaltung des Austauschs von Substanzen zwischen intra- und extrazellulärem Raum dienen: "filterin" und "filterout". Wie in Darstellung (iv) bereits zu sehen ist, besitzt jetzt auch das "Change Genome" eine erweiterte Form. Der rechte Teil seiner Instruktion hat nun zusätzliche Spezifikationen für die Veränderung zellmetabolischer Dynamiken: O.A.CHG steht für "operator activation changes" und FILT CHG für "filter changes". Diese Spezifikationen führen zu einer "Spezialisierung" des Zellverhaltens, die unabhängig vom Genom ist, wie in biologischen Systemen üblich (Fontana, 2010: 19).



(v)

Die Operanden sind ein Äquivalent chemischer Substanzen und in zwei Felder gruppiert: "internal substance concentration" (intsbc) und "external substance concentration" (extsbc). Beide Felder besitzen Werte vom Typ "real" aus dem Intervall [0,1]. Der erste Prozessierungsschritt ist das Kopieren des Inhaltes von extsbc(s) nach intsbc(s)(0), sofern filterin(s) gleich 1 ist, sonst wird intsbc(s)(0) mit Null initialisiert. Die weiteren Rechenschritte können anhand der Darstellung nachvollzogen werden. Der gesamte Rechengang erfolgt strikt sukzessive. Zum Ende des Zyklus "verlässt" der Inhalt von intsbc die Zelle und wird dem extsbc aller anderen Zellen hinzugefügt; der Wert von intsbc(s)(k) wird vor dem Verlassen mit zwei Faktoren multipliziert: Der erste Faktor geht aus filterout(s) hervor und ist entweder -1 oder +1; der zweite Faktor ist ein Wert vom Typ "real" aus dem Intervall [0,1], der vom Abstand dieser Zelle und allen anderen Zellen, dessen extsbc vom intsbc dieser Zelle stammt, abhängt. Die Funktion von filterout ist also analog zu der von filterin, mit Ausnahme des Wertebereichs (Fontana, 2010: 19f.).



(vi)

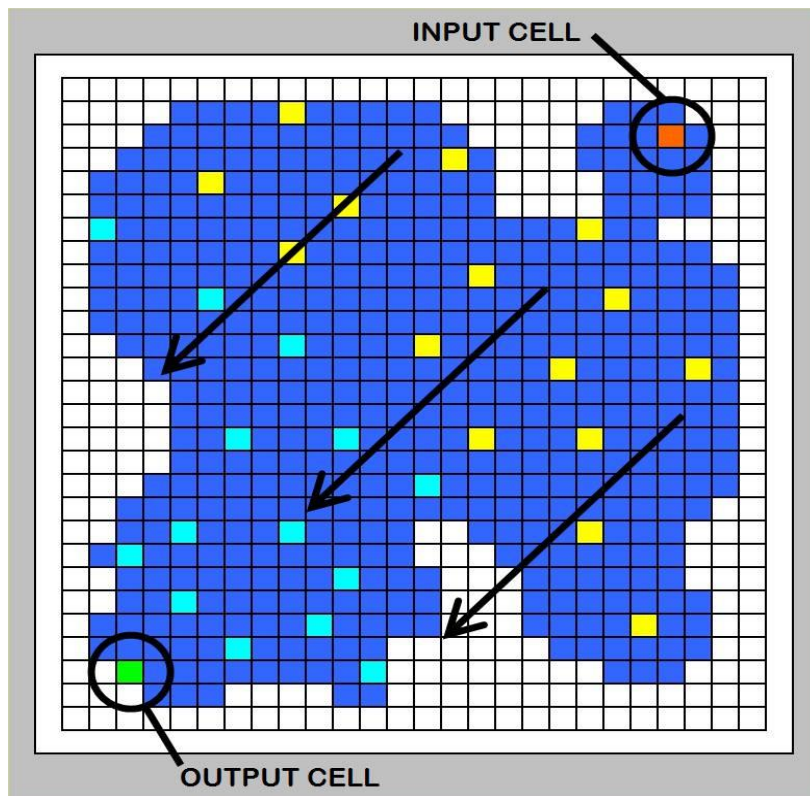
In Darstellung (vi) ist die Ausführung einer Operation eines Operators exemplarisch gezeigt. Das erste Feld gibt den Aktivierungszustand des Operators an ("binary flag"). Das zweite Feld ist ein Array aus N Integern (hier $N = 2$), wobei der i -te Integer $xp(i)$ die Position der i -ten Inputsubstanz im $intsbc$ angibt. Das dritte Feld ist ein Array aus $N+1$ "float", wobei der i -te "float" $wht(i)$ das Gewicht ist, mit dem der i -te Wert des $intsbc$ multipliziert wird; die Produkte werden anschließend aufsummiert und zum $(N+1)$ -ten Gewicht, "threshold" genannt, addiert. Das vierte Feld (yp) ist ein Integer, der die Position des $intsbc$ repräsentiert, zu der der Output-Wert des Operators (yv) addiert wird (Fontana, 2010: 20).

Die Implementierung der Operationen ist durch die folgenden Gleichungen beschrieben:

$$y_v = \sigma(\sum(wht(i) * intsbc(xp(i)(k))) + thr)$$

$$intsbc(yp)(k+1) = intsbc(yp)(k) + y_v \quad (\text{Fontana, 2010: 20})$$

Aus Gründen der Berechenbarkeit sind metabolische Prozesse bisher nur für Driver-Zellen implementiert. Zur Formwahrung und in Hinblick auf den Rechenfluss werden eine Input- und eine Output-Zelle definiert. Da zu Beginn eines Experimentes die Positionen der Driver-Zellen unbekannt sind, werden zwei beliebige Punkte im Raum gewählt; die beiden dieser Punkte nahgelegensten Driver-Zellen werden dann als Input- und Output-Zelle angenommen. Anschließend wird jeder Driver-Zelle eine Nummer entsprechend ihrer Distanz zur Input- bzw. Output-Zelle zugewiesen (Fontana, 2010: 20).



(vii)

Je näher eine Zelle an der Output-Zelle liegt, desto höher ist ihre Nummer; in der Darstellung ist blau demzufolge höherwertiger als gelb. Die Berechnung erfolgt dann sukzessive, beginnend bei "Nummer 1"-Zellen (Fontana, 2010: 20).

Der Abschluss dieses Abschnitts ist die Darstellung, wie das "Metabolic Module" in das Gesamtmodell integriert wird. Alterungsschritte (AS) können in eine "change phase" und eine "expression phase" unterteilt werden. In der "change phase" lösen die Variablen CET und AS das Proliferations- bzw. Apoptose-Ereignis einiger Driver-Zellen aus. Neu entstandene Zellen bekommen Position und Farbe in Abhängigkeit ihrer Mutter-Zellen und einen morphogenetischen Anteil des rechten Teils der Instruktion zugewiesen. Ihnen werden zusätzlich ein Satz von Operatoren, Aktivierungszuständen und Filtern vererbt. Der metabolische Teil der Instruktion bewirkt außerdem Veränderungen in der Aktivierungsmustern der Operatoren und Filter, infolgedessen Spezialisierungen auftreten können. In der "expression phase" werden nun spezialisierte metabolische Funktionen ausgeführt, genauer: die Prozessierung von Substanzen. Für diese beiden Phasen lassen sich biologische Korrelate finden: Die "change phase" kann als Mitose-Phase und die "expression phase" als Interphase, also die Phase zwischen letzter und nächster Zellteilung, gesehen werden. Der Hauptunterschied zur Biologie liegt allerdings in der Synchronizität, die dort nicht vorhanden ist (Fontana, 2010: 21).

IV. Simulation & Auswertung

Das erweiterte Modell wurde nach dem gleichen Kriterium wie das vorherige bewertet: Es wurde die Anfälligkeit des Modells getestet, ein gewünschtes Resultat in Kombination mit einem Standard evolutionären Algorithmus zu erzeugen, mit anderen Worten wurde das Modell auf seine "evolvability" getestet. Zur Bewertung wird zunächst eine Fitnessfunktion bezüglich der Morphogenese, also der Form, von de Garris (1999) angenommen:

$$sfit = (ins - outs) / des \quad (\text{Fontana, 2010: 21})$$

Hierbei ist "ins" die Anzahl Zellen der entwickelten Form, die in die Zielform fallen, also eben jene Zellen, deren Position der entwickelten Form die gleiche ist wie die der Zielform. "outs" ist die Anzahl Zellen der entwickelten Form, die nicht in die Zielform fallen, und "des" bezeichnet die Gesamtzahl an Zellen der Zielform. Bei einer gefärbten Zielform muss zusätzlich die Farbübereinstimmung berücksichtigt werden, das heißt, dass "ins" nur erhöht wird, wenn sowohl die Position als auch die Farbe der betrachteten Zelle übereinstimmt.

Zur Bewertung des neuen metabolischen Teils wird eine zweite Fitnessfunktion eingeführt:

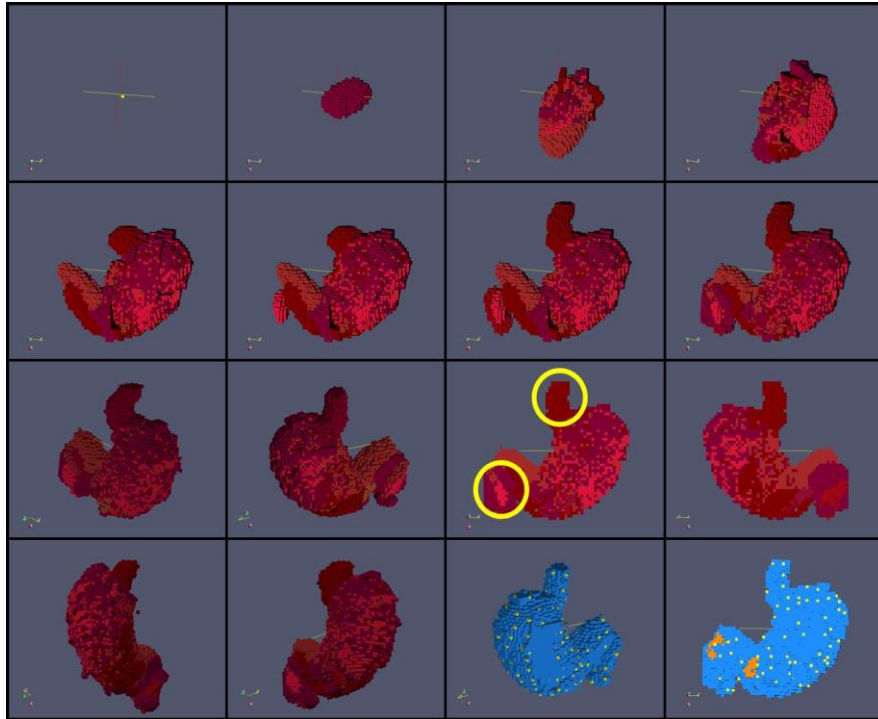
$$mfit = \sum (abs(actout(e)(s) - tgtout(e)(s))) / (E*S) \quad (\text{Fontana, 2010: 21})$$

"actout" ist der vorliegende Output bezüglich des Durchlaufs e und des Substanz-Typen s und "tgtout" der gewünschte Zieloutput, beide unter Berücksichtigung einer bestimmten Eingabe "tgtin". Die Summation wird anschließend über die Anzahl Terme (E*S) normiert, wobei E die Anzahl Durchläufe und S die Anzahl Substanz-Typen ist.

Die Gesamtfitness errechnet sich dann als gewichteter Schnitt der Form- und Metabolic-Fitness:

$$fit = coe1 * sfit + coe2 * mfit \quad (\text{Fontana, 2010: 21})$$

In den vorliegenden Simulationen ist $coe1 = coe2 = 0.5$.



(viii)

Darstellung (viii) zeigt die Entwicklung eines künstlichen Magens, unter Annahme folgender Parameter: 20.000 Zellen, "Driver to normal ratio" = $1/4^3$, Anzahl Substanzen = 8, Anzahl Operatoren = 16, Anzahl Durchläufe = 10. Das Genom setzt sich aus 300 Instruktionen zusammen und die Entwicklung dauerte über 3000 Generationen. Die gelben Kreise deuten die Positionen der Input- und Output-Zellen an (Fontana, 2010: 21f.).

| | CELL | OPERATORS | | | | | | | | | | | | | | | |
|--------------|------|-----------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|----|----|----|----|----|----|
| | # | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 |
| ACTIV. STATE | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 3 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 |
| ACTIV. STATE | 4 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 5 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 6 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 7 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 8 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 9 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 10 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 11 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 12 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 13 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 14 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 15 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 16 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 17 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 18 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 19 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 20 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 21 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 22 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 23 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 24 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 25 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 26 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 |
| ACTIV. STATE | 27 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 28 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 29 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 30 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 31 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 32 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 33 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 34 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 35 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 36 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 37 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 38 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| ACTIV. STATE | 39 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 |

(ix)

In dieser Darstellung (ix) sind die Aktivierungszustände der Operatoren der ersten 40 Zellen aufgelistet. Zellen die während des gleichen Ereignisses entstanden sind, weisen gleiche Aktivierungsmuster auf (Fontana, 2010: 22).

| | | SUBSTANCES | | | | | | | | |
|-----------------|---|------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| | | e | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 |
| INPUT | 0 | | .40 | .20 | .00 | .10 | .10 | .80 | .60 | .00 |
| TARGET | | | .70 | .20 | .00 | .30 | .30 | .50 | .00 | .70 |
| OUTPUT | | | .50 | .02 | .12 | .29 | .00 | .00 | .00 | .68 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .20 | .18 | .12 | .01 | .30 | .50 | .00 | .02 |
| INPUT | 1 | | .90 | .00 | .50 | .80 | .00 | .00 | .00 | .00 |
| TARGET | | | .20 | .50 | .00 | .10 | .90 | .00 | .00 | .00 |
| OUTPUT | | | .29 | .18 | .18 | .16 | .00 | .00 | .00 | .01 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .09 | .32 | .18 | .06 | .90 | .00 | .00 | .01 |
| INPUT | 2 | | .20 | .10 | .00 | .20 | .40 | .00 | .00 | .20 |
| TARGET | | | .00 | .00 | .60 | .00 | .00 | .60 | .00 | .20 |
| OUTPUT | | | .34 | .11 | .19 | .29 | .00 | .00 | .00 | .19 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .34 | .11 | .41 | .29 | .00 | .60 | .00 | .01 |
| INPUT | 3 | | .50 | .40 | .30 | .60 | .80 | .00 | .00 | .90 |
| TARGET | | | .10 | .40 | .20 | .00 | .30 | .10 | .50 | .40 |
| OUTPUT | | | .15 | .40 | .19 | .09 | .00 | .00 | .00 | .42 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .05 | .00 | .01 | .09 | .30 | .10 | .50 | .02 |
| INPUT | 4 | | .80 | .00 | .70 | .00 | .00 | .30 | .00 | .40 |
| TARGET | | | .60 | .10 | .80 | .50 | .90 | .70 | .00 | .00 |
| OUTPUT | | | .62 | .19 | .14 | .09 | .00 | .00 | .00 | .05 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .02 | .09 | .66 | .41 | .90 | .70 | .00 | .05 |
| INPUT | 5 | | .30 | .60 | .00 | .70 | .50 | .70 | .10 | .80 |
| TARGET | | | .90 | .00 | .00 | .80 | .00 | .00 | .00 | .90 |
| OUTPUT | | | .12 | .00 | .04 | .73 | .00 | .00 | .00 | .99 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .78 | .00 | .04 | .07 | .00 | .00 | .00 | .09 |
| INPUT | 6 | | .00 | .00 | .60 | .30 | .00 | .50 | .00 | .20 |
| TARGET | | | .70 | .20 | .60 | .30 | .50 | .00 | .50 | .20 |
| OUTPUT | | | .46 | .22 | .18 | .09 | .00 | .00 | .00 | .17 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .24 | .02 | .42 | .21 | .50 | .00 | .50 | .03 |
| INPUT | 7 | | .10 | .70 | .90 | .00 | .10 | .00 | .90 | .00 |
| TARGET | | | .50 | .30 | .40 | .90 | .10 | .00 | .10 | .00 |
| OUTPUT | | | .49 | .30 | .17 | .09 | .00 | .00 | .00 | .00 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .01 | .00 | .23 | .81 | .10 | .00 | .10 | .00 |
| INPUT | 8 | | .90 | .00 | .70 | .10 | .40 | .80 | .60 | .00 |
| TARGET | | | .40 | .80 | .00 | .00 | .00 | .80 | .00 | .30 |
| OUTPUT | | | .34 | .19 | .19 | .09 | .00 | .00 | .00 | .26 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .06 | .61 | .19 | .09 | .00 | .80 | .00 | .04 |
| INPUT | 9 | | .40 | .20 | .00 | .50 | .00 | .60 | .00 | .30 |
| TARGET | | | .00 | .00 | .10 | .70 | .20 | .00 | .60 | .70 |
| OUTPUT | | | .34 | .01 | .10 | .65 | .00 | .00 | .00 | .69 |
| ABS (TGT - ACT) | | | .34 | .01 | .00 | .05 | .20 | .00 | .60 | .01 |

(x)

Die nächste Darstellung zeigt Vergleiche zwischen vorliegenden und gewünschten Substanzkonzentrationen; je dunkler ein Feld ist, desto größer ist die Differenz zwischen "actout" und "tgtout" (Fontana, 2010: 22).

Die Resultate, sowohl für den morphogenetischen als auch den metabolischen Teil, sind positiv: Der finale Wert der Formfitness ist 0.82 und der finale Wert der Metabolic-Fitness ist 0.80 (Fontana, 2010: 22).

V. Biologische Korrelate

Epigenetik beschreibt Veränderungen des Phenotyps, also die Menge aller Merkmale eines Organismus beziehungsweise der Genexpression, die nicht durch Veränderung der DNA hervorgerufen wird. Nach Kapitel II ist der CET also epigenetischer Natur, besitzt aber, soweit bekannt, kein biologisches Korrelat. Die Erweiterung des Modells führt zwei neue epigenetische Speicher ein, deren biologische Korrelate eindeutig verifizierbar sind: die Operator-Aktivierungszustände entsprechen den DNA-Methylierungsmustern und die Input-/Output-Substanzfilter entsprechen den Kanälen der Zellmembran, die ebenfalls eine selektive Funktion besitzen. Bezüglich des genetischen Teils besitzt das erweiterte Modell zwei Genome: das "Change Genome" und das "Metabolic Genome". Diese Unterscheidung findet keine Entsprechung in der Biologie; jedoch ist das biologische Genom dem "Metabolic Genome" in der Struktur ähnlicher. Eine Möglichkeit, die Lücke zwischen Modell und Realität zu verkleinern, wäre, die Spezifikationen der "Change"-Instruktionen, also der Instruktionen des "Change Module", aufzuspalten um anschließend beide Genome in eine Gesamtstruktur zurückführen zu können (Fontana, 2010: 22, 23).

In der Biologie wird das Zellverhalten durch 3 Faktoren beeinflusst: dem Genom, dem Epigenom und dem Einfluss der chemischen Mikroumgebung. Zellverhalten kann des Weiteren in eine "change"-(Mitose-)Phase und einen "expression"-(Inter-)Phase unterteilt werden; die vorherige Modell-Version deckte lediglich den "change"-Teil, mit genetischen und epigenetischen Mechanismen, ab, die erweiterte Version deckt zusätzlich "expression"-Teil, ebenfalls mit genetischen und epigenetischen Mechanismen, ab. Der nächste logische Schritt, um die Lücke weiter zu schließen, ist also der Einbezug einer zellulären Mikroumgebung (Fontana, 2010: 23).

VI. Fazit & künftige Forschung

Wie anhand der vorliegenden Ergebnisse zu sehen ist wurde das ursprüngliche Modell durch ein Äquivalent eines metabolischen Netzwerkes erweitert, wodurch eine erfolgreiche co-Entwicklung von sowohl Form als auch Metabolismus erreicht wurde. Künftige Arbeit wird versuchen, die Lücke zwischen Modell und realer Biologie, durch die Implementierung einer chemischen Mikroumgebung, weiter zu schließen (Fontana, 2010: 23).

VII. Referenzen

Fontana, A. (2010): Devo Co-evolution of Shape and Metabolism for an Artificial Organ. Artificial Life XII, Proceedings of the 12th International Conference on the Synthesis and Simulation of Living Systems. Odense 2010. Eds.: Harold Fellersmann et al.
<http://mitpress.mit.edu/books/chapters/0262290758chap6.pdf> (last access 04.10.12). pp.16-23

Vorherige und weiterführende Arbeiten Fontanas zu diesem Modell:

Fontana, A. (2008): Epigenetic tracking, a method to generate arbitrary shapes by using evo-devo techniques. EPIROB VIII, Proceedings of the 8th International Conference on Epigenetic Robotics: Modeling Cognitive Development in Robotic Systems. Brighton 2008.
<http://arxiv.org/pdf/0805.2522v1.pdf> (last access 04.10.12). pp. 1-12

Fontana, A. (2009): Epigenetic tracking: Biological implications. In: Kampis, György / Karsai, István / Szathmáry, Eörs (Eds.): Advances in Artificial Life. Darwin Meets von Neumann. 10th European Conference, ECAL 2009, Budapest, Hungary, September 13-16, Revised Selected Papers, Part I, Springer, pp. 10-17.

Fontana, A. And Wróbel, B. (2011): Epigenetic tracking: an evolutionary-developmental approach to generate very large complex systems. DevLeaNN 2011, Proceedings of the Workshop on Development and Learning in Artificial Neural Networks. Paris 2011.

http://devleann.iscpif.fr/proceedings/devleann2011_fontana.pdf (last access 04.10.12). pp. 1-4

(Fontana: „In this short report, we investigate the properties of a mechanism for increasing diversity in the population in the genetic algorithm used with ET.“)

Bildernachweis:

Alle in der vorliegenden Ausarbeitung verwendeten Bilder entstammen:

Fontana, A. (2010): Devo Co-evolution of Shape and Metabolism for an Artificial Organ. Artificial Life XII, Proceedings of the 12th International Conference on the Synthesis and Simulation of Living Systems. Odense 2010. Eds.: Harold Fellersmann et al.
<http://mitpress.mit.edu/books/chapters/0262290758chap6.pdf> (last access 04.10.12). pp.16-23