

Bio-FPGA:
**Una plataforma computacional masivamente paralela y fuertemente
bioinspirada implementada en hardware reconfigurable**

Bio-FPGA:
**A massively parallel, strongly bioinspired platform implemented in
reconfigurable hardware**

Jaime Alberto Parra Plaza
Grupo de Concurrencia AVISPA, Pontificia Universidad Javeriana, Cali, COLOMBIA
Grupo de Bionanoelectrónica, Universidad del Valle, Cali, COLOMBIA
{ jparra@puj.edu.co; jparra@univalle.edu.co }

Resumen

En la búsqueda de arquitecturas que exploten el procesamiento concurrente, los sistemas bioinspirados son una propuesta interesante. Sin embargo, existe en ellos un componente secuencial que impide el paralelismo real. Por otra parte, los sistemas multiprocesador se enfrentan a problemas como la sincronización, los recursos compartidos y la coherencia de la información. Este artículo describe un modelo computacional inteligente, inspirado en el sistema citoplasmático, que implica un paralelismo explícito y que elimina las dificultades mencionadas al excluirlas del modelo. Con miras a evaluar su viabilidad, una implementación en una FPGA ha sido diseñada.

Abstract

In searching architectures for exploiting concurrent processing, bioinspired systems are an interesting approach. However, there exists in them a sequential component that restrains true parallelism. On the other hand, multiprocessor systems face problems such as synchronization, shared resources, and information coherence. This paper describes an intelligent computational model, inspired in the cytoplasmic system, that implies an explicit parallelism and that eliminates the aforementioned difficulties by excluding them from the model. In order to evaluate its viability, an implementation in an FPGA has been designed.

1. Introducción

La sociedad contemporánea se autodefine como la sociedad de la información. La informática y su soporte físico, los computadores, están omnipresentes en todas las actividades humanas y, eventualmente, la intromisión de los computadores podría llegar incluso hasta los propios cuerpos de los seres humanos, en la forma de computación nómada o computación diluida [1]. Sistemáticamente, la industria y los usuarios demandan constantemente más potencia de cómputo, ante lo cual las ciencias de la computación han respondido de dos maneras un tanto diferentes en cuanto a los diseñadores del hardware y del software.

Con respecto al hardware, la mejora de los equipos se ha dado a través de un incremento *cuantitativo* de las características de los mismos: capacidad de los medios de almacenamiento, tanto de las memorias internas como de los discos externos; velocidad de procesamiento; optimización de las arquitecturas; uso de coprocesadores, como los de procesamiento numérico o de procesamiento gráfico; interfaces de comunicación más rápidas; entre otras.

Por su parte, la ingeniería de software ha ido elaborando toda una serie de modificaciones a los sistemas operativos y compiladores con miras a desarrollar programas que optimicen el procesamiento de los datos, los cuales son cada vez más interrelacionados y abundantes. El resultado ha sido un cambio en los paradigmas de computación que ha ido migrando desde los programas manejados por control a

los programas manejados por datos [2]. Las actuales plataformas de desarrollo, todas basadas en el paradigma de programación orientado a objetos, así lo indican. Más aún, el uso de plataformas multiusuario y multitarea se ha convertido en un estándar en la programación contemporánea. Sin embargo, dado que los computadores siguen siendo fabricados utilizando una arquitectura *secuencial*, existe una constante necesidad de conciliar la discrepancia entre un programa concurrente y la arquitectura secuencial que soporta su ejecución.

Una de las formas de tratar de paliar este efecto ha sido el uso de sistemas de computadores en paralelo, tales como la computación en *grilla*, los *transputers* o la computación distribuida. Dado que los computadores que conforman dichas redes siguen siendo secuenciales, la principal dificultad que se tiene en estos sistemas es cómo lograr una *comunicación efectiva* entre los diversos integrantes de la red. Éste es de hecho un cuello de botella actualmente, pues, en la mayoría de los casos, los sistemas de múltiples computadores gastan más tiempo en los procesos de intercambio de datos y de sincronización que el que usan para realizar sus propios cálculos [3]. Las estrategias de múltiple núcleo sólo son efectivas para los tipos *Dual-* o *Quad-Core*. La eficiencia sólo llega con la sobreespecialización como es el caso del *Cell* [4].

Con miras a tratar de eliminar esta problemática, muchos investigadores han sugerido que es necesario modificar el concepto mismo de la arquitectura de cómputo [5]. Todos los computadores comerciales contemporáneos se basan en la arquitectura de programa almacenado concebida por John von Neumann hacia los años 1950s y que muchas veces se designa por su nombre. Esta arquitectura es claramente secuencial y los intentos por hacerla paralela involucran lidiar con la solución de problemas complejos como la sincronización, los recursos compartidos, la consistencia de la información y el cambio de contexto, entre otros.

En la búsqueda de arquitecturas explícitamente paralelas, la naturaleza se ha mostrado como una fuente interesante de inspiración, dando lugar a los llamados *sistemas bioinspirados* [6]. Los intentos actuales de crear sistemas paralelos siguiendo el paradigma biológico no han resultado en sistemas realmente paralelos; los ejemplos más representativos, las redes neuronales artificiales o los algoritmos genéticos, si bien poseen un conjunto de datos ciertamente distribuidos en paralelo, manipulan los datos de una

manera secuencial, cayendo en varios de los problemas anteriormente citados.

Buscando fuentes de inspiración alternativas, el microentorno que existe en una célula biológica constituye un ejemplo muy importante de un sistema paralelo que es a la vez autónomo y susceptible de integración ascendente [7]. Al mismo tiempo, una forma de crear sistemas en donde el paralelismo se dé tanto en los datos como en el control hace uso de la teoría de los *sistemas complejos* [8] para explicar las propiedades subyacentes en la estructura citoplasmática. La solución de los problemas por parte de una célula emana de la interacción armoniosa entre sus elementos especializados (membrana, citoplasma y núcleo) combinada con un mecanismo explícito de generalización mediante el concierto de un conjunto de agentes móviles que interactúan con estos elementos pseudo-estáticos siguiendo patrones simples que eventualmente dan lugar a comportamientos complejos si son forzados a los mismos a través de restricciones externas [9].

El presente artículo describe un modelo computacional basado en un conjunto de sistemas multiagente [10], en donde cada agente se ha diseñado partiendo de la metáfora de un agente molecular biológico. Cada agente persigue fines específicos, pero a partir de los mecanismos de cooperación y competencia, junto con una jerarquía transmitida genéticamente, el sistema como un todo es capaz de resolver problemas complejos únicos. El modelo se basa en una formalización de principios extraídos de la biología molecular, la etiología y las neurociencias, suficientemente sólidos como para garantizar su robustez; los lectores interesados en profundizar en los detalles formales de dicha base conceptual, encontrarán mucho mayor detalle en [11].

2. Sistemas Complejos

Por definición, la ciencia busca obtener una comprensión del Universo a todos los niveles. Dada la magnitud de la tarea, el ser humano se vio precisado a *parcelar* el conocimiento para acometer tamaña empresa, de allí el surgimiento de las diferentes disciplinas científicas. Una división cruda de la ciencia se ha dado tradicionalmente con respecto al objeto de conocimiento: las ciencias naturales y las ciencias sociales. De hecho, ha existido siempre un debate en cuanto a si las segundas son realmente ciencia, argumentando que no utilizan formalmente el método

científico. Los nombres equivalentes de ciencias *duras* y *blandas* con que muchas veces se distinguen estos grupos disciplinares refuerza más la disputa.

Siendo justos, es importante aclarar que gran parte de los espectaculares éxitos logrados por las ciencias naturales se debe a que, siendo su objeto de estudio la materia en sus diferentes facetas, puede permitirse el lujo de la realización de experimentos controlados, cosa difícil o imposible de hacer para el caso de las ciencias sociales, tanto por las implicaciones éticas que acarrearía tal manipulación como porque las características que se buscan estudiar sólo se evidencian cuando se estudian los sistemas abiertos (poblaciones, comunidades, grupos de individuos, incluso grupos de células si es el caso).

Sin embargo, cuando algunas disciplinas de las ciencias naturales eligieron como su objeto de conocimiento el intelecto humano (caso de las neurociencias, de las ciencias cognitivas y, más cercanamente a nosotros, de la inteligencia artificial) la situación cambió drásticamente [12]. En el caso de la inteligencia artificial, ésta pasó por una época inicial de grandes éxitos para luego generar una gran decepción al no lograr éxitos similares en tareas que se entendía *deberían* ser más sencillas, como la visión artificial o la interacción social.

En gran medida ese éxito inicial se logró justamente porque, de manera conciente o inconsciente, se eligieron como problemas de estudio aquéllos cuyo espacio de solución y reglas de deducción están muy delimitadas (prueba de teoremas, estructuras de moléculas, diagnóstico médico). De hecho, el único enfoque que ha sobrevivido de esa época es el de los *sistemas expertos*, debido a que se desenvuelven en actividades muy especializadas en donde los problemas son restringidos y pueden resolverse a partir de un conocimiento limitado del mundo. En cierta forma, estos nichos de especialización replican el entorno cerrado existente en un laboratorio de experimentación, y en tal sentido el enfoque *reduccionista* de la ciencia clásica se aplica muy bien a los mismos [13].

Cuando se pasó a problemas más “simples”, tales como el razonamiento por sentido común o el aprendizaje de comportamientos por imitación o asociación, rápidamente se apreció que el reduccionismo no estaba llevando a ningún lado y que la solución de estos problemas parecía requerir de un enfoque bastante diferente [14]. Curiosamente, la guía la ofreció el propio reduccionismo, pero, en vez de buscar las *primitivas* o unidades mínimas del sistema (algo así como los *átomos* del conocimiento) se

empezó a generar una corriente de investigaciones que propuso el uso de *pequeñas* unidades de cómputo, de forma que el conocimiento se distribuía entre las mismas y en conjunto resolvían el problema [15]. Los primeros enfoques, tales como las redes neuronales artificiales, los algoritmos genéticos y, más recientemente, los sistemas inmunes artificiales y los sistemas de enjambres se basan en la metáfora de “la unión hace la fuerza”, es decir, disponer de una ingente cantidad de elementos tontos que en conjunto logran hacer lo que individualmente no podrían. Ésta es la aproximación de la inteligencia computacional.

Un punto en donde la propuesta presente se diferencia ampliamente con respecto a las formulaciones de la inteligencia computacional es que, a pesar de que el sistema se compone igualmente de un conjunto de *nanoprocesadores*, no es necesario, de hecho no es deseable, que todos sean iguales. La solución de los problemas consiste precisamente en la *especialización* que establece cada elemento o conjunto de elementos. Esta especialización no se da por azar sino que es forzada naturalmente ante las restricciones implicadas en el problema [16].

La teoría de sistemas complejos establece que si a un conjunto de elementos, inicialmente indiferenciados, se les aplica una restricción externa que debe cumplirse necesariamente, dichos elementos serán forzados a formar grupos más pequeños y a *automantenerlos* por interacción cooperativa entre los elementos intergrupales e interacción competitiva entre los diversos grupos [17]. Dado que la máquina de estados que recorre cada elemento es no-lineal, es posible disponer de un mecanismo de cómputo *general* y al mismo tiempo lograr soluciones *específicas* para un problema dado. Es más, la *inestabilidad* natural de estos sistemas permite una dinámica mediante la cual la *adaptabilidad* emerge del sistema. Por otra parte, la distribución explícita de la información brinda una tolerancia natural a los fallos [18].

3. Plataforma BIO-FPGA

Uniendo las piezas que se han comentado en los apartados anteriores, se acometió la tarea de diseñar un sistema de cómputo con las siguientes características:

- Ser masivamente paralelo
- Realizar una computación explícitamente concurrente
- Utilizar la metáfora de los sistemas complejos
- Ser fuertemente bioinspirado

Todas estas posibilidades se pueden implementar de manera más natural utilizando los dispositivos de lógica reconfigurable [19]. Dado que la arquitectura implementada se basa en las consideraciones arriba mencionadas, en adelante se referirá a este sistema con el nombre de Bio-FPGA, el cual indica que dicho sistema se rige por las características asociadas a los sistemas reactivos-difusivos presentes en el citoplasma celular [20] y que está implementado en un dispositivo reconfigurable del tipo FPGA.

La plataforma se compone de un conjunto de entidades en donde cada una posee ciertas similitudes con una célula biológica. Cada una de estas células físicamente está implementada en una FPGA o en parte de ella. Como tal, la célula artificial consta de una membrana, un citoplasma, un conjunto de organelas, un núcleo y un conjunto de proteínas (Figura 1). Cada uno de estos elementos equivale computacionalmente a un agente, el cual posee un propósito, un historial y un conjunto de puertos para interactuar con el resto de agentes [21].

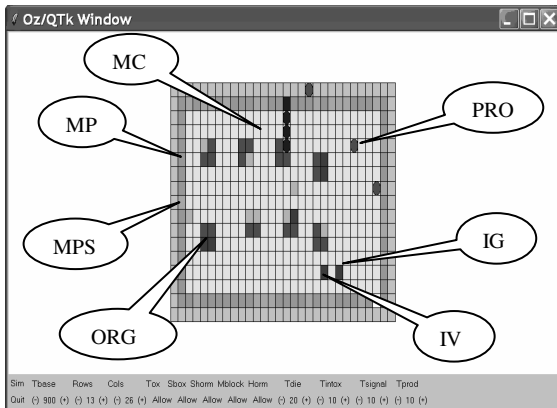


Figura 1.
Modelo de una célula en Bio-FPGA.

A partir de la Figura 1 se sigue que el modelo para una célula artificial en Bio-FPGA alberga varios conjuntos de agentes: un conjunto de agentes que conforman la membrana plasmática (en la Figura indicados por MP y por MPS, este último indicando que están recibiendo alguna señal), los cuales cumplen la función de regular selectivamente la entrada y salida de información desde y hacia la célula. Un conjunto de agentes que conforman la matriz citoplasmática (indicados como MC), los cuales dan cuenta de las atracciones y repulsiones electrostáticas y de promover la difusión de elementos para mantener una densidad uniforme en la célula. Otros agentes forman las

organelas (marcados como ORG), los cuales están actuando como productores de insumos (indicados dos diferentes: IV e IG). Finalmente, los agentes proteicos (indicados por PRO), los cuales se entrelazan para llevar a cabo la computación mediante autoensamblado.

Los agentes presentes en la membrana hacen las veces de un mecanismo de entrada / salida general para la célula, con la característica fundamental de ser un puerto de tipo *activo*; incluso, podría decirse, de tipo *proactivo*. Efectivamente, de acuerdo con el tipo de señales que estén ingresando y del estado del procesamiento actual, la membrana determina no sólo si los datos deben o no ingresar, sino el tipo de *preprocesamiento* que se debe realizar sobre los mismos con miras a optimizar el procesamiento posterior. Igualmente, puede determinarse si la *secuencia* de los datos requiere algún tipo de memorización o incluso una modificación del plan de procesamiento.

El citoplasma corresponde a una matriz de agentes que actúan bajo el concepto de vecindad inmediata. Éstos, más que agentes, pueden considerarse objetos activos, ya que carecen de movilidad, pero, dado que el mecanismo de transferencia de la información hace que en determinados casos la información se vea como si estuviera transportada por un efecto de *difusión*, el nombre de agente se mantiene para estos constructos. El citoplasma aloja los datos y se encarga de mantener la consistencia entre los mismos. De hecho, son los datos mismos los que proactivamente establecen relaciones entre ellos, en procura de poder brindar información adicional cuando se requiera en el proceso de solución.

Las organelas son agrupaciones especializadas de agentes inmersas en el citoplasma. Pueden surgir como respuesta al establecimiento de un grado de simetría muy alto entre un conjunto de datos o más frecuentemente por la sugerencia explícita de creación a partir de una orden emanada desde el núcleo o impulsada por una secuencia de datos desde el exterior. Cada organela se especializa en la producción de determinadas proteínas o de tipos especiales o extendidos de datos. En general, salvo que se establezca lo contrario, las organelas poseen un tiempo de vida finito, lo cual va a favor de la no-saturación o sobre-especialización del entorno.

El núcleo se construye como un símil de un núcleo celular. Posee información codificada susceptible de ser expresada, es decir, susceptible de ser usada como una directiva que indique qué se debe construir y cómo

hacerlo para generar una nueva célula con una funcionalidad similar a la actual. El núcleo también posee la información relativa al tipo de proteínas que pueden expresarse en determinada célula. Esta expresión es a su vez regulada por otras proteínas, con lo cual se establecen sistemas retroalimentados equivalentes a rutas metabólicas que pueden tener cualquier nivel de complejidad y de anidamiento. De acuerdo con el tipo de realimentación que sea preponderante en la ruta, es posible la aparición de esquemas de realimentación negativa (regulación y amplificación), realimentación positiva (integración, derivación y saturación) y oscilación autónoma o parametrizada [22].

Las proteínas corresponden a una versión más clásica de agentes. Las proteínas son los agentes que en sí resuelven los problemas. Cada uno de ellos tiene por objetivo resolver un problema muy simple y en la interacción y colaboración entre los mismos se define y determina las secuencias a establecer para la solución de un problema dado. Al igual que con las organelas, las proteínas tienen tiempos de vida finitos, para garantizar el dinamismo explícito de la plataforma.

El ingreso de información a una célula se da también a través de proteínas. Éstas, a diferencia de las proteínas citoplasmáticas, tienen por objetivo fundamental presentar el problema a la célula. Se destacan dos tipos de proteínas extracelulares: las que acarrear información y las que acarrear restricciones [23]. Las primeras transportan datos, individuales o de conjuntos, relevantes para el problema; las segundas transportan condiciones que se imponen sobre dichos datos. En algunos casos una proteína puede transportar ambos tipos de información si en tal caso se logra una optimización. Éste es un caso particular de la capacidad de las proteínas de manipular los datos a través de su fragmentación, su combinación o su modificación. En caso extremo, un dato puede ser eliminado si ya no es actualmente significativo.

Es evidente que existe un dinamismo muy fuerte en la propuesta planteada que no puede ser implementada completamente en hardware. Varias alternativas han sido planteadas. En un caso se experimentó con una arquitectura híbrida de hardware reconfigurable, que incluye una FPGA más un microprocesador embebido. La FPGA se usa aquí para implementar la grilla citoplasmática en tanto que el microprocesador se usa para la creación dinámica de las proteínas. Una segunda aproximación consiste en tener proteínas potenciales predefinidas en el hardware y activarlas cuando se desee que ingresen al sistema. La existencia de arquitecturas más cercanas al símil biológico, como

la que actualmente se desarrolla en el proyecto Perplexus (www.perplexus.org) permitirá más facilidad en la incorporación dinámica de agentes proteicos.

4. Pruebas y Resultados

El sistema se ha probado a través de ejemplos tomados de diferentes campos en donde constituyen ejercicios representativos de una serie mayor de problemas. Puesto que existen proyectos anteriores en donde se ha hecho procesamiento de diversos tipos de señales: imágenes [24], vídeo [25], palabras [26] y comunicaciones [27]; cada uno de los mismos se ha reformulado utilizando la presente propuesta y se han añadido a un sistema único.

Dada la naturaleza explícitamente distribuida del sistema, la inclusión de nuevos módulos no requiere ningún tratamiento especial y pueden añadirse en línea, utilizando un mecanismo de tipo *plug-and-play*. Más aún, puesto que la interacción del usuario con el entorno se da utilizando una propuesta pedagógica ya definida anteriormente [28] y que la creación de nuevos módulos se da en un contexto visual [29], es posible para el usuario añadir, eliminar y reconfigurar módulos rápidamente.

Con miras a precisar detalles específicos de la implementación, se describirá a continuación un ejemplo muy simple de la sección correspondiente al tratamiento de imágenes y vídeo. Es importante recalcar que una de las fortalezas de la propuesta radica precisamente en que las acciones de procesamiento (computación), validación (aprendizaje) y modificación (adaptación) se presentan de manera integrada de tal modo que la plataforma es tanto un sistema de cómputo general como un sistema de inteligencia computacional.

Uno de los mayores problemas en el tratamiento de imágenes lo constituye la *segmentación* [30], en el cual el objetivo es determinar los objetos que están presentes en una imagen. Cuando se tienen imágenes de juguete en donde cada objeto tiene un borde muy bien definido y no hay solapamientos entre los diversos objetos, la segmentación se hace de manera inmediata, pero cuando se dispone de imágenes reales en donde el ruido hace que muchos bordes estén difuminados y en donde existe la posibilidad de traslapes entre los diferentes objetos, el problema de la segmentación se hace mucho más complejo, de hecho actualmente sigue siendo un problema abierto. Para la discusión que sigue, considérese la imagen dada en la Figura 2.



Figura 2.
Imagen a ser segmentada por Bio-FPGA.

Para un ser humano esta figura representa un triángulo y la deducción es inmediata y única. Un sistema tradicional de procesamiento de imágenes tendrá dificultad en hallar la misma solución. Para Bio-FPGA, este problema se resuelve en el preprocesamiento que se efectúa en el subsistema de visión, un equivalente del sentido de la vista en un ser vivo [31].

Cada píxel, o punto de la imagen, es asignado a una unidad de cómputo asociada. Puesto que la *fractalidad* [32] es un principio implícito en los sistemas complejos, y es seguida en la presente propuesta, la estructura y funcionalidad en Bio-FPGA se da de una manera coherente en todos los niveles. Es así como un problema dado puede atacarse indistintamente de forma que la unidad básica de cómputo sea una molécula, una organela o una célula. Para el ejemplo actual, se asumirá que cada píxel se relaciona con una molécula y que el sistema de procesamiento de imágenes es una célula.

El procesamiento comienza cuando un pulso maestro es enviado al subsistema. Dicho pulso corresponde a una sesión de procesamiento de una imagen, tal como se hace cada 24avo de segundo por el ojo humano [33]. Cada molécula, de manera espontánea, emite señales a sus moléculas vecinas. Ante la recepción de tales señales, las moléculas empezarán a agruparse inicialmente con moléculas vecinas con las que se tenga un contacto directo, obteniéndose un conjunto inicial de trazos lineales o circulares que constituyen la fase de elaboración (Figura 3a).

En este punto se sigue una fase de resolución en donde el primer paso lo constituye un *alineamiento*, valga decir, si el campo eléctrico que emana de una macromolécula alcanza el campo eléctrico de una macromolécula vecina siguiendo su eje más representativo, cuando haya una confluencia axial o un entrecruzamiento sobre un vértice, se hará una fusión de las macromoléculas implicadas usando enlaces débiles (Figura 3b).

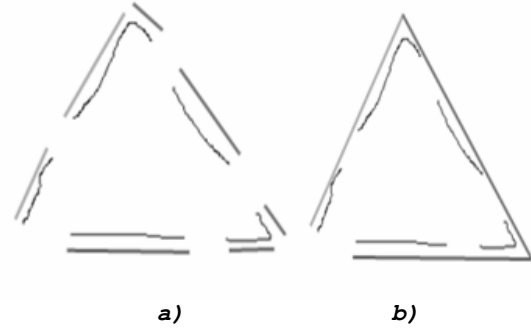


Figura 3.
a) Creación de moléculas por vecindad.
b) Extensión de moléculas por campo eléctrico.

Esta *competencia*, dirigida por la mayor afinidad direccional, constituye un ejemplo de un mecanismo general de cómputo presente en el sistema: ante una actividad espontánea grupal, de índole cooperativa, se desencadena una selección por fortaleza, que termina por establecer la imposición de características al grupo, concepto que en complejidad se denomina *bifurcación* [34].

El paso final se da por *especulación*. Cada trazo se extiende virtualmente siguiendo su eje ya establecido. Si esta extensión se entrecruza con otra extensión, las extensiones son añadidas como componente a las macromoléculas y se hace una fusión similar a la indicada antes (Figura 4a).

Puesto que en este momento se ha logrado un estado de *inactividad* y que se ha hallado un entorno *cerrado*, se procede a darle mayor solidez a través de la creación de moléculas *bisagra* en cada vértice y de la creación de enlaces covalentes entre las mismas, las cuales constituirán información esencial para un procesamiento posterior de más alto nivel (Figura 4b).

Dada la incesante naturaleza dinámica del sistema, en cuanto un objeto se forma sus moléculas bisagra emiten señales para establecer un *centro de gravedad*, el cual, una vez hallado, implica la *creación* de un agente que representa el objeto. Dicho agente, en el cual se concentran las características que definen el objeto, como su área, extremos, etc., emite ahora señales en busca de otros agentes de su *mismo* nivel, es decir, de otros objetos. Una vez hallados, y contrastados sus parámetros con el mismo, es posible que se formen *macroestructuras* que corresponden a arreglos de objetos. El impulso a formar estas estructuras, o principio de la búsqueda de *simetrías* [35], es tan fuerte que arrastra al conjunto a estructuras

parcialmente existentes o incluso inexistentes, en alta concordancia con la respuesta dada por el sistema de visión humano [36].

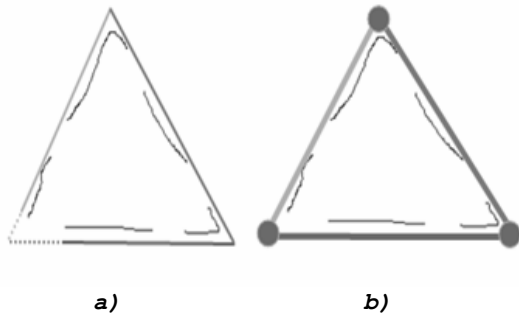


Figura 4.

- a) *Extensión de moléculas por especulación.*
 b) *Consolidación del objeto mediante enlaces covalentes.*

De manera concurrente, una vez un objeto ha sido establecido, sus señales son también enviadas a la base de datos o *memoria* del sistema, en donde son comparadas con objetos anteriormente clasificados y sus contextos son explicitados hacia un mecanismo de inferencia general. Es decir, la detección de un objeto, como un triángulo en el ejemplo presente, desencadena la búsqueda de correlaciones con respecto a escenarios similares registrados en el pasado, esto se constituye en un principio de *análisis*, el cual lleva aparejado, en caso de no hallarse similitudes, un proceso generalizado de *aprendizaje* [9].

La discusión previa se ha hecho con imágenes para hacerla más didáctica, pero es claro que el *objeto* que se procesa puede ser cualquier cosa, no sólo objetos geométricos. Si el “objeto” es un número y el patrón a establecer es “ordenamiento”, el procesamiento aquí se da de una manera muy similar a como se pliega una proteína (Figura 5).

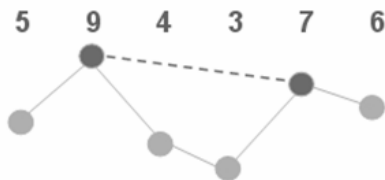


Figura 5.

Bifurcación aplicada al ordenamiento numérico.

Por otra parte, la eficiencia del sistema permite aceptar su validez como estrategia de computación. La Figura 6 muestra el tiempo de procesamiento del sistema de visión explicado anteriormente, el cual es lo suficientemente corto como para permitir el procesamiento de vídeo en tiempo real [25].

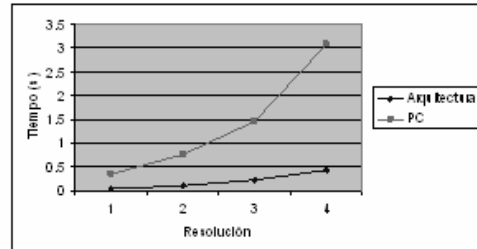


Figura 6.

Tiempo usado por Bio-FPGA para procesar una imagen (1=320x240; 2=640x480; 3=1280x960; 4=2590x1920).

7. Conclusiones

- El cambio de paradigma en cuanto a la fuente de inspiración sobre la cual basar una arquitectura de cómputo permite que, de manera natural, problemas que existen en otros paradigmas no existan en el paradigma escogido.
- Un sistema paralelo, para ser computacionalmente efectivo, debe tener aparejado un mecanismo de concurrencia que explote apropiadamente dicho paralelismo. En el caso presente, la metáfora del citoplasma permite lograr dicha explotación.
- Con miras a lograr que el entorno posea cualidades tan deseables como la adaptabilidad y la tolerancia a fallos, conservando su carácter de generalidad, la teoría de sistemas complejos se constituye en un referente apropiado para guiar la funcionalidad de los agentes.
- Implementar un sistema paralelo utilizando procesadores secuenciales acarrea la aparición de problemas inherentes a ese tipo de sistemas híbridos. El uso de plataformas como los FPGA garantiza que el sistema sea auténticamente paralelo y permite que las características definidas en el modelo se expresen realmente.

8. Referencias

- [1] P. Pojol y J. Go, "What's new? special? different?: innovative program formats", *Mediaforum*, Número 2-3, pp. 45-46, 2003.
- [2] N. Zhong y J. Liu, *Web intelligence*, Springer-Verlag, 2003.
- [3] T. Braunl, *Parallel Image Processing*, Springer-Verlag, 2001.
- [4] <http://researchweb.watson.ibm.com/cell/>
- [5] E. Sánchez y otros, "Phylogeny, Ontogeny, and Epigenesis: Three Sources of Biological Inspiration for Softening Hardware" en *Proc. of the First Intl. Conf. on Evolvable Systems: From Biology to Hardware (ICES96)*, vol 1259. Springer-Verlag, 1996.
- [6] D. Mange, D y otros, "Embryonics: a New Family of Coarse-Grained FPGA for Self-Repair and Self-Reproducing Properties" en *Proc. of the 1st Intl. Conf. on Evolvable Systems*, vol 1062. Springer-Verlag, 1996.
- [7] J.A. Parra, "Citoelectrónica: Un paradigma de IC basado en la dinámica de los retrovirus" en *CIIC 2005 Congreso Internacional en Inteligencia Computacional*, Montería, Colombia, 2005
- [8] I. Prigogine, *Exploring complexity*, W.H. Freeman & Company, 1989.
- [9] J.A. Parra, "Citocomputación: un paradigma de inteligencia computacional basado en neurobiología molecular", en *Congreso Colombiano de Bioingeniería 2005*, Bogotá, Colombia, 2005.
- [10] M. Wooldridge, *MultiAgent Systems*, Wiley, 2002.
- [11] J.A. Parra, "A-Community: un entorno multi-agente para inteligencia computacional fuertemente bioinspirada" en *CIIC 2007 Congreso Internacional en Inteligencia Computacional*, Bogotá, Colombia, 2007.
- [12] Trappl, Petta y Payr, *Emotions in Humans and Artifacts*, MIT, 2002.
- [13] S.J. Russell y P. Norvig, *Inteligencia Artificial: un enfoque moderno*, Pearson-PrenticeHall, 2004.
- [14] H. Moravec, *The Wanderers*, Omni, 1984.
- [15] J. Mira, *Biological and Artificial Computation*, Springer-Verlag, 1997.
- [16] H. Haken, *Advanced synergetics: instability hierarchies of self-organizing systems and devices*, Springer-Verlag, 1983.
- [17] S. Kauffman, *The origins of order: self-organization and selection in evolution*, Oxford University Press, 1993.
- [18] S. Kauffman, *At home in the universe: the search for laws of self-organization and complexity*, Oxford University Press, 1995.
- [19] E. Sánchez, E. y otros, "POETic: A Prototyping Platform for Bio-inspired Hardware", en: *Proc. of the 6th Intl. Conf. on Evolvable Systems, ICES05*, vol 3637. Springer-Verlag, 2005.
- [20] L. Matsson, *Nonlinear cooperative phenomena in biological systems*, World Scientific Publishing, 1998.
- [21] J. Liu y J. Wu, *Multi-agent robotic systems*, CRC Press, 2001.
- [22] S. Grand, *Creation: life and how to make it*, Harvard Univ. Press, 2000.
- [23] V.A. Saraswat, *Concurrent constraint programming*, MIT Press, 1993.
- [24] J.A. Parra, F. Benítez y L.F. Belalcázar, "Laboratorio de Visión Artificial Mediante la Utilización del Procesamiento Digital de Señales", Tesis de Grado, Pontificia Universidad Javeriana Cali, 2004.
- [25] J.A. Parra, E.J. Ramírez, J.A. Moreno y C.A. Bolaños. "Arquitectura híbrida FPGA/DSP para el seguimiento de objetos en tiempo real", en *Iberchip 2007*, Lima, Perú, 2007.
- [26] J.A. Parra, A. Graciano y F. Lancheros, "Sistema de Reconocimiento de Palabras para Activación de Comandos Mediante Procesamiento Digital de Señales y Redes Neuronales" en *CIIC 2005 Congreso Intl. en Inteligencia Computacional*, Montería, Colombia, 2005.
- [27] J.A. Parra y F. Amaya, "Didactic Tool for Teaching Communication Systems and Digital Signal Processing" en *Computational Methods in Circuits and Systems Applications*, Editores: N. Mastorakis y otros, pp. 296-304. Electrical and Computer Eng., WSEAS Press, 2004.
- [28] J.A. Parra y F. Amaya, "Brain-Learning-Model-Based DSP Teaching Environment for Communication Systems" en *ICASSP 2004. IEEE Intl. Conf. on Acoustics, Speech, and Signal Proc.*, Montreal, Canada, 2004.
- [29] J.A. Parra, D. Ramos y A. Tigreros, "NeuralPLD: una plataforma para implementar, simular e interactuar con redes neuronales artificiales en hardware reconfigurable" en *II Congreso Internacional en Inteligencia Computacional*, Medellín, Colombia, 2003.
- [30] A.D. Kulkarni. *Computer vision and fuzzy-neural systems*, Prentice Hall, 2001.
- [31] I. Overington. *Computer Vision: a Unified, Biologically-Inspired Approach*, Elsevier, 1992.
- [32] S. Makishima, *Pattern Dynamics*, Kodansha Scientific, 2001.
- [33] D. Marr, *Vision*, W.H. Freeman, 1982.
- [34] I. Prigogine, *Las leyes del caos*, Crítica, 1999.
- [35] W.R. Hess, *Biological order*, Springer-Verlag, 1981.
- [36] M.S. Landy, *Exploratory Vision: the Active Eye*, Springer-Verlag, 1996.