



# Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del I.P.N.

Departamento de Ingeniería Eléctrica  
Sección de Computación

## **Comportamiento Colectivo no-Trivial en Autómatas Celulares**

TESIS QUE PRESENTA:

**José Manuel Gómez Soto**

PARA OBTENER EL GRADO DE:

**Maestro en Ciencias con especialidad en Ingeniería Eléctrica**

DIRECTORES DE TESIS:

**Dr. Harold V. McIntosh**

**Dr. Sergio V. Chapa Vergara**

**30 de Agosto del 2000**

## Resumen

*Esta tesis trata sobre el comportamiento colectivo en autómatas celulares. El comportamiento colectivo en este contexto significa la densidad de un estado en la evolución de un autómata celular. Dos teorías han surgido para la predicción de las densidades: la teoría del campo medio [24] y la teoría de la estructura local [28]. Hughes Chaté y Paul Manneville, estudiando la precisión de la teoría del campo medio, encontraron que las densidades en autómatas celulares tomaba tres valores en forma periódica [9]. La teoría del campo medio no fue capaz de predecir el ciclo de período tres encontrado por Chaté y Manneville. Otros estudios han argumentado también lo poco útil de la teoría del campo medio para predecir comportamiento colectivo [5] [11] [1]. El objetivo de la tesis es investigar si la teoría del campo medio es un medio útil para predecir el comportamiento colectivo en autómatas celulares, y en particular para predecir el ciclo tres encontrado por Chaté y Manneville. Los estudios realizados en esta tesis sugieren que la teoría del campo medio puede predecir el comportamiento de las densidades en un autómata celular, siempre y cuando se considere una vecindad de von Neumann y altas dimensiones. Otro resultado es una nueva propuesta en el cálculo de la probabilidad en autómatas celulares así como nuevas líneas de investigación relacionadas con resultados en sistemas dinámicos reales de una sola variable.*

**Palabras Claves:** *Sistemas Complejos, Autómatas Celulares, Comportamiento Colectivo, Auto-organización, Sistemas Dinámicos, Sistemas no lineales.*

# Contenido

<b>1</b>	<b>Introducción</b>	<b>3</b>
1.1	Antecedentes . . . . .	3
1.2	Planteamiento del problema . . . . .	4
1.3	Objetivo de la tesis . . . . .	8
1.4	Estructura de la tesis . . . . .	8
<b>2</b>	<b>Autómata de Chaté y Manneville</b>	<b>11</b>
2.1	Los autómatas celulares . . . . .	12
2.1.1	Autómatas celulares y los sistemas dinámicos clásicos . . . . .	14
2.1.2	Dinámica simbólica . . . . .	15
2.1.3	Comportamiento colectivo en autómatas celulares . . . . .	15
2.2	El hallazgo de Chaté y Manneville . . . . .	16
2.2.1	Antecedentes . . . . .	17
2.2.2	Capacidad de predicción de la teoría del campo medio . . . . .	18
2.2.3	Sincronización, macrocélulas y membranas . . . . .	19
2.2.4	Contrargumentos del ciclo 3 . . . . .	20
2.2.5	Confirmación del ciclo 3 . . . . .	21
2.2.6	Otros enfoques . . . . .	22
2.2.7	Operador Perron-Frobenious . . . . .	23
2.3	Comentarios finales . . . . .	24
<b>3</b>	<b>Autómata celular unidimensional</b>	<b>25</b>
3.1	Autómata celular unidimensional . . . . .	25
3.1.1	Reglas de evolución . . . . .	29
3.2	Jardín del edén . . . . .	30
3.2.1	Diagramas de <i>de Bruijn</i> . . . . .	31

3.2.2	Diagramas de subconjuntos . . . . .	35
3.3	Comportamiento colectivo no trivial . . . . .	39
3.3.1	Período y cuasiperíodo 3 . . . . .	41
3.3.2	Representación en grandes dimensiones . . . . .	42
3.3.3	Secciones planares de un hipercubo . . . . .	45
3.3.4	Comportamiento colectivo trivial y no-trivial . . . . .	47
3.4	Comentarios finales . . . . .	49
<b>4</b>	<b>Fundamentos Topológicos en Autómatas Celulares</b>	<b>51</b>
4.1	Espacio de configuraciones de un autómata celular . . . . .	52
4.1.1	Conjuntos, clases y medida . . . . .	52
4.1.2	Espacio de configuraciones $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}})$ . . . . .	55
4.2	Espacio topológico de configuraciones de un autómata celular . . . . .	57
4.2.1	Topologías, límites y métricas . . . . .	57
4.2.2	Espacios métricos $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d})$ . . . . .	59
4.2.3	Topología de conjuntos de cilindros . . . . .	62
4.2.4	Continuidad de $\Phi$ y $\sigma$ . . . . .	64
4.2.5	$\Phi$ y $\sigma$ conmutan . . . . .	66
4.3	Espacio compacto $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathcal{C})$ . . . . .	67
4.3.1	Compacidad, puntos límites y compacidad métrica . . . . .	67
4.3.2	El espacio de un autómata celular es compacto . . . . .	69
4.4	Espacio medible de configuraciones de un autómata celular . . . . .	70
4.4.1	$\sigma$ -campo . . . . .	72
4.4.2	Espacios de probabilidad $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \vartheta, \mu)$ . . . . .	73
4.5	Comentarios finales . . . . .	74
<b>5</b>	<b>Cálculo de Probabilidades en Automátas Celulares</b>	<b>77</b>
5.1	Antecedentes . . . . .	77
5.2	Asignación equiprobable e independencia . . . . .	79
5.3	La teoría del campo medio . . . . .	81
5.3.1	La teoría del campo medio en autómatas celulares de dos estados . . . . .	81
5.4	La teoría de la estructura local . . . . .	85
5.4.1	Caso de estudio . . . . .	90
5.5	Nueva propuesta en el cálculo de la probabilidad en autómatas celulares . . . . .	93
5.5.1	Caso de estudio . . . . .	96
5.6	Comentarios finales . . . . .	99

---

<b>6</b>	<b>El traslape de las vecindades de von Neumann y Moore</b>	<b>101</b>
6.1	Definiciones preliminares . . . . .	102
6.1.1	Vecindad . . . . .	102
6.1.2	Cardinalidad . . . . .	102
6.1.3	Vecindad de von Neumann . . . . .	103
6.1.4	Vecindad de Moore . . . . .	103
6.1.5	Traslape . . . . .	103
6.2	Traslape en la vecindad de Moore . . . . .	104
6.2.1	Traslape de vecindades de Moore en una dimensión . . . . .	105
6.2.2	Traslapes de vecindades de Moore en dos dimensiones . . . . .	106
6.2.3	Traslape de vecindades de Moore en tres dimensiones . . . . .	107
6.2.4	Vecinas contiguas inmediatas en cualquier dimensión . . . . .	109
6.2.5	Traslape de vecindades de Moore en $n$ dimensiones . . . . .	112
6.3	Traslape en la vecindad de von Neumann . . . . .	115
6.3.1	Traslape de vecindades von Neumann en una dimensión . . . . .	115
6.3.2	Traslape de vecindades von Neumann en dos dimensiones . . . . .	115
6.3.3	Traslape de vecindades von Neumann en tres y cuatro dimensiones . . . . .	116
6.3.4	traslape de vecindades de von Neumann en $n$ dimensiones . . . . .	120
6.4	El límite del índice de traslape de la vecindad von Neumann . . . . .	121
6.5	Comentarios finales . . . . .	121
<b>7</b>	<b>La aproximación del campo medio vs comportamiento colectivo</b>	<b>123</b>
7.1	Preliminares . . . . .	123
7.1.1	Reglas totalísticas . . . . .	123
7.1.2	Grados de aproximación . . . . .	127
7.2	Datos experimentales vs campo medio . . . . .	128
7.2.1	Datos experimentales vs. aproximación del campo medio en 3 dimensiones	131
7.2.2	Datos experimentales vs. aproximación del campo medio en 4 dimensiones	133
7.2.3	Datos experimentales vs. aproximación del campo medio en 5 dimensiones	134
7.3	Comentarios finales . . . . .	138
<b>8</b>	<b>Conclusiones</b>	<b>143</b>
<b>A</b>	<b>Bibliografía</b>	<b>147</b>



# Capítulo 1

## Introducción

### 1.1 Antecedentes

A mediados de los 50's, John von Neumann propone el modelo de autómatas celulares como un medio para estudiar la autoreproducción. Con dicho modelo demostró que la autoreproducción es un hecho mecánico y por lo tanto puede llevarse a cabo mediante un dispositivo capaz de realizar una serie de instrucciones, incluyendo aquellas que indican la construcción de sí mismo.

El modelo de autómatas celulares se puede definir como un sistema dinámico que cambia los estados de su espacio con respecto al tiempo. Los objetos del espacio del autómata consisten en arreglos de células (celdas) cuyo contenido es un número finito y discreto de estados<sup>1</sup>. El cambio del estado de todas las células se realiza en tiempos discretos y consiste en una consulta a los estados de las células de un entorno llamado vecindad. Este entorno está formado por las células inmediatas en un radio de distancia a cada lado de la célula sobre la que se desea decidir su nuevo estado en la siguiente generación. La regla que lleva a cabo la asignación del estado para la siguiente generación se llama regla local de evolución y se aplica en todo el arreglo.

El autómata celular es un modelo sencillo con el que se puede generar comportamiento complejo, considerando como complejo a la generación de comportamiento no predecible y a la construcción de un dispositivo capaz de autoreproducirse; estas características hicieron de los autómatas celulares un modelo deseable en la simulación de fenómenos físicos, químicos y biológicos; ya que se podían realizar estudios acerca de la auto-organización y complejidad con un esquema sencillo y por lo tanto manejable. Otra ventaja de ser un modelo sencillo (y que aprovecha el gran desarrollo de las computadoras) es que permite una indagación más profunda

---

<sup>1</sup>Los estados se pueden representar por medio de números o símbolos:  $1, 2, 3, 4 \dots$  o  $a, b, c, d \dots$

de características mediante la experimentación computacional. Muchas veces se pensó que la complejidad<sup>2</sup> de un fenómeno estaba relacionado con el número de variables que éste involucraba y las intrincadas relaciones entre ellas, sin embargo la complejidad aparece en modelos tan sencillos como los autómatas celulares y tratar de investigar ¿Cómo? y ¿Porqué? se origina bajo estos modelos es una manera indirecta de estudiar su origen en estructuras más complicadas. Hay que considerar sin embargo, que no todos los fenómenos pueden ser simulados con autómatas celulares y las condiciones para poder simular alguno es que pueda representarse a partir de componentes mínimos discretos que interactúan de manera local y cuyo resultado es determinístico. Si uno puede sintetizar las características de un fenómeno en estos términos se tiene como resultado un modelo matemático sencillo, que permite hacer análisis con más herramienta matemática tanto en la caracterización de sus propiedades, como en la confirmación (y sugerencia) experimental de dichas propiedades matemáticas mediante la computadora.

## 1.2 Planteamiento del problema

El punto de estudio principal de los autómatas celulares es su evolución en el tiempo (ver figura 1.1), sin embargo dentro del estudio de la evolución, son varias características que pueden ser abordadas. En particular nosotros distinguimos dos puntos de interés en el análisis de la evolución de un autómata celular:

- Una de ellas es el estudio del comportamiento individual de las células y
- El segundo es el estudio del comportamiento colectivo de las células.

El estudio del comportamiento individual consiste en ver de que manera afecta la evolución en el estado de una célula en particular. Uno puede considerar todas las células del espacio de un autómata celular pero bajo la consideración de cada uno de sus componentes. Por ejemplo estudiar si una configuración dada se repite después de algunos pasos de evolución. O cuando las células y sus estados se presentan de una manera visual en un espacio de fase<sup>3</sup> se puede realizar un estudio fenomenológico de la evolución del autómata. Este enfoque fue muy estudiado en la década de los 80's en la que hubo una rica abundancia de resultados precedidos por los trabajos de Stephen Wolfram [60] incluyendo la clasificación en cuatro clases que propuso para la evolución de los autómatas celulares.

---

<sup>2</sup>Hay que señalar que el concepto de complejidad sigue aún en debate.

<sup>3</sup>En el caso unidimensional se plasma (estado y célula) del espacio unidimensional en un plano que muestra el mosaico de la evolución del autómata celular



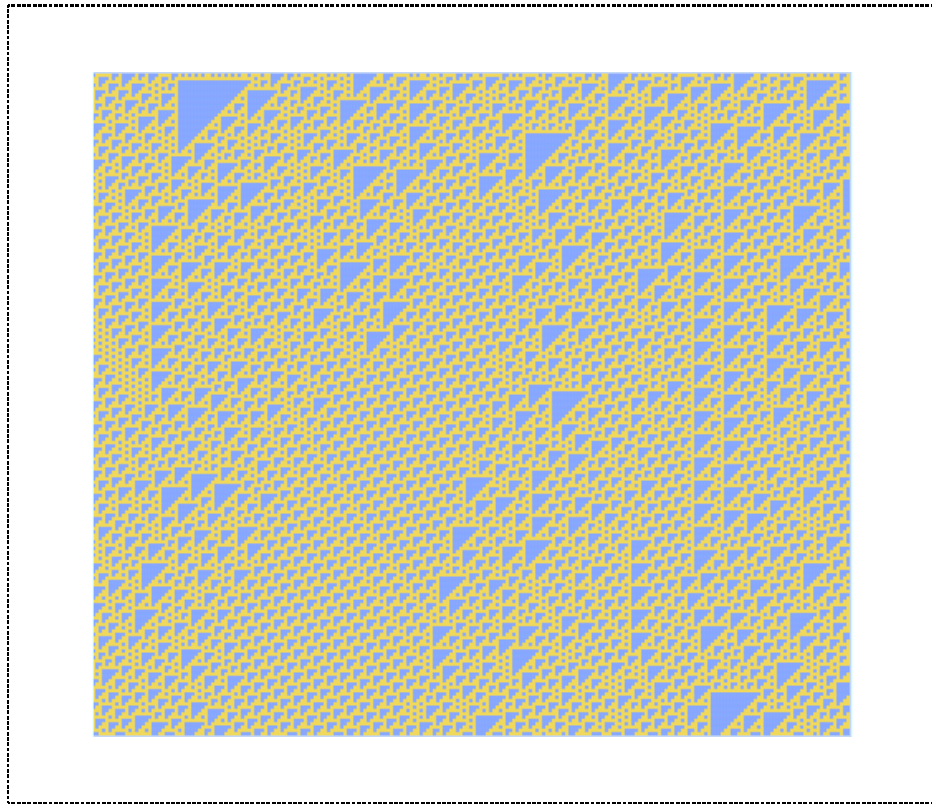


Figura 1.1: Evolución en el tiempo de un autómata celular unidimensional

El segundo enfoque donde el interés es el comportamiento colectivo de las células del espacio de un autómata celular. Consiste en tomar el efecto que hace la evolución en un conjunto de ellas en lugar de tomar sólo el comportamiento individual. Estudiar la frecuencia de aparición de un estado en todas las células de la configuración sin importar en particular sobre que células se encuentra dicho estado es un caso de este enfoque. Un ejemplo de lo anterior es contar el número de células que en una unidad de tiempo comparten un estado en particular y tomar la división de este número entre el total de células del espacio. Esto se conoce como la densidad de células que tienen un estado en particular. Si se aumenta hasta el infinito en número de células del espacio su densidad en términos de estadística matemática representan la probabilidad de obtener un estado en la siguiente generación. Entonces, buscar el comportamiento colectivo llamado **densidad en autómatas celulares** es una aproximación en el cálculo de la **probabilidad de que un estado ocurra** en la configuración.

Los conceptos bajo este enfoque (tratados en este trabajo) son planteados más adelante en la estructura de la tesis y las relaciones entre ellos mediante la gráfica de la página 7. La teoría del campo medio, tomada de la mecánica estadística, es una herramienta importante para el cálculo de probabilidades y ésta se basa en el elemento esencial de la dinámica de la evolución de un autómata celular: la regla de evolución. La teoría del campo medio calcula la densidad de un autómata celular pero su aproximación no es exacta. La imprecisión de este método al aplicarse en autómatas celulares resulta de no tomar en cuenta una característica intrínseca en este modelo: la dependencia entre las células del autómata.

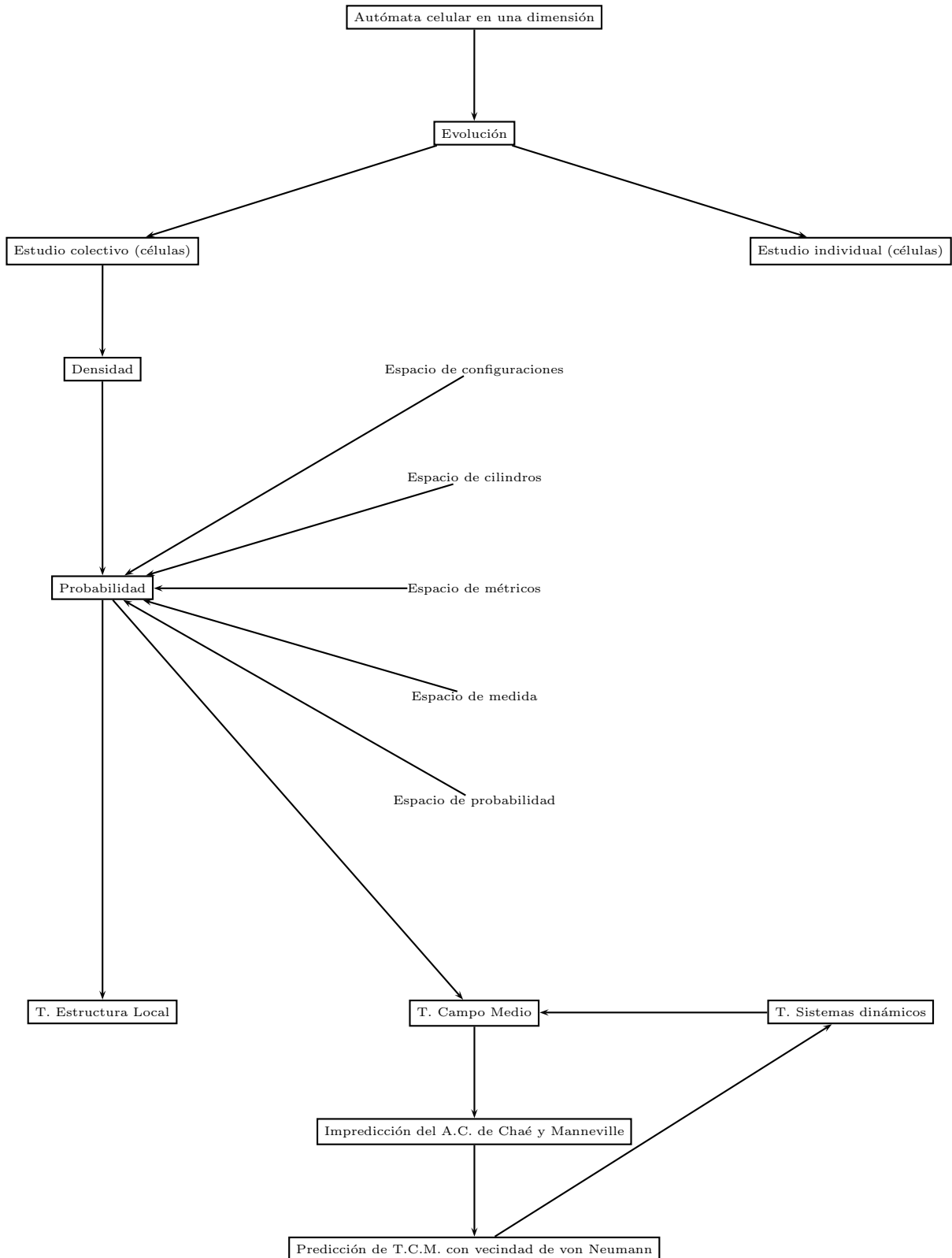
Para resolver ésto se creó la teoría de estructura local [28] cuya acción es considerar bloques de células más grandes. La idea detrás de los bloques es que la evolución de la célula en la siguiente generación sea de vecindades que no comparten células. La teoría de la estructura local puede considerarse como una generalización de la teoría del campo medio [24] y aunque ofrece precisión en los resultados, no tiene la sencillez de la teoría del campo medio. La sencillez de la teoría del campo medio consiste en expresar la densidad de la evolución del autómata en términos de una función de una variable, lo que permite aprovechar los estudios realizados en la teoría de los sistemas dinámicos. De esta manera, resulta muy atractivo tratar de considerar la teoría del campo medio para estudiar el comportamiento colectivo en autómatas celulares.

Sin embargo, la precisión de la teoría del campo medio ha sido fuertemente cuestionada, varios resultados han señalado los problemas que tiene en su aproximación, siendo los resultados de Hughes Chaté y Paul Manneville uno de los más importantes y controversiales. Chaté y Manneville estaban estudiando la precisión de la teoría del campo medio con grandes muestras estadísticas, es decir, estaban considerando grandes redes de células y grandes dimensiones <sup>4</sup> y encontraron un comportamiento en la dinámica de las densidades que estaba muy lejos de los resultados esperados: el comportamiento colectivo de algunos autómatas presentaban era un ciclo de período 3 y cuasiperíodo 3. Dada su impredecibilidad decidieron llamarlo comportamiento colectivo no trivial. La teoría del campo medio que Chaté y Manneville estaban estudiando no había sido capaz de predecir este fenómeno y aun más, surgió la polémica de si este hecho contradecía la ley de los grandes números. Como consecuencia de estos resultados y otros más se ha determinado que la teoría del campo medio es un método de poca ayuda en la predicción del comportamiento colectivo.

Dada la importancia de que la teoría del campo medio pueda ser un método de predicción fiable en el comportamiento colectivo de autómatas celulares, el objetivo de la tesis lo podemos plantear en los siguientes términos:

---

<sup>4</sup>Autómatas celulares binarios en 4,5 y 6 dimensiones



### 1.3 Objetivo de la tesis

El objetivo de la tesis es investigar si la teoría del campo medio ofrece ser un medio de predicción en el fenómeno encontrado por Chaté y Manneville.

### 1.4 Estructura de la tesis

Este trabajo se inicia con un amplia introducción en donde el propósito primordial es el de dar un planteamiento al problema del cual se desprende el objetivo antes mencionado. En este primer capítulo se expone la organización del trabajo tratando de mostrar de una manera sucinta, cual es el propósito de cada una de las partes, su entretendido en todo el trabajo y la mención de los resultados.

El segundo capítulo ofrece un marco teórico de los autómatas celulares a partir de su propio desarrollo y como parte de los sistemas dinámicos en general. Se explica brevemente en que consiste el comportamiento colectivo en el contexto de diferentes áreas y en autómatas celulares. Aquí se expone también el entorno teórico del problema de Chaté y Manneville, dando un resumen del desarrollo conceptual del problema a partir de las publicaciones consideradas como las vertientes principales de la investigación que se ha hecho en torno al autómata de Chaté y Manneville.

Después de una presentación inicial al comportamiento colectivo y previa discusión del problema, en el capítulo tres se ofrece la formalización de los autómatas celulares y el comportamiento colectivo mostrando los antecedentes históricos, su definición y la notación matemática. También se presenta una discusión sobre las configuraciones conocidas como el jardín del éden, la importancia que presenta este concepto en el cálculo de probabilidades, así como la manera de detectarlos: **los diagramas de deBruijn** o de manera más explícita **los diagramas de subconjuntos**. Además se define matemáticamente como se interpreta el comportamiento colectivo dentro del ámbito de los autómatas celulares. El comportamiento colectivo que nos ocupa es la densidad de un estado en el espacio del autómata celular y la dinámica que queremos estudiar es la órbita dada por las diferentes densidades de cada uno de los espacios en que evoluciona el autómata celular.

El objetivo primordial del cuarto capítulo es tratar con el cálculo de probabilidades en autómatas celulares. Primero se presentan los elementos matemáticos que justifican el poder realizar el cálculo de probabilidades. Los autómatas celulares son tratados desde el punto de vista de dinámica simbólica, la cual los considera como una función continua que conmutan con la función de corrimiento. Un autómata celular es entonces un par formado por el espa-

cio de configuraciones y, una función compuesta entre la regla de evolución global y la función de corrimiento. Sobre el espacio de configuraciones se puede definir una distancia, propiedad importante para demostrar la continuidad de las funciones que realizan transformaciones en tal espacio. De esta forma el espacio de configuraciones es un espacio métrico sobre el cual se puede establecer una topología de subconjuntos abiertos, conocidos como  $\sigma$ -campos y que en los autómatas celulares son los conjuntos de cilindros. Finalmente sobre un  $\sigma$ -campo se define una probabilidad como una función no negativa que cumple con las propiedades de autoconsistencia de Kolmogorov, para obtener un espacio de probabilidades. Después de fundamentar los espacios de configuración de un autómata celular como un espacio de probabilidades, en el capítulo cinco se muestra como se lleva a cabo el cálculo de la probabilidad en autómatas celulares, en particular la teoría del campo medio y la teoría de la estructura local son expuestas e ilustradas con dos ejemplos. Finalmente se propone otra forma de calcular probabilidades en autómatas celulares que si bien no ofrece ventajas sobre las teorías antes expuestas, su inclusión en la tesis nos pareció un buen ejercicio que invita a la reflexión del cálculo de probabilidades.

En el capítulo seis se presenta el resultado principal de la tesis; se demuestra como la dependencia entre las células de las vecindades disminuye bajo la vecindad tipo von Neumann cuando la dimensión aumenta. Aquí se presenta una condición en que la teoría del campo medio puede predecir el comportamiento colectivo de Chaté y Manneville. El concepto de independencia es un requisito indispensable en el cálculo de probabilidades [23]; en autómatas celulares la independencia se logra cuando el valor de la célula en la siguiente generación es independiente del valor de cualquiera de las otras células, esto es, cuando no existe traslape entre los ancestros de las células en que evoluciona el autómata celular. En términos de autómatas celulares la pregunta de la dependencia se transforma en ¿Qué pasa con el traslape entre los ancestros cuando la dimensión aumenta? En este capítulo se hace un estudio sobre el traslape que presentan las vecindades de von Neumann y Moore cuando la dimensión del espacio del autómata celular aumenta. El resultado es que mientras que con la vecindad de Moore se mantiene el traslape con la vecindad de von Neumann el traslape disminuye.

En el capítulo siete se ilustra mediante la experimentación los resultados del capítulo seis, en particular el obtenido con la vecindad de von Neumann. De acuerdo a este resultado los datos experimentales de las densidades en autómatas celulares con vecindad de von Neumann deben de coincidir con los resultados de la función de densidad que reporta el campo medio. Los experimentos fueron realizados con autómatas celulares binarios en 3,4 y 5 dimensiones, que aunque son dimensiones muy pequeñas para ver con mayor claridad la disminución del traslape, ilustra y coincide con el resultado del capítulo seis. El costo computacional impide llevar a cabo experimentaciones con los autómatas celulares donde teóricamente es casi total la coincidencia entre el campo medio y las densidades reales.

En el Apéndice se presentan la colección completa de autómatas celulares que en 3 y 4 dimensiones mostraron el comportamiento colectivo de período tres y cuasiperíodo tres para la vecindad de von Neumann; también, se presenta una lista parcial en 5 dimensiones. Estos resultados ilustran la exposición del capítulo seis y permiten seguir de manera ordenada el comportamiento de las densidades reales y las experimentales así como el tipo de comportamiento colectivo para cada regla.

La colección tiene el mapa de retorno para cada autómata celular bajo tres presentaciones, la primera corresponde a los datos experimentales, la segunda es la ruta que sigue la función de la escalera sobre estos datos experimentales y la tercera es la regla de la escalera sobre la función de densidad de la teoría del campo medio.

Finalmente en el capítulo de conclusiones se presentan los alcances del trabajo, y las investigaciones que se pueden realizar en el futuro.

Los resultados experimentales que se presentan en este trabajo fueron obtenidos mediante el sistema NXLCAU<sup>5</sup> y una extensión al mismo.

---

<sup>5</sup>NXLCAU es un sistema que simula autómatas celulares lineales y fue desarrollado por el Dr. Harold V. McIntosh. El sistema se puede obtener desde: “<http://delta.cs.cinvestav.mx/~mcintosh>”.

# Capítulo 2

## Autómata de Chaté y Manneville

El objetivo de este capítulo es presentar el modelo de autómatas celulares y el autómata de Chaté y Manneville. Dado el problema de comportamiento colectivo, el enfoque que consideramos es el de sistema dinámico. Un sistema dinámico puede ser definido mediante una terna  $\{t, e, x_t\}$ , en donde  $t$  es el tiempo,  $e$  es el espacio y  $x_t$  una variable de estados. Los sistemas dinámicos son clasificados de acuerdo a si son discretos o continuos los elementos que los componen. Bajo este esquema existen cuatro sistemas dinámicos, el más discreto de todos es el autómata celular donde los tres parámetros: tiempo, espacio y variable de estados son discretos. El siguiente es conocido como mapeos acoplados en el cual tanto el tiempo como el espacio son discretos y la variable de estados es continua. El tercer sistema dinámico son las ecuaciones diferenciales ordinarias localmente acopladas cuyo espacio es discreto y su tiempo y variable de estados son continuos. El último modelo son las ecuaciones diferenciales parciales cuyos tres parámetros son continuos y por lo tanto representa la contraparte de un autómata celular: es el modelo totalmente continuo.

La siguiente tabla resume lo expuesto aquí:

Tipo de Sistema	Espacio	Tiempo	variable
Autómatas celulares	Discreto	Discreto	Discreto
Mapeos Acoplados	Discreto	Discreto	Continuo
Ecuaciones Diferenciales Localmente Acopladas	Discreto	Continuo	Continuo
Ecuaciones Diferenciales Parciales	Continuo	Continuo	Continuo

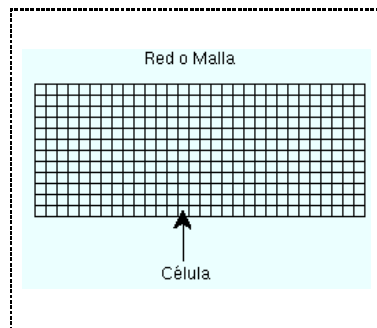


Figura 2.1: Red y células de un autómata celular

## 2.1 Los autómatas celulares

La teoría de los autómatas celulares surge a mediados de los 50's cuando Margittai Neumann Janos Lajos (John von Neumann) intentaba demostrar la autoreproducción en máquinas [57]. El primer trabajo que hizo para demostrar la autoreproducción estaba basado en un modelo llamado cinemático. Este modelo consistía en una máquina que navegaba al azar sobre una tina llena de las partes de las máquinas, de donde elegía las partes necesarias y las ensamblaba para formar una réplica de sí misma. Sin embargo, este modelo lo desechó para adoptar una sugerencia de Stanislaw Ulam quien proponía llevar a cabo la demostración sobre un esquema más abstracto, esta nueva opción era una red (ver figura 2.1) cuyos elementos eran llamados células (o celdas). El autómata era el concepto fundamental que von Neumann tenía en mente para su demostración, y a partir de la propuesta de Ulam el autómata estaría formado por la célula y el estado que podía tener. La unión del autómata y de la red de células formarían lo que se conoce como autómata celular.

La inspiración de von Neumann vienen principalmente de tres fuentes: La primera, son los trabajos de Warren McCulloch y Walter Pitts [20], quienes, a inicios de los 40's, realizaron una formulación matemática de las neuronas y su interconexión. La segunda, es la construcción del modelo matemático conocido como máquina de Turing. realizada en 1937 por Alan Turing [56]. Y la tercera, viene de los trabajos realizados por Wiener [59], quién proponía la creación de mecanismos que realizarán funciones semejantes a las efectuadas por seres de origen biológico.

Los autómatas en general son objetos matemáticos que procesan estados y transiciones. Por un lado, desde un punto de vista matemático, son familias de funciones que realizan transformaciones de un conjunto en sí mismo. Por otro lado, desde el punto de vista de la de ingeniería eléctrica, tal composición de funciones son secuencias de señales que son transmitidas y recibidas



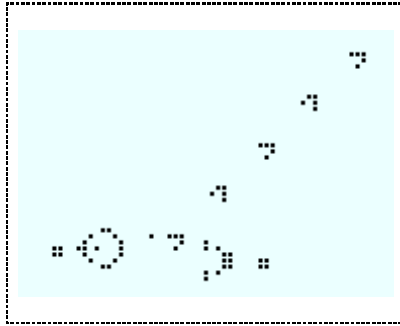


Figura 2.2: Un disparador de deslizadores en acción en el *juego de la vida*

por circuitos digitales. En este sentido las señales del autómata celular situado en una red de células fijamente preestablecidas, consisten en el conocimiento de los autómatas que lo rodean, en otras palabras, de los estados y células que forman su vecindad. Las células únicamente se pueden comunicar con las vecinas inmediatas y la interacción a distancia se logra mediante el paso del tiempo.

Con un autómata celular de 29 estados en el plano, considerando como células vecinas a las 4 inmediatas ortogonales (para dar un total de 5 células por vecindad)<sup>1</sup>, John von Neumann demostró la autoreproducción. Su prueba esta basada en la capacidad del autómata celular en simular una máquina de Turing, una vez hecho esto, con esta computadora universal von Neumann fue capaz de crear un constructor universal; el cual llevaría a cabo la copia o autoreproducción a partir de una serie de instrucciones [57].

Más tarde en 1964, Edgar Codd [16] simplificaría el autómata celular a 8 estados en también dos dimensiones, pero considerando una vecindad más grande que la tomada por von Neumann. Esta vecindad tiene 9 células y considera la célula central y todos los posibles vecinos inmediatos, tanto ortogonales como diagonales.<sup>2</sup>

Una simplificación sorprendente la llevó a cabo John Conway [4]. Él experimentó con algunas reglas de evolución en un autómata celular de 2 estados con una vecindad de Moore en dos dimensiones y llegó a demostrar que este podía simular una máquina de Turing. Este autómata se popularizó como el *juego de la vida* [21] (ver figura 2.2) y fue ampliamente estudiado en la década de los 70's y 80's.

Actualmente se discute la posibilidad que exista una máquina universal en un autómata

---

<sup>1</sup>Esta vecindad es conocida como la vecindad de von Neumann

<sup>2</sup>Mediante esta vecindad llamada vecindad de Moore, Edward Moore en 1962 [46] encontró configuraciones que no podían ser generadas por la regla de evolución del autómata celular, llamadas Jardín de Edén.

celular unidimensional de dos estados, este autómata es la regla 110 de acuerdo a la notación de Wolfram, en donde se han encontrado “gliders” que se desplazan en un espacio con una “textura” de pequeños triángulos llamados T1’s y T3’s [49]. Sin embargo, la simplificación hecha por Codd, Conway y esta última posibilidad de llevarlo a cabo en una dimensión, no otorgan, desde el punto de vista matemático, más información que lo que von Neumann logró con su autómata celular de 29 estados.

Hasta inicios de la década de los 80’s, el estudio se concretó sobre un autómata celular creado para realizar una tarea en particular y no fue hasta con el aumento del poder de las computadoras cuando se pudieron llevar a cabo estudios sobre un grupo más amplio de estos. Stephen Wolfram [60] llevó a cabo el estudio con todos los autómatas celulares posibles en una dimensión cuya interacción local era de un vecino por lado. A partir de ese estudio se desprendieron cuatro diferentes clases generales de autómatas celulares [60]. Recientemente el uso de herramientas matemáticas como el análisis estadístico y probabilístico, identificación y agrupación por equivalencias, bases de atracción y la teoría de gráficas, entre otras; han permitido encontrar cada vez más propiedades de los autómatas celulares.

### 2.1.1 Autómatas celulares y los sistemas dinámicos clásicos

Aunque los autómatas celulares no surgieron directamente a partir de los sistemas dinámicos clásicos iniciados a finales del siglo XIX, podemos considerarlos como una parte de esta corriente. Los sistemas dinámicos dieron inicio en 1880 con los trabajos de Henry Poincaré [52], quien estaba interesado en investigaciones astronómicas, relativas al problema de los  $n$  cuerpos y la estabilidad del sistema solar. Para estudiar lo anterior Poincaré establece ecuaciones dinámicas y pretende encontrar soluciones analíticas, para dar inicio a la teoría cualitativa de las ecuaciones diferenciales.

Los siguientes aportaciones significativas en esta línea de investigación fue realizada por la escuela soviética. A.N. Lyapunov [35] contemporáneo de Poincaré quien contribuyó con los exponentes para poder medir la estabilidad del movimiento de una masa flexible que rotaba sobre un eje, parecido al comportamiento de los planetas del sistema solar cuando no se habían solidificado todavía. Otra figura fundamental fue A. N. Kolmogorov y su teoría de la cinética de la dinámica de gases, el trabajo de Adolforich Vitt y S.E. Khaikin sobre los osciladores no lineales y las aportaciones de Vladimir Arnold sobre los sistemas hamiltonianos.

Entonces los autómatas celulares como sistemas dinámicos tienen como antecedente el desarrollo de los sistemas dinámicos que dió inicio con los trabajos de Poincaré en 1880. El continuador en el estudio de esta área fue Birkhoff quien formó una escuela con personalidades como Gustav Arnold Hedlund y Morse [31] quienes trabajaron con el estudio de propiedades como la traslación

y recurrencia, Stephen Smale y sus atractores extraños, la función logística y los estudios realizados por Robert May sobre la dinámica de las poblaciones; por mencionar algunas de las principales investigaciones.

### 2.1.2 Dinámica simbólica

Stephen Smale fundó una nueva área llamada dinámica simbólica. En ésta área el tiempo y el espacio del sistema dinámico son discretos con el fin de realizar un estudio en los aspectos globales y cualitativos del sistema. Años más tarde bajo esta línea de investigación surgió un artículo titulado *Endomorphisms and automorphisms of the shift dynamical system* [30], que constituye el fundamento matemático de los autómatas celulares. En este artículo G.A. Hedlund define a los autómatas celulares como funciones continuas que conmutan con el corrimiento, y obtiene importantes propiedades y caracterizaciones de estas funciones. Otra importante aplicación de la dinámica simbólica se dió con la transformación de códigos, teoría útil en la disciplina de cifrar mensajes secretos y en el traslado de un código a otro como una forma conveniente para almacenar información en diferentes medios [45].

### 2.1.3 Comportamiento colectivo en autómatas celulares

El interés del fenómeno colectivo viene de varias fuentes, una muestra de esto lo damos tomando dos áreas de la ciencia que han mostrado un particular interés: la física y la biología.

**Física:** En esta disciplina, el comportamiento colectivo se liga específicamente a la teoría cuántica de los sólidos desarrollada durante las décadas de los treinta y cuarentas. Para explicar el fenómeno de superconductividad, el cálculo de la energía cohesiva de los metales, el comportamiento de los superfluidos y los estados ferromagnéticos; los físicos se dieron cuenta que el enfoque basado con el análisis de un sólo electrón no era suficiente. Lo anterior se debe a que al estudiar de manera individual una sólo partícula se pierde la interacción entre las partículas del sistema conocidos como fenómenos colectivos o cooperativos. El tratamiento basado en el comportamiento colectivo ofrece tomar en cuenta el fenómeno de la interacción entre las partículas para poder entender el fenómeno global. Existen otros campos y problemas donde el interés de estudio es el fenómeno colectivo. Por ejemplo cuando se estudia la temperatura ambiental o la presión que ejercen sobre las paredes los gases dentro de un recipiente.

**Biología:** En la Biología se tienen algunos problemas donde se estudia el comportamiento colectivo de los seres vivos, que pueden ser parvadas, manadas, los bancos de peces o colonias

de microorganismos. El fenómeno colectivo que se estudia puede ser la densidad de la población del grupo; la acción en conjunto de un grupo, como puede ser la dirección que toma una parvada; o bien el fenómeno de agregación. Y las fluctuaciones en la densidad de la población pueden presentar ciclos debido a ciertos criterios explícitos de estabilidad.

En autómatas celulares, también, el estudio del comportamiento colectivo se presenta bajo la interpretación de ver todas las células del espacio como un todo en cada tiempo de evolución. Su representación es la contabilidad de las células que comparten un estado en particular, o el promedio de éste valor. Se lleva el estudio entonces, sobre la densidad de las células que presentan un estado en particular en cada espacio a través del tiempo.

Al estar estudiando la densidad en la evolución de autómatas celulares, Hughes Chaté y Paul Manneville descubrieron un comportamiento que causó extrañeza en la comunidad científica. Encontraron que la densidad se comportaba de manera periódica oscilando sobre tres valores. La polémica sobre este resultado se debió a que hacia poco del descubrimiento, se había publicado que las densidades únicamente podían tomar un sólo valor, hecho que además era considerado como normal dentro de la comunidad, pues este seguía los lineamientos de la ley de los grandes números.

El curso de las discusiones sobre este punto esta plasmada en los artículos cuya referencia se comenta en la siguiente sección. Sin embargo el punto de interés para nosotros, es que con este mismo resultado Chaté y Manneville demostraban que el método conocido como la teoría del campo medio era de poca utilidad en la aproximación del comportamiento colectivo en autómatas celulares. Originando las preguntas:

- ¿Porqué el campo medio no fue capaz de predecir el ciclo 3 de las densidades, encontrados por Chaté y Manneville?
- ¿La teoría del campo medio no es útil para hacer este tipo de predicciones?

Las respuestas a estas interrogantes son el motivo de la presente tesis.

## 2.2 El hallazgo de Chaté y Manneville

En 1991 apareció un escrito con el nombre de “*Evidence of collective behaviour in cellular automata*” en *Europhysics Letters* [9]. En dicho artículo Hughes Chaté y Paul Manneville anuncian el hallazgo de autómatas celulares cuyas densidades oscilan durante la evolución en tres valores. Poco después estos mismos resultados se presentarían con más detalle en *Progress of Theoretical*

*Physics* [10]. La idea central de los estudios que estaban realizando, era estudiar la capacidad de predicción de la teoría del campo medio.

La importancia de estos resultados es que no coinciden con las predicciones hechas por la teoría del campo medio y contradicen las aseveraciones hechas en dos artículos publicados por Tomas Bohr y G. Grinstein en 1987 [7] y 1988 [32] respectivamente. En particular, el segundo, afirma que ante la presencia de cualquier ruido, resulta difícil que un sistema se estabilice en periodicidad colectiva, así como establecer las condiciones mediante las cuales puede llevarse a cabo. Sin embargo, los autómatas descubiertos por Chaté y Manneville muestran periodicidad colectiva y gran estabilidad en presencia de ruido.

Aquí se brinda una perspectiva general del curso de las publicaciones sobre el hallazgo de Chaté y Manneville, así como de los principales conceptos que se han vertido para explicarlo. Vamos a dividir las publicaciones en varias secciones, primeramente se presentan los artículos que son antecedentes a la publicación del hallazgo del ciclo 3 y, a continuación, de desprenden las secciones de acuerdo a los siguientes temas:

1. Antecedentes
2. Macrocélulas y membranas
3. Capacidad de predicción de la teoría del campo medio
4. Contrargumentos del ciclo 3
5. Confirmación del ciclo 3
6. Operador de Perron y Frobenius
7. Otros enfoques

### 2.2.1 Antecedentes

El ciclo 3 en las densidades encontrado por Chaté y Manneville surgió al estar probando la precisión de la teoría del campo medio en la predicción de densidades en la evolución de un autómata celular. Antes del hallazgo de Chaté y Manneville, varios artículos habían preestablecido el estudio sobre la teoría del campo medio. Uno de ellos, escrito en 1989 por Roger Bideaux, Nini Boccara y Hugues Chaté [5] aborda la teoría del campo medio efectuando algunas modificaciones en ella. Los cambios consistían en que el modelo representaría al fenómeno de percolación directa, de manera que los estudios realizados en ésta puedan aplicarse en la aproximación del

campo medio. El autómata que eligieron para el estudio es probabilístico y predice una transición de primer orden. Descubrieron que la predicción del campo medio no era buena en una dimensión y que sólo en altas dimensiones se reflejan las predicciones esperadas.

### 2.2.2 Capacidad de predicción de la teoría del campo medio

Como se ha mencionado repetidas veces, el estudio de la capacidad de predicción de la teoría del campo medio fue el móvil que llevó al descubrimiento del ciclo 3 por parte de Chaté y Manneville. A partir de la publicación donde dieron a conocer sus resultados [9] y de la publicación que lo antecedía en [5], se vio que la teoría del campo medio no es un método exacto para predecir el comportamiento colectivo en autómatas celulares. Antes de ellos, Howard A. Gutowitz en su tesis doctoral [24] propone un nuevo esquema, que corrige dicha deficiencia, denominado la teoría de la estructura local. Si bien entonces se sabía que el campo medio tiene problemas para predecir las densidades de las evoluciones de un autómata celular, las diferencias entre sus predicciones y los datos reales no son tan grandes, en promedio se dan diferencias de alrededor del 10%, dato que para algunos casos es suficiente para considerar el campo medio como una alternativa. Sin embargo, al fenómeno de Chaté Manneville no lo pudo predecir en nada, mientras para algunos casos los datos experimentales mostraban un ciclo 3, el campo medio mostraba que el comportamiento fluctuaba sobre un sólo valor.

Como una continuación al estudio de la predicción del campo medio, Chaté y Manneville en 1992 realizaron otra investigación publicada en *Europhysics Letters* [11], con la variante de usar como modelo transformaciones acopladas. Comparando los diagramas de bifurcación y la aproximación del campo medio se percatan de algunas divergencias, el último muestra un ciclo 3, el primero no muestra lo mismo. De esta manera se concluye que la aproximación del campo medio no ayuda a predecir el ciclo 3.

En ese mismo año Bernard Barral, Chaté y Manneville llevan a cabo otro estudio sobre un conjunto más amplio de autómatas celulares binarios en dos y seis dimensiones. Los resultados se publican en [1], y confirman que la teoría del campo medio resulta ser un método de poca ayuda en la predicción. Además se dan cuenta que el comportamiento colectivo no trivial no es un fenómeno muy especial en el sentido en que éste sólo se pueda producir a partir de condiciones muy especiales. Encuentran que el fenómeno es robusto frente a pequeños cambios de la regla de evolución, así como a la presencia de ruido externo, definiéndose más, conforme se alcanza el límite termodinámico. Descubren que el fenómeno se presenta en 4 dimensiones y creen que ésta es la dimensión crítica para lograr el fenómeno.

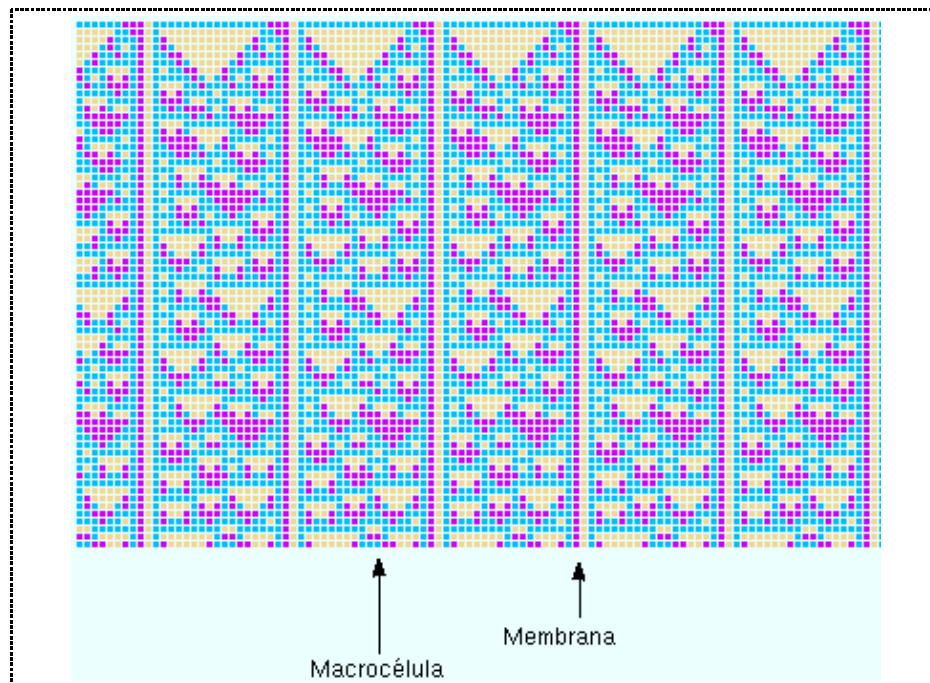


Figura 2.3: Membranas y macrocélulas en un autómata celular unidimensional

### 2.2.3 Sincronización, macrocélulas y membranas

Otra línea de investigación sobre el comportamiento colectivo tiene que ver con el concepto de sincronización. Esto consiste en la comunicación que pueda haber entre las células de todo el espacio del autómata celular. Se dice que las células del espacio de un autómata celular están sincronizadas si estas actúan al unisono. El comportamiento colectivo según la sincronización se debe al viaje de la información a través del espacio, cada localidad en todo el espacio se comunica con su vecindad inmediata de manera que con el tiempo una sola información fluye por todo el espacio, esta información se conoce como la densidad. El valor en que se estabiliza la densidad es resultado de la sincronización de información entre las células. Esta línea es propuesta entonces para explicar el valor único que llega a tomar la densidad en la evolución de los autómatas celulares, sin embargo tiene problemas para justificar el ciclo tres. La literatura que estudia el caso, afirma que el tiempo en que se llega al ciclo 3 en los experimentos de Chaté y Manneville es muy corto para que la información pueda viajar en todo el espacio. Y aunque se considerara esto posible no hay algo que explique ¿Porqué? la sincronía iba a lograr un ciclo 3.

En 1993 aparece en *Europhysics Letters* el artículo titulado “*What Synchronization*”, escrito

por Hemmingsson, A. Sørensen, H. Flyvbjerg y H.J. Herrmann [40]; donde se argumenta que la sincronización no es el fenómeno que causa el período o cuasiperíodo 3. Exponen que el espacio se divide en regiones, algo parecido a las microcélulas y membranas de Wolfram (ver figura 2.3) donde es posible que las células se comuniquen en espacios de tiempo cortos. Para que ocurra este fenómeno, el autómata debe presentar una condición adicional: la configuración inicial se debe distribuir uniformemente de manera que la misma información llegue a cada una de estas regiones donde se lleva a cabo una oscilación local, origen del fenómeno.

En otro escrito y siguiendo la misma línea de investigación aclaran algunos detalles acerca de los subsistemas en que se divide el espacio del autómata celular. Hemmingsson y Herrmann en [39] afirman que el fenómeno de Chate y Manneville no se trata de un fenómeno colectivo, en donde existen subsistemas que se sincronizan; sino que la responsable de que exista la misma información en cada uno de estos subsistemas es la configuración inicial.

Finalmente un artículo escrito por P.M. Binder en [2] refuta la teoría de la división del espacio del autómata celular en subsistemas de ciclos independientes, propuesta hecha por Hemmingsson y otros en [39] y [40]. Binder demuestra que la existencia de las microcélulas es imposible.

### 2.2.4 Contrargumentos del ciclo 3

Los argumentos que dicen que no es posible el ciclo igual a 3, comienzan en los artículos publicados en [7] y en [32] dos años antes del descubrimiento de Chaté y Manneville. En ellos se expone básicamente que es muy difícil mantener la estabilidad de un posible ciclo 3, por lo que es muy difícil obtenerlo. Otro argumento que respalda su aseveración es la interpretación que se hace de la ley de los grandes números, donde la densidad debe acercarse a un sólo valor en el límite.

Otro artículo publicado en *Physical Review* en 1990, que antecede al descubrimiento del ciclo 3, es escrito por Jens M. Houlrik, Itzhak Webman y Mogen H. Jensen [37]. Se llevan a cabo estudios sobre la aproximación del campo medio en transformaciones acopladas (sistemas dinámicos discretos en el tiempo pero con variables continuas). El estudio lo realizan en una dimensión y no se detecta comportamiento colectivo no-trivial.

Charles H. Bennet, G. Grinstein, Yu He, C. Jayaprakash y David Mukamel en el artículo [3], siguieron argumentando el impedimento de producir períodos a nivel global. La argumentación principal que exponen es que se rompe espontáneamente la varianza discreta del tiempo de traslación. Dicho argumento es respaldado con el estudio de la estabilidad en sistemas dinámicos discretos en el tiempo. Afirman que se pueden conseguir períodos estables iguales a 3 sólo si se diseña la regla con mucho cuidado, considerando sobre todo la anisotropía de la red.

Sobre esta línea y apoyando la existencia del ciclo 3 en [6], Binder y Privman afirman que es



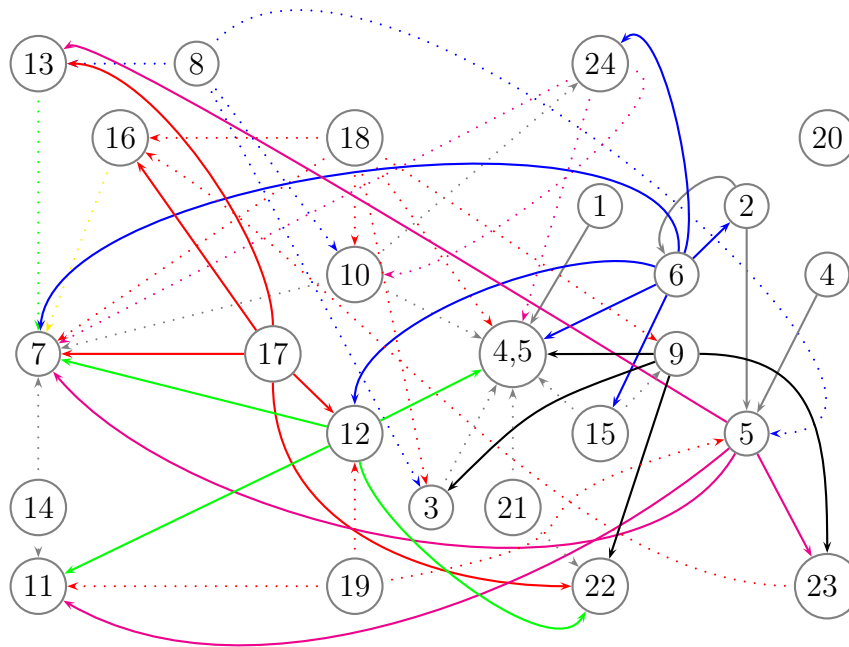


Figura 2.4: Gráfica de las relaciones por referencia entre los artículos. 1: [8], 2:[13], 3: [38], 4: [22], 5: [9], 6: [12], 7: [7], 8: [27]; 9: [38], 10: [40], 11: [5], 12: [10], 13: [32], 14: [37], 15: [15], 16: [3], 17: [11], 18: [2], 19: [42], 20: [42], 21: [51], 22: [6], 23: [1] y 24: [53]

necesaria la dinámica de segundo orden para que se dé el comportamiento colectivo, explicando ¿Porqué estos modelos escapan a los argumentos que dicen que esto no es posible?

### 2.2.5 Confirmación del ciclo 3

Después de que Chaté y Manneville publicaron el hecho de que las densidades de los autómatas celulares, describían un comportamiento periódico de ciclo 3. Otros artículos han encontrado el mismo fenómeno confirmando su existencia. Las variantes en los hallazgos posteriores del ciclo 3, van desde usar otro sistema dinámico además del autómata celular, como lo son los mapeos acoplados, el uso de autómatas probabilísticos; hacer la experimentación para intervalos de tiempo más largo en grandes espacios; encontrar que tres dimensiones son suficientes para

producir el fenómeno; hasta la experimentación con presencia de ruido lo que ha probado que el fenómeno es robusto, altamente convergente y fácil de reproducir.

Poco después de la publicación de Chaté y Manneville, al año siguiente salió un artículo escrito por J.A.C. Gallas, P. Grassberger, H.J. Herrman y P. Ueberholz [22], que confirmaría el hallazgo en 4 y 5 dimensiones sobre grandes redes y tiempos muy largos. Estos sostienen que si la metaestabilidad se llega a dar; es decir, si el valor de la densidad finalmente cae en un sólo valor, el hecho sería algo irrelevante, pues el fenómeno de periodo y cuasiperiodo se mantiene por un lapso suficiente para que valga la pena tratar de explicarlo.

Y. Pomeau en [53] da su propia explicación acerca del comportamiento colectivo observado por Chaté y Manneville y confirma su existencia. Argumenta que si se considera que la frecuencia de aparición es un promedio, este mostrará un comportamiento periódico con el tiempo, con fluctuaciones Gaussianas aleatorias con una amplitud de  $N^{(1/2)}$ .

El mismo año de 1992, se encontró que realmente no eran necesarias dimensiones tan altas para que el fenómeno de Chaté Manneville se presentara. Jan Hemmingsson en [38] descubrió un autómata celular en tres dimensiones que mostraba el comportamiento cuasiperiódico 3. En el mismo artículo aborda la rotación de las densidades que forman el cuasiperíodo para este autómata celular.

En 1993 se sigue confirmando la existencia de comportamiento colectivo. Esta vez el autómata analizado es un autómata probabilístico con una variante: un parámetro de activación. La idea de este parámetro consiste en no permitir que el sistema caiga en ningún estado absorbente. El escrito por F. Jiménez y J.L Luque [42], se publicó en *Physics Letters A*. En él los autores llevan a cabo estudios sobre la entropía y la relación de ésta con respecto al parámetro de activación y al parámetro que varía los coeficientes de la aproximación del campo medio.

A pesar de que hay plena evidencia de la existencia del ciclo tres, no existe aún una explicación de ¿Qué? lo genera. Chaté publica en *Physica D* [8] en 1995, un resumen sobre las investigaciones realizadas hasta la fecha y analiza el estado del arte de estas. Su estudio se centra principalmente en los métodos y herramientas que estudian los sistemas caóticos temporales. La conclusión a la que llegó es que dichos métodos no están bien establecidos ya que por un lado no existe una definición precisa del concepto de caos en el espacio-tiempo, y por otro lado, en algunos casos los estudios se vuelven muy complicados y difíciles de llevar a la práctica.

### 2.2.6 Otros enfoques

Otras propuestas sobre los autómatas celulares, se hicieron por J. Gorodkin, A. Sørerensen y O. Winther que implicaban el uso de redes neuronales en la descripción del fenómeno [27]. En este estudio también se volvió a dar el comportamiento periódico colectivo y se descubrió que existe

una relación entre las reglas locales genotípicas<sup>3</sup> que pertenecen a la misma clase fenotípica<sup>4</sup>

En “*Long-Range Correlations in Systems with Coherent (quasi)periodic Oscillation*” [15] publicada en *Physical Review Letters*; Chaté, Grinstein y Lei-Hann Tang demuestran la existencia de correlaciones espaciales y temporales que rompen con la simetría del traslado con respecto al tiempo, responsable esta última de producir las oscilaciones periódicas. Todos estos sistemas estan descritos por la ecuación Kadar-Parisi-Zhang, que fue diseñada para modelar sistemas con ruidos y describe muy bien a aquellos autómatas celulares cuyo ruido es interno y determinista: autómatas celulares donde el ruido aleatorio puede producir fases periódicas con las mismas propiedades asintóticas.

### 2.2.7 Operador Perron-Frobenius

En 1994 se publicó un artículo titulado “Do Globally Coupled Maps Really Violate the law of Large Numbers?” [51], marcando el inicio en una nueva línea de investigación. En dicha publicación los autores Arkady S. Pikovsky y Jurden Kurths, realizan un estudio a partir de la ecuación no lineal autoconsistente de Frobenius-Perron, en que se puede dar el comportamiento (cuasi)periódico y el comportamiento caótico. Posteriormente en 1996 y 1997 aparecen algunos artículos con el nuevo enfoque del operador Perron-Frobenius y la expansión de conglomerados

En 1996, Anaël Lemaître, Chaté y Manneville [13], realizan un estudio sobre transformaciones acopladas e introducen un esquema general de aproximación para determinar al comportamiento colectivo no-trivial. Plantean la dificultad de obtener estadísticas adecuadas o aún simples estimadores estadísticos a partir de la regla de evolución. Efectúan los cálculos apoyándose en un tipo de expansión de conglomerados llamado BBGKL, que permite realizar cálculos autoconsistentes de muchos sistemas caóticos, incluyendo los que reportan el comportamiento colectivo no-trivial. El sistema de ecuaciones que calculan las frecuencias se puede expresar en términos de momentos de una función de probabilidad gobernado por el operador de Perron-Frobenius. Los autores efectúan un análisis de las correlaciones a partir de momentos y acumulantes. Bajo este esquema obtuvieron coincidencias muy grandes con el diagrama de bifurcación para dos y tres dimensiones. Aunque esto arroja luz al problema sobre el origen del comportamiento colectivo no trivial para un sistema dinámico en particular. El problema general de la existencia de comportamiento colectivo no trivial no se ha resuelto aún.

Otro artículo titulado “*Non-Trivial collective behaviour in extensively-chaotic dynamical systems: an update*” [12], salió el mismo año casi simultáneamente al anterior artículo. Chaté,

---

<sup>3</sup>Genotípicas: Se refiere al estudio del fenómeno a partir de la regla local (regla de evolución) que lo “genera”

<sup>4</sup>Fenotípico: se refiere al estudio del fenómeno a partir de comportamiento global que describe, es decir a partir de la consecuencia sin importar la causa

Lemaître, Marcq y Manneville exponen sus ideas actuales acerca del fenómeno colectivo no trivial, tal como lo están abordando ahora. Discuten la naturaleza del fenómeno, la inhabilidad de la aproximación del campo medio para explicar el fenómeno y la nueva técnica de expansiones de “clusters”, método que incorpora al modelo una manera exacta para tratar las correlaciones que, llevadas a cabo sobre una cierta distancia límite, producen un comportamiento colectivo. Este modelo proporciona un mejor entendimiento de cuales son las correlaciones importantes en el origen del comportamiento colectivo. El artículo también examina las propiedades de las fases de transición observadas en los puntos de bifurcación globales entre dos tipos de fenómenos colectivos.

Finalmente en 1997 Chaté y Jérôme Losson publican un artículo [14], en donde la teoría del operador Perron-Frobenius se asocia directamente al comportamiento colectivo no trivial. En dicho artículo, “*Non-trivial collective behavior in coupled map lattices: A transfer operator perspective*”, los resultados son que la clase de transformaciones acopladas que muestran comportamiento colectivo no-trivial inducen un operador Perron-Frobenius periódicamente sintótico. Los autores concluyen que aunque no hay todavía nada definitivo con respecto a la solución del problema esta perspectiva da nuevos datos del fenómeno. Quedan pendientes los estudios sobre el comportamiento cuasiperiódico y caótico. Y queda pendiente la creación de metodologías que ayuden a predecir la naturaleza de la descomposición del espectro y por ende un método que ayude a reproducir comportamiento colectivo: las expansiones de conglomerados son un esfuerzo encaminado a lograrlo.

En el siguiente capítulo se plantea explícitamente que es un autómata celular, como se define el comportamiento colectivo en este modelo y el descubrimiento de Chaté y Manneville.

## 2.3 Comentarios finales

Los comentarios finales los podemos resumir en los siguientes puntos:

- Las investigaciones posteriores así como las más recientes acerca del comportamiento colectivo no trivial siguen confirmando el hallazgo de Chaté y Manneville.
- Sigue abierto el origen del comportamiento colectivo no trivial de período 3 y cuasiperíodo 3.
- La literatura sigue mostrando evidencias de los problemas de la teoría del campo medio para predecir el comportamiento colectivo.

# Capítulo 3

## Autómata celular unidimensional

En este capítulo se exponen de manera formal que es un autómata celular y que significa el comportamiento colectivo en estos modelos. Se muestran algunas características de los autómatas celulares que son prudentes para el tipo de estudio que nos tiene interesados y se explican las herramientas matemáticas con las que se detectan estas características.

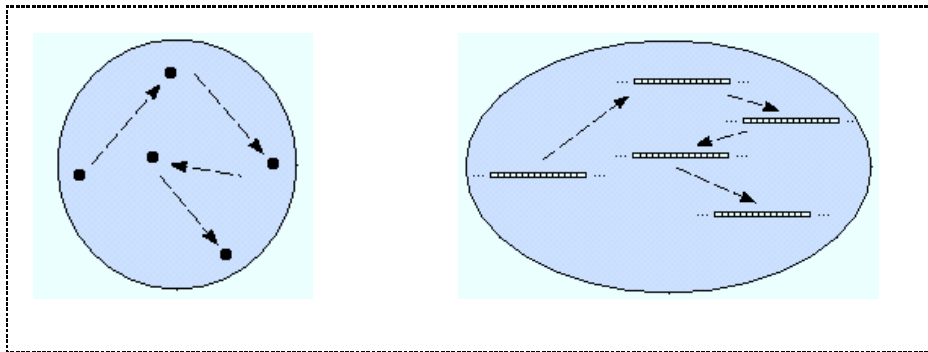


Figura 3.1: a) Cambia los elementos de su espacio con respecto al tiempo. b) Los elementos del espacio son arreglos unidimensionales

### 3.1 Autómata celular unidimensional

Un autómata celular unidimensional es un sistema dinámico que cambia los elementos de su espacio con respecto al tiempo, como lo muestra la siguiente figura 3.1.

Los elementos del espacio son mallas de una dimensión compuestas por elementos llamados células (o celdas). (ver fig 3.1-b). Las células pueden tener estados que pertenecen a un conjunto  $\Sigma$  finito de estados; y suelen ser enteros pequeños como:  $0, 1, 2, 3 \dots$ ; . Cuando se asignan estados a cada una de las células de un elemento del espacio del autómata celular a éste se le conoce como configuración, de manera que las configuraciones  $C$  son mapeos  $C : \mathbb{Z} \rightarrow \Sigma$ , lo que significa que el arreglo de células  $i \in \mathbb{Z}$  es llenado con elementos del conjunto  $\Sigma$ .

La dinámica del autómata celular consiste en pasar de una configuración a otra en el espacio de configuraciones en intervalos de tiempo discreto  $t \in \mathbb{N}$ , y esta se determina como una transformación  $\Phi : \Sigma^{\mathbb{Z}} \rightarrow \Sigma^{\mathbb{Z}}$ , conocida como la transformación global.

Dado que todas las configuraciones se encuentran en el mismo conjunto podemos considerar que  $\Phi$  realiza transformaciones de un conjunto de configuraciones en sí mismo (fig. 3.2).

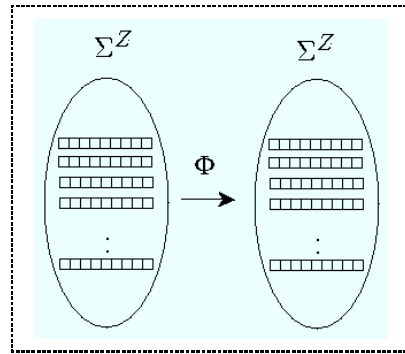


Figura 3.2: Transformaciones de un conjunto de espacios en sí mismo

Para realizar la transformación de una configuración a otra  $\Phi$  se auxilia de la función  $\varphi$  cuyo dominio es una porción de la configuración.  $\varphi$  calcula el estado de la célula en la siguiente generación de acuerdo a un grupo de células contiguas (llamada vecindad) de la configuración actual, lo que se denota como:

$$x_i^{t+1} = \varphi(x_{i-r}^t, \dots, x_i^t, \dots, x_{i+r}^t) \quad (3.1)$$

El carácter local de  $\varphi$  también conocido como regla de evolución esta determinado por la vecindad  $x_{i-r}^t, \dots, x_i^t, \dots, x_{i+r}^t$  de radio  $r$ . El valor  $x_i^{t+1}$  de cada célula es la evolución que depende de la vecindad en el tiempo  $t$  (ver figura 3.3).

Cuando se aplica la regla de evolución a cada una de las células de  $c_1$  se obtiene una nueva configuración  $c_2$ , esto da como resultado un subconjunto que pertenece al conjunto de configuraciones

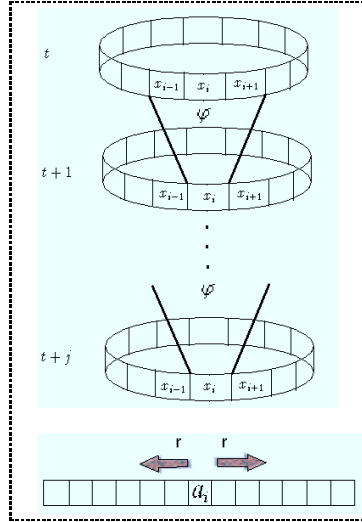


Figura 3.3: Evolución a partir de la regla local, cuyo argumento es la vecindad definida por un radio  $r$

unidimensionales denotado por  $\Sigma^{\mathbb{Z}}$ . En otros términos se tiene que para  $c_1, c_2 \in \Sigma^{\mathbb{Z}}$ ,  $\Phi(c_1) = c_2$  si y sólo si  $c_2(i) = \varphi(c_1(i-r), \dots, c_1(i), \dots, c_1(i+r))$  para todas las  $i$  que pertenecen a  $\mathbb{Z}$ .  $\Phi$  esta definido en términos de  $\varphi$  aplicado a todas las células de la configuración (todas las  $i$  que pertenecen a  $\mathbb{Z}$ ) para dar como resultado una nueva configuración. Mientras  $\varphi$  determina el aspecto local,  $\Phi$  determina el aspecto global.

Así, un autómata celular queda definido por una quintupla  $\{\Sigma, \Phi, \varphi, r, c_0\}$ . Donde:

- $\Sigma$  es un conjunto finito de estados que pertenecen a  $\mathbb{N}$ , de donde toman sus valores las células de la configuración  $c$ .
- Un radio  $r$  de vecindad que marca la dimensión de la vecindad<sup>1</sup>.
- Una regla de evolución  $\varphi : \Sigma^{2r+1} \rightarrow \Sigma$ , la cual hace una transformación del conjunto de vecindades de tamaño  $2r+1$  al conjunto de estados  $\Sigma$  del autómata celular
- Una configuración inicial  $c_0$ , a partir de la cual empieza a evolucionar y
- La función global  $\Phi$  que realiza transformaciones de configuraciones a configuraciones.

<sup>1</sup> $r \in \mathbb{Q}$  siempre y cuando  $2r+1$  sea entero.

Las transformaciones de  $\Phi$  de  $\Sigma^{\mathbb{Z}}$  a  $\Sigma^{\mathbb{Z}}$  también es conocida como la evolución de un autómata celular. Si durante las transformaciones de  $\Phi$  colocamos en el plano a cada una de las configuraciones que van surgiendo, entonces podemos ver la dinámica del autómata como lo muestra la figura 3.4.

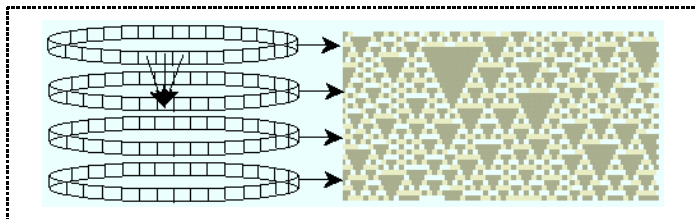


Figura 3.4: Evolución de un A.C.

La función  $\Phi$  describe el comportamiento dinámico de un autómata celular, donde el autómata celular se mueve de una configuración  $c$  en el tiempo  $t$  a otra configuración  $\Phi(c)$  en el tiempo  $t + 1$ . Y para una configuración  $c$ , la secuencia infinita:  $c, \Phi(c), \Phi^2(c), \dots, \Phi^i(c)$ <sup>2</sup> es llamada una secuencia de evolución de  $c$ , o bien, simplemente la evolución del autómata celular (ver 3.5).

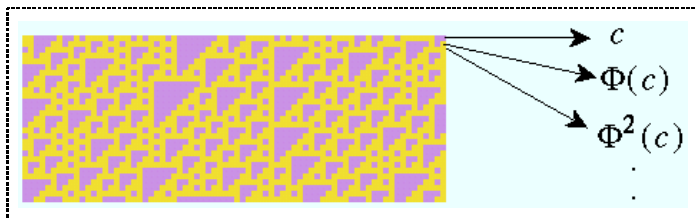


Figura 3.5: Evolución de un autómata celular, como la dinámica del mapeo global sobre  $c$ :  $c, \Phi(c), \Phi^2(c), \dots, \Phi^i(c)$

Finalmente hay que mencionar un aspecto más, acerca del espacio del autómata celular unidimensional. Éste aspecto conocido como condiciones en la frontera, consiste en cerrar el espacio unidimensional del autómata por sus extremos, de manera que se forma un anillo (ver figura 3.4). Así las primera(s) célula(s) del espacio llega(n) a ser el (los) último(s) elemento(s) de la vecindad de la última(s) célula del espacio y/o el (los) último(s) elemento(s) de la configuración llega(n) a ser el (los) primer(os) elemento(s) de la vecindad de la primer célula del espacio, todo

<sup>2</sup>Aquí  $\Phi^2(c)$  significa  $\Phi(\Phi(c))$ ,  $\Phi^3(c)$  significa  $\Phi(\Phi(\Phi(c)))$ , etc.



esto dependiendo del tamaño de la vecindad. Al cerrar el espacio para formar un anillo permite lograr dos características:

1. Homogéneidad: Consiste en tener el mismo tamaño de vecindad en todo el espacio del autómata celular.
2. Numerabilidad: El conjunto de configuraciones es contable.

### 3.1.1 Reglas de evolución

La regla de evolución  $\varphi : \Sigma^{2r+1} \rightarrow \Sigma$  es la asociación entre las vecindades y un elemento de  $\Sigma$ . El número de formas en que puede hacerse esta asociación es muy grande (ver figura 3.6) , si  $N$  es el tamaño de la vecindad es decir  $N = 2r + 1$ , entonces el conjunto de todas las posibles vecindades definido por  $\varphi$  es  $|\Sigma|^N$ . Por otro lado si  $k$  es es el número de estados por célula  $k = |\Sigma|$  entonces el número total de posibles reglas esta dado por  $k^{k^N}$ .

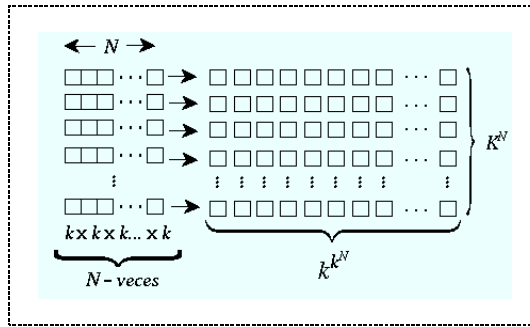


Figura 3.6: Número de reglas de un autómata celular de  $k$  estados y vecindad= $N$

Existen dos formas de identificar de manera única la regla de evolución, una de ellas usada por Kenneth Perry [33], y la otra propuesta por Wolfram [62].

El número que Wolfram propone a la regla de evolución está dado por la ecuación 3.2.

$$w(\varphi) = \sum_{B \in B_{2r+1}} \varphi(B)k^{I(B)} \quad (3.2)$$

donde:

- $B$  son las vecindades de tamaño  $2r + 1$ .

- $\varphi(B)$  es la regla de evolución aplicada a dichas vecindades.
- $k$  es el número de estados del autómata celular.
- $I(B)$  es una función que establece un orden lexicográfico que enumera a partir de cero, el orden correspondiente al bloque  $B$

Para ilustrar lo anterior veamos el siguiente ejemplo: Si se tiene un autómata con 3 estados ( $k=3$ ) y un radio de  $1/2$ , es decir, una vecindad de dos células, donde la asignación de la regla es  $\{00, 11, 12, 20, 21, 22\} \rightarrow 0$ ,  $\{01, 10\} \rightarrow 1$  y  $\{02\} \rightarrow 2$ , el número de Wolfram correspondiente a esta asignación esta dado en la tabla 3.1.

Tabla 3.1: Cálculo del número asociado a las reglas de evolución

$I(B)$	$B$ : vecindad	$\varphi(B)$	$\varphi(B)k^{I(B)}$
0	00	$\varphi(00) \rightarrow 0$	$0 \times 3^0 = 0$
1	01	$\varphi(01) \rightarrow 1$	$1 \times 3^1 = 3$
2	02	$\varphi(02) \rightarrow 2$	$2 \times 3^2 = 18$
3	10	$\varphi(10) \rightarrow 1$	$1 \times 3^3 = 27$
4	11	$\varphi(11) \rightarrow 0$	$2 \times 3^4 = 243$
5	12	$\varphi(12) \rightarrow 0$	$0 \times 3^5 = 0$
6	20	$\varphi(20) \rightarrow 0$	$0 \times 3^6 = 0$
7	21	$\varphi(21) \rightarrow 0$	$0 \times 3^7 = 0$
8	22	$\varphi(22) \rightarrow 0$	$0 \times 3^8 = 0$
Número asociado			$\rightarrow 291$

## 3.2 Jardín del edén

Las configuraciones que se consideran *jardín del edén* son aquellas que nunca serán parte de la evolución del autómata celular, ya que la regla de evolución es incapaz de generarlos, sin importar a partir de que configuración se intente. Por lo anterior se dice también que estas configuraciones no tienen configuraciones ancestras.

La única oportunidad de estar dentro de la evolución para las configuraciones del *Jardín del Edén*, es cuando son dadas como configuraciones iniciales, pero una vez que la regla de evolución toma control en la dinámica del sistema, no volverán a formar parte de dicha dinámica.

En términos de probabilidad, tenemos que no existe posibilidad que se dé en la evolución una configuración del jardín de edén, por lo que la probabilidad de ocurrencia es cero. Por lo tanto debemos considerar con medida 0 a las cadenas que son *jardín de edén* en el marco del cálculo de probabilidades.

Para tomar en cuenta la exclusión de estas cadenas debemos saber como detectarlas; aquí se presentan dos técnicas (apoyadas en la teoría de gráficas) que entre otras cosas nos ayudan a detectar a las cadenas *jardín de edén*. Estas gráficas son conocidas como:

1. Los diagramas de *de Bruijn* y
2. Los diagramas de subconjuntos.

### 3.2.1 Diagramas de *de Bruijn*

Los diagramas de *de Bruijn* surgieron en el estudio de la teoría de corrimiento de registros [26], con el estudio de las propiedades entre los traslapes de una secuencia de símbolos. Después de esto algunos autores han hecho uso de los diagramas *de Bruijn* para el estudio de los autómatas celulares. Por citar algunos casos mencionaremos a Masakasu Nasu [50], Erica Jen [41], Harold V. McIntosh [48], Wentian Li [44] y Stephen Wolfram [61].

Una gráfica es una terna ordenada  $(N(G), A(G), \psi_G)$  que consiste de un conjunto  $N(G)$  de nodos, un conjunto  $A(G)$ , de aristas y una función de incidencia  $\psi_G$  que asocia a cada arista de  $G$  un par desordenado (no necesariamente distinto) nodos de  $G$ . Si  $a$  es un arista y  $n_1$  y  $n_2$  son dos nodos tales que  $\psi_T(a) = n_1 n_2$ , entonces se dice que  $a$  une a  $n_1$  y a  $n_2$ ; los nodos  $n_1$  y  $n_2$  son llamados las terminaciones de  $a$ . La figura 3.7 es la representación visual de una gráfica, en este caso las aristas son representadas por líneas y los nodos por círculos. El diagrama *de Bruijn* es una gráfica donde está bien establecido el orden del par de elementos de  $N(G)$  que son asociados a cada arista de  $A(G)$ <sup>3</sup>. Estas gráficas son llamadas gráficas dirigidas.

Lo que muestra un diagrama de *de Bruijn* es como se dan los traslapes en una secuencia de símbolos y de qué tipo son. Esta es un gráfica donde los nodos representan a los segmentos de secuencia que se traslapan, y las aristas entre los nodos indican los traslapes que pueden llevarse a cabo. Entonces si dos nodos son conectados por una arista (direccionada), esto indica que el traslape de los dos vértices (en el orden en que lo indica la arista) forman una cadena y esta cadena resultante puede representarse con la arista que hace la unión.

---

<sup>3</sup>Como puede verse, si los elementos de  $N(G)$  son los mismos entonces no importa el orden en que estén asociados

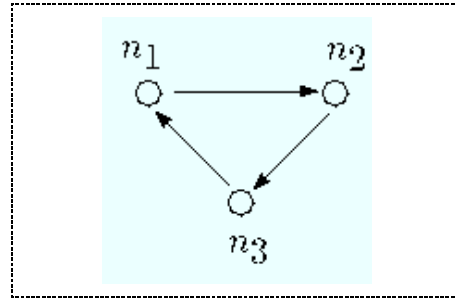


Figura 3.7: Gráfica

Un diagrama de *de Bruijn* es una gráfica que tiene  $l^{n-1}$  nodos, donde cada nodo representa una parte de las secuencias de  $n$  símbolos tomados de un conjunto de  $l$  posibles, es decir  $l$  es el número de estados,  $n$  es el tamaño de la vecindad, y  $n - 1$  son las partes de vecindad que forman los nodos. De cada nodo salen  $l$  aristas que lo comunican con otros y, entran  $l$  aristas provenientes de otros nodo. La razón estriba en que cada nodo debe conectarse con el nodo cuyo primer elemento coincide con el último elemento del nodo en cuestión lo que da  $l$  nodos; de manera que el total de aristas del diagrama de *de Bruijn* será de  $l^n$ .

Si se toman dos configuraciones subsecuentes de un autómata celular, es decir, la configuración hija y la configuración ancestral, podrá observarse que los ancestros de los elementos de la configuración hija se traslapan. La configuración ancestral es una cadena formada por el traslape de los argumentos (vecindades) de la función que determina el valor de la célula en la siguiente generación (fig 3.9).

En términos del diagrama de *de Bruijn*, dado que los nodos representan las cadenas que se traslapan para formar a las vecindades y las aristas representan el resultado de la transformación sobre la cadena que forman los nodos que une dicha arista; si realizamos un recorrido sobre la gráfica, la secuencia de nodos que vamos recorriendo formarán la cadena ancestral del autómata celular y la secuencia de aristas formarán la cadena hija; y entre más largo sea el recorrido se estarán considerando cadenas cada vez más grandes. De aquí que los diagramas de *de Bruijn* son una herramienta ideal para analizar a los autómatas celulares, ya que permite el análisis de configuraciones de cualquier tamaño, es decir, determinar propiedades globales a partir de propiedades locales.

Veamos con más precisión lo anterior, si elegimos los nodos del diagrama de *de Bruijn* como partes de la vecindad de un autómata celular y el traslape de estos como la vecindad misma, la configuración ancestral del autómata estará representada por el traslape entre los nodos del

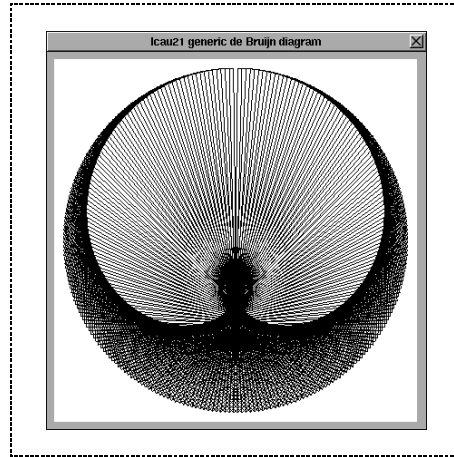


Figura 3.8: Diagrama de *deBruijn* general de 569 nodos, en un autómata  $(2, 1)$

diagrama de *de Bruijn*, y las aristas que realizan las uniones entre los nodos representan a las vecindades del autómata celular. Suponga que se tiene un autómata celular  $(2,1)^4$  cuya regla de evolución es la 22, es decir:

$$\begin{aligned}
 \varphi(000) &\rightarrow 0 \\
 \varphi(001) &\rightarrow 1 \\
 \varphi(010) &\rightarrow 1 \\
 \varphi(011) &\rightarrow 0 \\
 \varphi(100) &\rightarrow 1 \\
 \varphi(101) &\rightarrow 0 \\
 \varphi(110) &\rightarrow 0 \\
 \varphi(111) &\rightarrow 0
 \end{aligned}$$

Se pueden tomar como nodos del diagrama de *de Bruijn* los siguientes fragmentos de vecindades: “00”, “01”, “10” y “11”. De manera que para formar la vecindad “000” consideramos el traslape de los fragmentos “00” y “00”, donde las células que se traslapan son la última del primer fragmento con la primera del segundo fragmento. La vecindad “001” será el resultado del traslape de los segmentos “00” con “01”. Si traslapamos los fragmentos “01” y “10” tendremos

---

<sup>4</sup>De acuerdo a la notación de Wolfram, donde  $(k, r)$  significa un autómata con  $k$  estados y un radio de vecindad  $r$ .

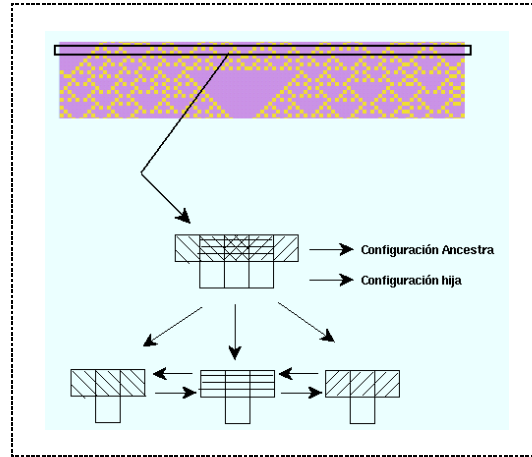


Figura 3.9: La configuración ancestral esta formada por los traslapes de vecindades

la vecindad “010”. Como puede verse, para que sea posible llevar a cabo un traslape, el último estado del primer fragmento debe ser igual al primer estado del segundo fragmento. El resto de las vecindades se podrán formar con los siguientes fragmentos:

$$\begin{aligned}
 & \text{“011”} \rightarrow \text{“01”} \text{ con “11”} \\
 & \text{“100”} \rightarrow \text{“10”} \text{ con “00”} \\
 & \text{“101”} \rightarrow \text{“10”} \text{ con “01”} \\
 & \text{“110”} \rightarrow \text{“11”} \text{ con “10”} \\
 & \text{y finalmente “111”} \rightarrow \text{“11”} \text{ con “11”}
 \end{aligned}$$

Como ya se mencionó, el papel que juega la arista en el diagrama de *de Bruijn* consiste en indicar los fragmentos que pueden traslaparse, y la dirección de la arista muestra como puede llevarse a cabo el traslape. Si se desea indicar el traslape entre los nodos “01” con “10”, la arista tendrá la dirección desde el nodo “01” al nodo “10”: “01”  $\rightarrow$  “10”. De manera que el diagrama de *de bruijn* que representa a un autómata (2,1) se muestra en la figura 3.10a.

Dado que la arista representa a la vecindad, puede representar una transformación sobre dicha vecindad y si dicha transformación es la regla de evolución del autómata celular, entonces las aristas representan los estados de las células en la siguiente generación, como se muestra en la figura 3.10b, donde el diagrama de *de Bruijn* representa a la regla 156 del autómata celular (2,1). Si seguimos los caminos viables del diagrama de *de Bruijn*, estaremos traslapando nodos y, por lo tanto, formando la configuración ancestral, y al mismo tiempo se irán generando las

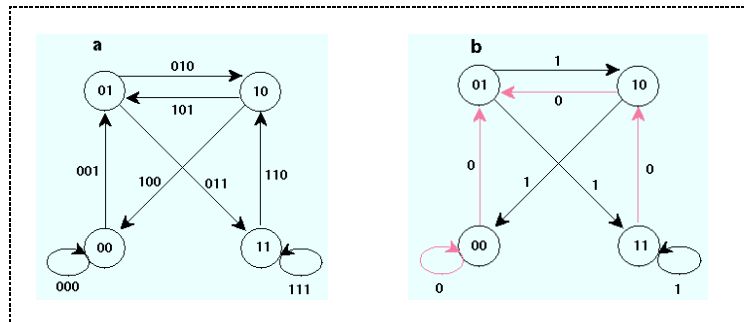


Figura 3.10: Diagrama de Bruijn. Gráfica a) Cada arista representa la vecindad de un autómata celular. Gráfica b) Cada arista representa el resultado de evaluar la regla de evolución

células que resultan de aplicar la regla de evolución a la vecindad producto del traslape, es decir, se irá generando la configuración hija. De esta manera el diagrama de *de Bruijn* convierte el problema del análisis sobre configuraciones de un autómata celular en la búsqueda de caminos en una gráfica.

Los diagramas de *de Bruijn* nos permiten saber si es posible que una cadena pueda ser resultado de la evolución de un autómata celular, es decir, si una cadena tiene o no ancestro. Una cadena que no puede ser generada por la regla de evolución del autómata, se le da el nombre de *jardín de edén* [46]. Si es posible formar una cadena en particular, es de interés saber si existe una única forma llevar a cabo esta acción, o existen varias maneras de hacerlo. Si no existe un camino cuyas aristas formen la cadena deseada, tal cadena no existe; si las aristas pasan exactamente por los mismos nodos para formar una cadena, esto implica que la manera de generar la cadena es única, y si existe más de una forma en que diferentes nodos se puedan unir bajo la misma secuencia de aristas, entonces la cadena en cuestión tiene varios ancestros.

### 3.2.2 Diagramas de subconjuntos

Cuando los autómatas celulares involucran pocos estados y el radio de la vecindad es pequeño, el diagrama de *de Bruijn* puede ser suficiente para realizar la búsqueda de cadenas que pertenecen al *jardín de edén* o de cadenas que tengan ancestros múltiples. Pero si no es el caso, realizar esta búsqueda mediante el diagrama de *de Bruijn* se vuelve una tarea poco práctica. Para encontrar múltiples ancestros o jardines del Edén de manera más eficiente existen los “diagramas de subconjuntos” y los “diagramas de parejas”. El primero permite realizar búsquedas de las cadenas que pertenecen al *jardín de edén*. El otro diagrama conocido como diagrama de parejas,

hace lo correspondiente con la búsqueda de la existencia de cadenas con dos ancestros. Para efectos de la discusión de esta tesis sólo se analizará el diagrama de subconjuntos; si el lector desea conocer la segunda herramienta, puede encontrar información en [47]

Los diagramas de subconjuntos se forman a partir de los diagramas de *de Bruijn*. Las gráficas que representan a los diagramas de subconjuntos forman sus nodos considerando todos los subconjuntos que se pueden formar con los nodos de los diagramas de *de Bruijn*. De manera que ahora la relación representada por las aristas es una relación entre conjuntos y no entre elementos. Si en la gráfica original una liga sale de un nodo hacia diferentes nodos, en el diagrama de subconjuntos este hecho estará representado por un arista que va del nodo-fuente al nodo-subconjunto formado por los nodos-destino. La idea de que los nodos de un diagrama de subconjuntos sean todos los posibles subconjuntos de los nodos de un diagrama de *de Bruijn* y, de transformar las aristas dirigidas (flechas) que no son funciones (en la gráfica original) en funciones, uniendo todos sus nodos destino originales en un sólo nodo, hace que el diagrama de subconjuntos transforme la estructura no funcional del diagrama de *de Bruijn* en un cubrimiento funcional del espacio. El diagrama de subconjuntos es, entonces, una forma de realizar una búsqueda sistemática de todas las cadenas *jardines del Edén*, presentada de acuerdo con todas las posibles combinaciones de los puntos de partida. El diagrama de subconjuntos, en general, tendrá  $2^{K^{2r}}$  nodos; es decir, dos elevado al número de nodos que tenga el diagrama de *de Bruijn* a partir del cual se está generando, y el número de ligas que salen de cada nodo es igual a  $k$ , una por cada estado. No podrá haber aristas de un sólo estado que tengan más de dos vértices como destino. El total de aristas será de  $2^{K^{2r}} k$ .

Ejemplo: Considere el diagrama de *de Bruijn* 3.10b, representando al nodo “00” como el nodo 1, al nodo “01” como el nodo 2, al nodo “10” como el nodo 4, y, finalmente, al nodo “11” como el nodo 8, tenemos que el número de subconjuntos de un sólo elemento son ellos mismos, a saber:

$$\{1\}, \{2\}, \{4\}y\{8\}$$

que los subconjuntos de dos elementos son 6,

$$\{1, 2\}, \{1, 4\}, \{2, 4\}, \{1, 8\}, \{2, 8\}y\{4, 8\}$$

que podemos reconocer como los nodos 3,5,6,9,10 y 12, si sumamos los elementos que forman cada subconjunto. Los subconjuntos de tres elementos son

$$\{1, 2, 4\}, \{1, 2, 8\}, \{1, 4, 8\}y\{2, 4, 8\}$$

que a su vez podemos reconocer como los nodos 7,11,13 y 14, bajo la misma consideración de sumar los elementos del subconjunto. El número de subconjuntos de 4 elementos es

$$\{1, 2, 4, 8\}$$



Tabla 3.2: Definición de aristas en el diagrama de subconjuntos (regla 156)

Nodo	Salida con arista 0	Salida con arista 1
Clase unitaria		
1	3	ninguno
2	ninguno	12
4	2	1
8	4	8
Subconjuntos de 2 elementos		
3	3	12
5	3	1
6	2	13
9	7	8
10	4	12
12	6	9
Subconjuntos de 3 elementos		
7	3	13
11	7	12
13	7	9
14	6	13
Subconjuntos de 4 elementos		
15	7	13

o el nodo 15. El subconjunto que no tiene ningún elemento, es decir el conjunto vacío lo denotaremos como el conjunto 0. En total se tienen 16 nodos ( $2^{K^{2r}} = 2^{2^2} = 16$ ) que forman el diagrama de subconjuntos.

Una vez que se tienen los nodos del nuevo diagrama, las aristas de este diagrama se deducen de un análisis sobre el diagrama de *de Bruijn*. Las premisas de este análisis son la transformación de las aristas a funciones y la manera en que se relacionan los nodos que ahora son subconjuntos. Empezando con los nodos que tienen un sólo elemento, llamados también clase unitaria, se analizan sus nodos equivalentes en el diagrama de *de Bruijn* para ver hacia qué nodos salen con aristas etiquetadas en 0 y en 1. Se tiene entonces que el nodo 1 sale con 0 hacia los nodos 1 y 2, y la arista con un 1 hacia ningún nodo. En términos de nuestro nuevo diagrama esto significa que el nodo de la clase unitaria 1 sale con liga 0 hacia 3 y con liga 1 hacia el conjunto vacío (lo que significa que no va hacia ningún nodo). Con la representación de una sola arista que va

del nodo 1 al 3 en lugar de la original que iba hacia hacia dos nodos, se hace la transformación funcional de las aristas. Como otro ejemplo tomemos el nuevo nodo 5 y veamos hacia dónde tiene aristas de salida con los estados 0 y 1. Del nodo 5 sabemos que es un subconjunto formado por los nodos 1 y 4 del diagrama de *de Bruijn*. En el diagrama de *de Bruijn* se puede ver que las salidas que tiene el subconjunto 5 con 0 van hacia 3 (1 y 2) y hacia 2, entonces el subconjunto 5 va hacia 3, dado que la salida con 2 ya esta contemplada en el subconjunto 3. De manera similar se lleva a cabo este análisis para el resto de los nodos hasta que se obtienen todas las aristas de la nueva gráfica. La tabla 3.2 muestra el resultado para el resto de los nodos.

Como resultado tenemos la gráfica de subconjuntos de la figura 3.11, la cual nos muestra las aristas de salida con 0 y 1 etiquetando a los átomos con las dos variantes, como nodos formados por los propios elementos del subconjunto y como la suma de ellos.

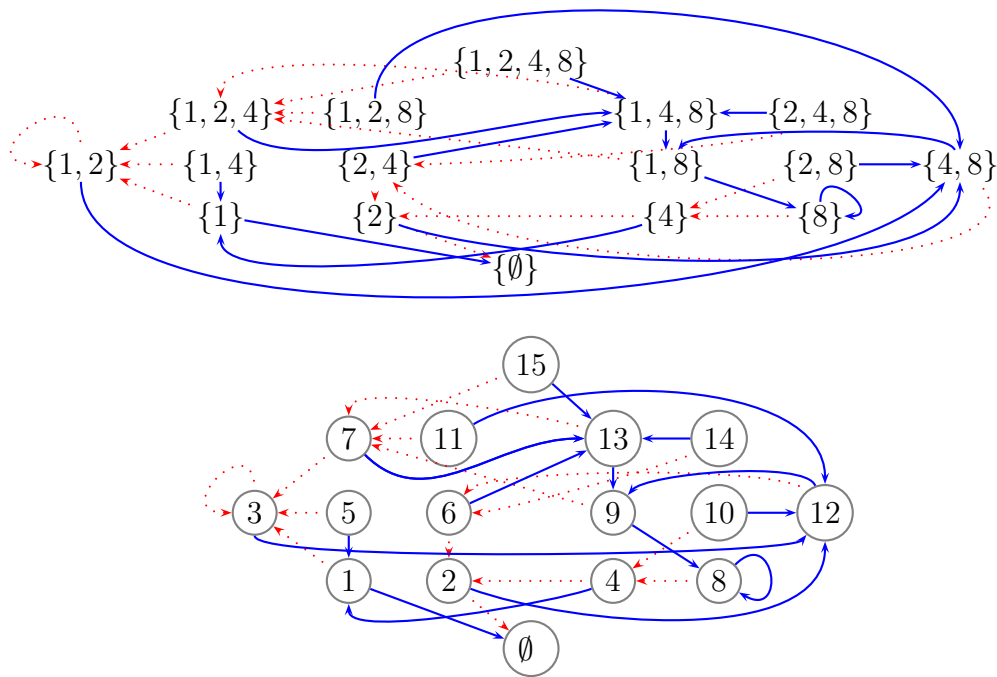


Figura 3.11: Diagrama de subconjuntos de la regla 156. Mostrando a los nodos formado por sus propios elementos y como la suma de ellos. Las ligas punteadas representan la transformación en el estado 0 y las ligas sólidas representan el mapeo en 1.

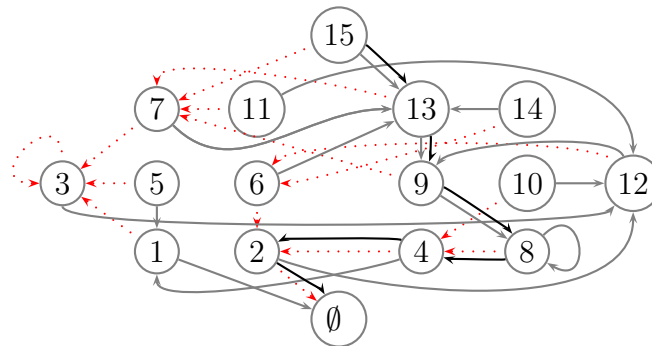


Figura 3.12: Diagrama de subconjuntos de la regla 156 para el autómata  $(2,1)$ , donde se ilustra como se localizan cadenas jardines de edén, en este caso la cadena es “111000”. Las ligas punteadas representan el mapeo en 0 y las sólidas el mapeo en 1. Las ligas sólidas más oscuras muestran una cadena prohibida.

Para encontrar cadenas que pertenecen al *jardín de edén* sobre esta representación se buscan todos los posibles caminos que puede haber desde el conjunto total (el de 4 elementos) hasta el conjunto vacío. Si no existe ningún camino, esto significa que no existe *jardín de edén* para esta regla. Si existen varias formas de llegar del conjunto total al vacío, todas esas posibles maneras son cadenas que pertenecen al *jardín de edén* (ver figura 3.12) y las aristas por las que se pasan durante el trayecto muestran exactamente como se componen estas; siendo las cadenas más cortas las que forman parte del *jardín de edén*. En este caso las cadenas “111000”, “0111000”, “00111000” y “001100110011..00111000” son las cadenas excluidas. Cualquier configuración que contenga a cualquiera de estas cadenas formara parte del *jardín de edén*.

### 3.3 Comportamiento colectivo no trivial

Una vez que se tiene la evolución de un autómata celular, su dinámica puede ser estudiada desde el punto de vista de comportamiento individual de las células o desde el enfoque del comportamiento colectivo.

Desde la perspectiva del comportamiento colectivo el estudio se enfoca en tomar en cuenta a un grupo de células que comparten un estado, es decir la frecuencia de un estado durante la evolución. Si la frecuencia de dicho estado en la configuración del autómata se divide entre el total de células que tiene la configuración, se tiene la densidad. El comportamiento colectivo

que nosotros estudiamos es la densidad.

Ahora bien, si consideramos el autómata celular

$$\Phi : \Sigma^{\mathbb{Z}} \rightarrow \Sigma^{\mathbb{Z}}$$

entonces definimos una función  $\theta$ :

$$\theta : \Sigma \rightarrow \mathbb{R}$$

$$\theta : \frac{1}{n} \sum_{x_i=1}^n x_i \quad (3.3)$$

para  $x_i = k$ .

La función  $\theta$  tiene como dominio a las configuraciones del autómata celular y de rango el intervalo  $[0, \dots, 1]$ . Los extremos se presentan cuando no existe ninguna célula que contenga el estado o cuando todas las células lo tienen. En la expresión 3.3  $x_i$  es la  $i$ -ésima célula del espacio;  $k$  un estado en particular;  $n$  el total de células de la secuencia.

Entonces la dinámica por estudiar está dada por:

$$\theta \circ c, \theta \circ \Phi(c), \theta \circ \Phi^2(c), \dots, \theta \circ \Phi^n(c) \quad (3.4)$$

Este es el tipo de comportamiento que nos mantendrá interesados en nuestro estudio (ver figura 3.13).

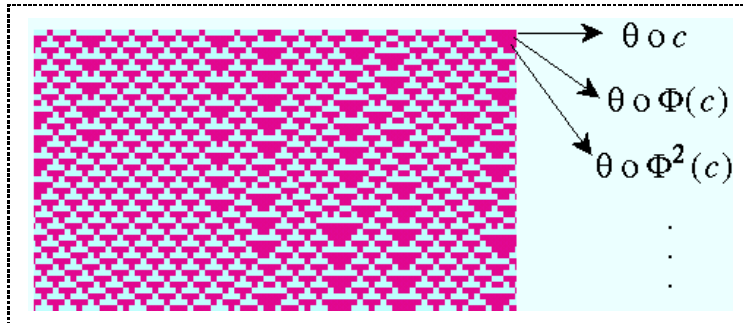


Figura 3.13: Comportamiento colectivo en las configuraciones de un autómata celular  $\theta \circ c, \theta \circ \Phi(c), \theta \circ \Phi^2(c), \dots, \Phi^i(c)$

### 3.3.1 Período y cuasiperíodo 3

Para el estudio del período y cuasiperíodo 3 se tienen tres conceptos preliminares que ilustran diferentes maneras de observar las densidades de los datos experimentales y reales en los autómatas celulares. Estos son:

1. Mapa de retorno
2. Representación en altas dimensiones
3. Secciones planares de un hipercubo.

#### Mapa de retorno

El mapa de retorno fue ideado para determinar el comportamiento de un sistema dinámico a partir de su análisis en un punto de su trayectoria. Para lograr esto Poincaré definió lo que ahora se conoce como la sección de Poincaré que consiste en un plano interpuesto en la trayectoria del sistema, el lugar de la trayectoria donde se coloca es el punto en donde se desea hacer el análisis y los puntos resultado de la intersección de la dinámica del sistema con el plano constituyen el mapa de retorno o el mapa de Poincaré .

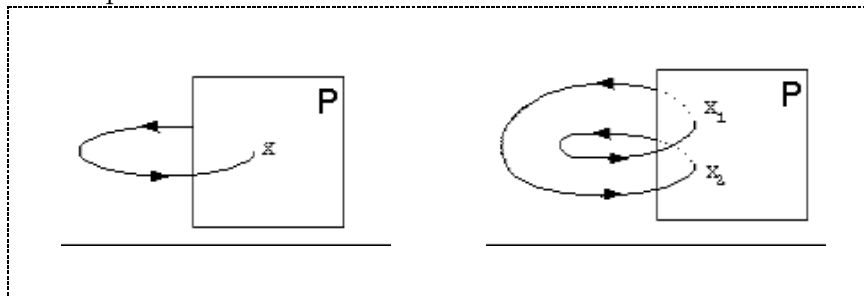


Figura 3.14: Una sección de Poincaré  $P$  interseccionada por uno y dos puntos (de izquierda a derecha), mismos que forman el mapa de retorno o mapa de Poincaré

Mediante el mapa de retorno, Poincaré discretiza un sistema dinámico continuo, llevando de esta manera un estudio cualitativo del sistema.

En el caso de autómatas celulares ya se tiene un sistema que es discreto, por cada paso de tiempo en la evolución obtenemos una densidad de la configuración del autómata celular. Si la serie de densidades que se obtienen  $\theta(c), \theta(\Phi(c)), \theta(\Phi^2(c)), \dots, \theta(\Phi^n(c))$ , se expresan como los pares ordenados  $(\theta(c), \theta(\Phi(c))), (\theta(\Phi(c)), \theta(\Phi^2(c))), (\theta(\Phi^2(c)), \theta(\Phi^3(c))) \dots$  se obtiene el mapa de retorno de Poincaré.

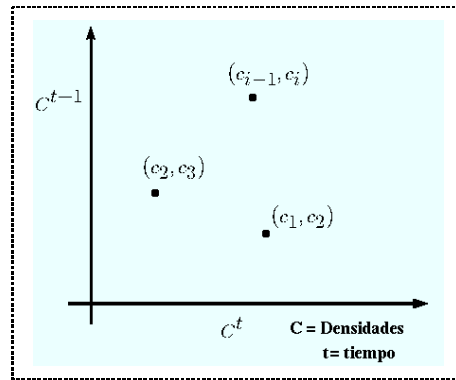


Figura 3.15: Mapa de retorno a partir de pares ordenados de las densidades de las configuraciones de los autómatas celulares

### 3.3.2 Representación en grandes dimensiones

Aquí se presenta de que manera se pueden hacer representaciones de configuraciones unidimensionales de un autómata celular en dimensiones mayores. La razón por tocar este punto es que fue una consideración establecida en la experimentación de Chaté y Manneville.

Para hacer una representación en altas dimensiones es necesario considerar el radio y el tipo de vecindad del autómata celular unidimensional. Por un lado, si se tiene un radio determinado y una vecindad establecida, a partir de esto, podemos saber que dimensión puede ser representada. Por otro lado, si se desea tener una representación en particular en altas dimensiones, a partir de esto, se determina el radio y tipo de vecindad necesario, para lograrlo.

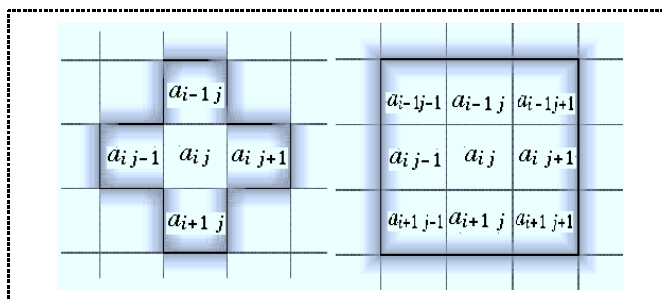


Figura 3.16: Vecindad de von Neumann y Moore

Desde el inicio de los estudios en autómatas celulares dos tipos de vecindad han jugado un

papel importante en la experimentación. Uno de ellos llamado vecindad de von Neumann toma el punto de vista de ingeniería, por lo que se interesa en economizar recursos. Y el otro llamado vecindad de Moore asume el punto de vista matemático, su objetivo es considerar los casos generales.

La vecindad de von Neumann definida en dos dimensiones considera las células ortogonales y la célula central, como se puede ver en la gráfica izquierda de la figura 3.16. La vecindad de Moore considera además de las células ortogonales y la central, a las células diagonales como parte de su vecindad (ver gráfica derecha de la figura 3.16).

Entonces, si se desea hacer una representación en dos dimensiones bajo una vecindad de von Neumann, dado que esta consta de 5, el autómata celular unidimensional que puede hacerlo deberá tener un radio  $r = 2$  como se muestra en 3.17.

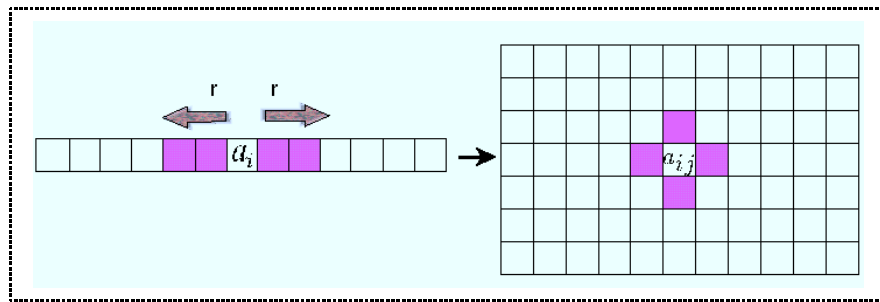


Figura 3.17: Representación de un autómata en dos dimensiones con vecindad de von Neumann

Si se desean tres dimensiones con vecindad de von Neumann, se requieren de 7 células:

3 dimensiones – von Neumann

	$(i, j, k)$	
$(i, j, k+1)$	$(i, j, k-1)$	$(i, j+1, k)$
$(i, j-1, k)$	$(i+1, j, k),$	$(i-1, j, k)$

por lo que un autómata celular unidimensional con radio  $r = 3$  es el indicado (ver fig 3.18).

Finalmente si se desea hacer un análisis para la vecindad de von Neumann en 4 y 5 dimensiones, se tendrán vecindades de 9 y 11 células, como lo muestran las siguientes tablas:

4 dimensiones – von Neumann

$(i, j, k,l)$			
$(i +1,j, k,l)$	$(i ,j+1, k,l)$	$(i ,j, k+1,l)$	$(i ,j, k,l+1)$
$(i -1,j, k,l)$	$(i ,j-1, k,l)$	$(i ,j, k-1,l)$	$(i ,j, k,l-1)$

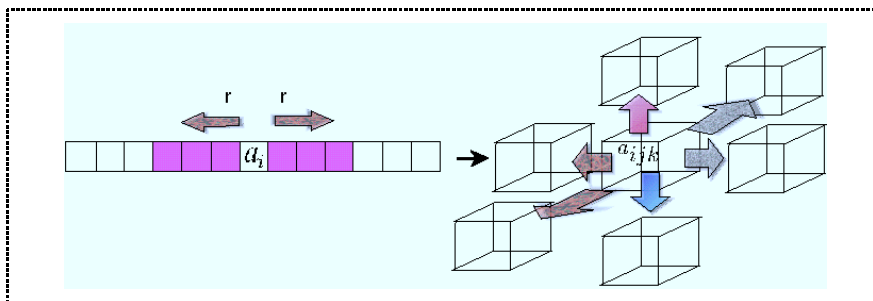


Figura 3.18: Representación de un autómata en tres dimensiones con vecindad de von Neumann

5 dimensiones – von Neumann

$(i, j, k, l, m)$				
$(i+1, j, k, l, m)$	$(i, j+1, k, l, m)$	$(i, j, k+1, l, m)$	$(i, j, k, l+1, m)$	$(i, j, k, l, m+1)$
$(i-1, j, k, l, m)$	$(i, j-1, k, l, m)$	$(i, j, k-1, l, m)$	$(i, j, k, l-1, m)$	$(i, j, k, l, m-1)$

El número de células por cada dimensión esta dado de la siguiente manera:

dimensión	2	3	4	5	...
número de células	5	7	9	11	...
radio en una dimensión	2	3	4	5	...

Se tiene entonces que el número de células de la vecindad en la dimensión  $t$  esta dado por  $(2 \times t) + 1$ , para  $t \geq 2$ .

Para la vecindad de Moore el proceso es similar y dado que se cubren las células en todas las direcciones, el valor del radio  $r$  deberá en este caso ser mucho más grande para lograr las mismas dimensiones. Para tener una vecindad de Moore en 2 dimensiones es necesario un  $r = 4$ . Y para tres dimensiones  $r$  deberá valer 13.

La siguiente tabla muestra el número de células que corresponde en una vecindad de Moore en varias dimensiones, así como el valor del radio necesario para que pueda ser representado con un autómata celular de una dimensión.

dimensión	2	3	4	5...
número de células	9	27	81	143...
radio	4	13	40	71...



De manera que el número de células en una vecindad de Moore en  $n$  dimensiones esta dado por  $3^n$ . Y el radio que se necesita para representarlo en la dimensión  $n$  es  $\frac{(3^n)-1}{2}$ .

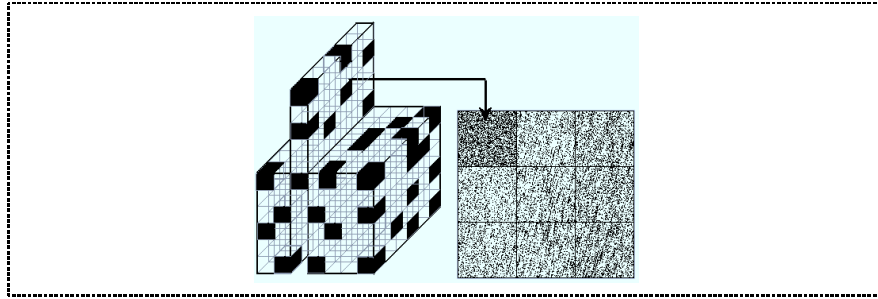


Figura 3.19: Sección planar de un cubo

### 3.3.3 Secciones planares de un hipercubo

Una vez que se ha representado el espacio unidimensional de un autómata celular en un hipercubo, detectar las densidades en este nuevo espacio es una tarea imposible para la mayoría de los hipercubos mayores a 3 dimensiones y en los que puede llevarse a cabo, es de poca utilidad debido a la dificultad del ojo humano en detectar densidades de cuerpos en tres dimensiones.

Aquí se presenta una opción para llevar a cabo esta observación. Esta alternativa consiste en tomar un plano del hipercubo por cada estado del tiempo y observar su densidad. Suponga que se tiene la transformación del espacio unidimensional al cubo; sobre este cubo iremos tomando uno de los planos que le dan forma como lo ilustra la figura 3.19. Cada uno de estos planos se toma en forma sucesiva como lo ilustra la figura 3.20, el número en los cuadros indica el orden en que se va mostrando cada sección planar y corresponde al número de evolución.

Esta manera de visualizar las configuraciones tiene su inconveniente, ya que la información que puede brindar la sección planar va disminuyendo conforme se aumenta la dimensión. Sin embargo aun es útil en los hipercubos de 4, 5 y 6 dimensiones.

Los autómatas celulares en que llevaron a cabo sus estudios Chaté y Manneville eran binarios y al estar estudiando las densidades sobre estos autómatas, encontraron que durante la evolución, algunos de ellos manifestaban una densidad que fluctuaba en tres valores de manera periódica, como lo muestra la figura 3.21. Sus experimentos consideraban altas dimensiones, un gran número de evoluciones e intervalos de tiempo muy largos. El fenómeno se presentaba bajo dos variantes, en algunos casos las densidades se concentraban en tres valores y en otros estas densidades iban rotando sobre estos tres valores, lo que se reconoció como cuasiperíodo 3.

1	2	3	4	5
6	7	8	9	10
11	.	.	.	

Figura 3.20: Presentación de los cortes planares

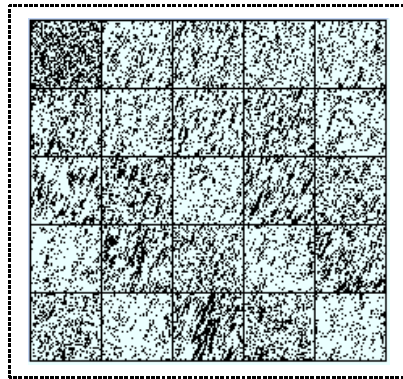


Figura 3.21: Oscilación de densidades en tres valores

El valor de cada una de estas densidades  $D_i$  planteada como el número de células con estado “1” en todo el espacio, dividido entre el total de células del espacio (como se especifica en la ecuación 3.3). De manera que si graficamos la sucesión de puntos  $(D^0, D^1), (D^1, D^2), (D^2, D^3), \dots$  tendremos el mapa de retorno que Poincaré ideó (sección de Poincaré) para estudiar el comportamiento de los sistemas dinámicos. Si el sistema pasa repetidas veces por los mismos puntos el sistema es periódico y su período es el número de puntos por los que pasa. En este caso el mapa de retorno debe mostrar tres puntos y el cuasiperíodo, un objeto que tiene como vértices a tres puntos también (ver la gráfica (a) y (b) de la figura 3.22, respectivamente). En términos generales se están graficando los puntos  $(D^t, D^{t+1})$ , donde  $D^t$  es la densidad de las células activas en el momento actual y  $D^{t+1}$  es la densidad de las células en 1 en el momento  $t + 1$ .

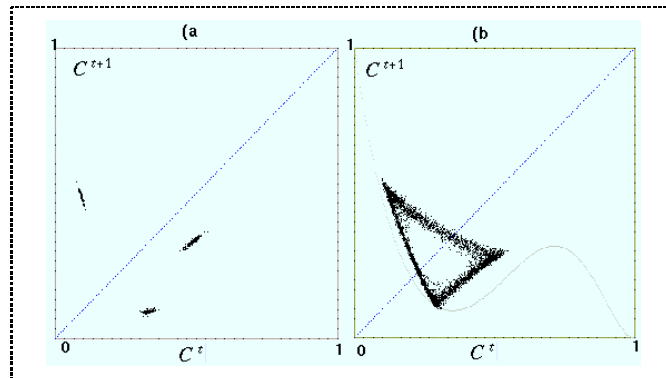


Figura 3.22: Gráficas de retorno donde se muestra el comportamiento periódico y cuasiperiódico de período 3

### 3.3.4 Comportamiento colectivo trivial y no-trivial

Se considera comportamiento colectivo trivial al comportamiento que se ajusta a las predicciones de la ley de los grandes números. Esta ley estipula que la densidad debe tender a un sólo valor. Un ejemplo de comportamiento colectivo trivial lo ilustra la figura 3.23 donde a partir de una configuración inicial aleatoria de densidad 0.5, el sistema se estabiliza en una sólo densidad.

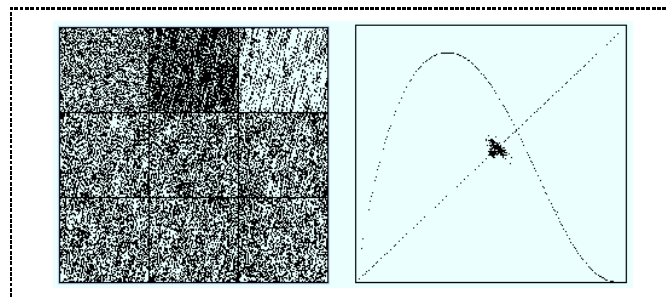


Figura 3.23: Autómata celular en 3 dimensiones con una densidad que se estabiliza en un sólo valor: período 1

El autómata celular que muestra este comportamiento es un autómata (2,3) cuya regla de evolución es la 30. Aunque la simulación se lleva cabo en tres dimensiones, aquí se muestran las densidades experimentales en cortes planares y con un mapa de retorno donde se puede apreciar como el sistema es periódico en un sólo punto.

Así, el comportamiento colectivo no-trivial se refiere en general a cualquier comportamiento que no se ajusta a la predicción anterior: el período tres y cuasiperíodo tres es un caso de este comportamiento.

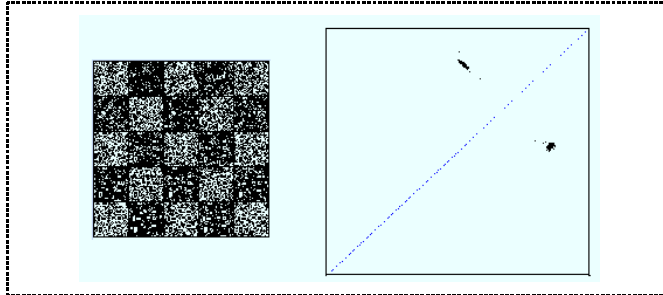


Figura 3.24: Autómata celular en 4 dimensiones con una densidad que se estabiliza en dos valores: período 2

En la gráfica 3.24 se aprecia el caso donde las densidades fluctúan en dos valores: período 2. Este comportamiento se presenta en una simulación en 4 dimensiones con una regla de evolución 638 en (2,4). Como puede distinguirse en los cortes planares las densidades toman dos valores entre generación y generación, esto mismo se constata en el mapa de retorno con dos nubes de puntos.

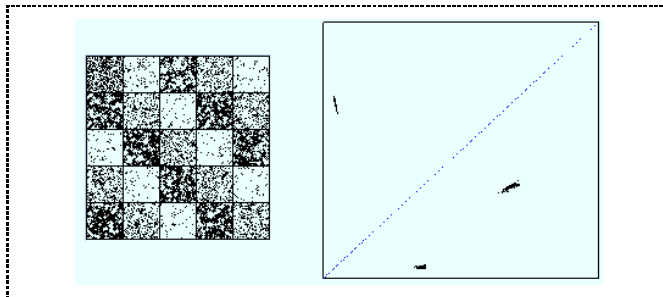


Figura 3.25: Autómata celular en 4 dimensiones con una densidad que se estabiliza en tres valores: período 3

A continuación se ilustra el comportamiento de las densidades que son de nuestro interés de estudio: el período 3 y el cuasiperíodo 3.

El período tres lo muestra la figura 3.25 donde puede apreciarse como fluctúan las densidades a partir de los cortes planares hechos en un hipercubo de 5 dimensiones. Iniciando de una densidad

de 0.5 le sigue un plano con poca densidad de 1's, otro con mediana densidad, y un tercero con alta densidad, se vuelve a repetir el plano con poca densidad y vuelve a iniciarse el ciclo con estas tres densidades. El mapa de retorno confirma lo anterior con tres nubes de puntos. El autómata celular que presenta este fenómeno es un  $(2,4)$  cuya regla de evolución es la 385.

El cuasiperíodo 3 es muy parecido al período 3 con algunas sutilezas. Este toma este nombre porque a pesar que los valores de las densidades a lo largo de su evolución toman tres valores en general; la manera en que lo hacen es muy particular. Para empezar las tres densidades que se presentan en los cortes planares no fluctúan exactamente de manera periódica, es decir las tres densidades se van presentando durante la evolución cambiando cada una de ellas en cada nuevo ciclo pero manteniendo tres valores. Esto puede verse en el mapa de retorno con un triángulo formado por los puntos de las densidades (ver figura 3.26), una densidad alta en la siguiente ciclo es mediana y para el siguiente ciclo es baja, esto para cada tipo de densidad, de manera que las densidades se van rotando.

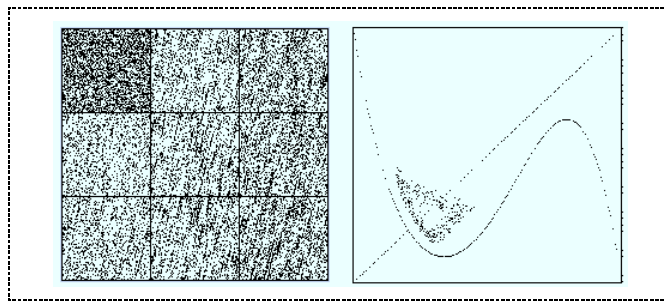


Figura 3.26: Autómata celular en 3 dimensiones con una densidad que se estabiliza en tres valores que se van rotando: cuasiperíodo-3

El comportamiento de los autómatas que presentan período 3 y cuasiperíodo 3, son el **comportamiento colectivo no trivial** que estudiaremos aquí.

### 3.4 Comentarios finales

Los comentarios finales van en tres sentidos:

- Los diagramas de *de Bruijn* y de subconjuntos son dos herramientas muy fuertes en el análisis de autómatas celulares, en nuestro caso nos permiten detectar las cadenas que deben tener medida 0 de probabilidad. Sin embargo cuando los estados o el tamaño de

la vecindad van creciendo, estos diagramas pueden llegar a tener dimensiones tan grandes que no hay memoria suficiente para procesarlos por computadora y cuando es posible, son tantos los nodos y las ligas que es muy difícil manejarlos.

- Cuando se trata de detectar densidades de manera visual en hipercubos, se tiene un problema de visualización por resolver. Aquí se propuso una manera de llevarla a cabo pero queda pendiente pensar si existen mejores soluciones.
- El mapa de retorno permite detectar de manera clara los ciclos de las densidades de un autómata celular. Bajo este esquema se presenta el comportamiento colectivo encontrado en 3, 4 y 5 dimensiones en el apéndice I. La lista es completa para 3 y 4 dimensiones y muestra algunos ejemplos en 5 dimensiones.

# Capítulo 4

## Fundamentos Topológicos en Autómatas Celulares

En el capítulo 2 se vió como una función local  $\varphi$  que asigna bloques de estados a un estado sobre un conjunto de símbolos determina la dinámica de un autómata celular. Esta condición, de acuerdo a Hedlund [31], hace que la función global  $\Phi$  sea continua y conmute con el corrimiento  $\sigma$  de un sistema dinámico de corrimiento.  $\Phi$  es la función que realiza transformaciones entre las configuraciones de un autómata celular, determinando el espacio de configuraciones del mismo.

La fundamentación a la construcción del conjunto de configuraciones  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  de un autómata celular, se basa en conceptos como espacio de conjuntos y clases, que se dan en la subsección 4.1.1. Una clase especial de interés es la de campo y  $\sigma$ -campo, que permite definir un *Espacio Medible*. Los espacios medibles formarán la estructura principal para: definir clases de eventos, construir medidas y determinar variables aleatorias para la teoría de la probabilidad.

En la sección 4.2 el objetivo es ver al autómata celular como un sistema dinámico simbólico estableciendo tres elementos fundamentales del *Espacio de Configuraciones*. El primero, es la introducción de una métrica en el espacio de configuraciones  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ . Con la distancia definida anteriormente se define la topología de conjuntos de cilindros como esferas abiertas de configuraciones. Posteriormente, sobre el espacio métrico  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$  se define un autómata celular cuya dinámica se basa en la continuidad de  $\Phi \circ \sigma$ , las cuales conmutan.

En la sección 4.3 nuestro interés es mostrar como los conjuntos de cilindros forman un espacio compacto y debido al teorema de compacidad métrica pueden cumplir con tres propiedades equivalentes, referentes a: secuencias de puntos, cubiertas abierta y, completitud y acotamiento.

Las secciones anteriores son el antecedente que permitirán construir medidas en nuestro espacio de configuraciones  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathcal{C})$  con la idea de definir una probabilidad axiomática sobre

nuestros conjuntos de cilindros, tema que nos ocupará en la sección 4.4.

La medida es una función  $\mu$  que asigna a cada conjunto de  $\sigma$ -campo un número real en el intervalo  $[0,1]$ , cumpliendo con los axiomas de Kolmogorov [43] y dando como consecuencia un *Espacio de Probabilidad*. Una de las hipótesis más relevantes en un *Espacio de Probabilidad* es la independencia entre los eventos, hecho que no se da en los autómatas celulares. En autómatas celulares el mapeo local  $\phi$  el cual define a  $\Phi$  tiene como argumentos a vecindades que se traslapan: la imagen de  $\Phi$  en una posición dada depende del ancestro de sus primeros vecinos.

Lo anteriormente expuesto es una de las controversias y problemas medulares que surgen en este trabajo. En este capítulo concluimos con una discusión de la necesidad de presentar una clara teoría de la probabilidad, en donde -los problemas para los casos de independencia puedan ser manejados con métodos los cuales nos permitan determinar los límites de nuestro dominio de validación y en su caso ampliarlo.

## 4.1 Espacio de configuraciones de un autómata celular

### 4.1.1 Conjuntos, clases y medida

Ninguna presentación rigorista de teoría de la probabilidad es posible sin el uso de las nociones de conjunto, clase, topologías y medida. El objetivo de esta sección es presentar algunas principales definiciones de conjuntos y clases; que son fundamento para el “*Espacio de Configuraciones de un Autómata Celular*”.

Un **Conjunto** se define como una colección arbitraria de elementos. En general, todos los conjuntos se definen en base de un conjunto  $\Omega$  no vacío y fijo, el cual denominaremos **Espacio**. Los elementos de  $\Omega$  denotados por letras  $x, y, \dots$  subíndizadas o no subíndizadas, son llamados puntos y, las letras mayúsculas  $\mathbf{A}, \mathbf{B}, \dots$  denotan conjuntos de puntos que se encuentran en  $\Omega$ . El conjunto  $\emptyset$  es el vacío y consiste en el conjunto que no tiene elementos,  $\Omega$  en el contexto que se está trabajando es definido como el **Conjunto Universal**.

Nosotros podemos definir conjuntos de conjuntos llamados **Clases** y son denotados por letras  $\mathcal{A}, \mathcal{B}, \mathcal{C}, \dots$ , las cuales también pueden tener subíndices. La clase de todos los conjuntos en  $\Omega$  es llamada el **Espacio de Conjuntos** en  $\Omega$  y se denota mediante  $\mathcal{S}(\Omega)$ . De esta manera una clase de conjuntos  $\mathcal{A} = \{\mathbf{A}_1, \dots, \mathbf{A}_n\}$  sobre  $\Omega$  es un conjunto en  $\mathcal{S}(\Omega)$ . Todas las nociones y operaciones que se tiene para conjuntos se pueden aplicar a las clases considerándose como conjuntos en su correspondiente espacio de conjuntos. Una clase  $\mathcal{C}$  se dice que es cerrada bajo ciertas operaciones si, mediante su ejecución en conjuntos de  $\mathcal{C}$  dan conjuntos de  $\mathcal{C}$ .

Sobre el espacio  $\mathcal{S}(\Omega)$  se pueden definir relaciones binarias  $\Gamma$  entre conjuntos, con el fin de



tener un espacio  $(\mathcal{S}(\Omega), \Gamma)$ . Una primera relación es la de “*inclusión*” o “*de contenido en*”, que significa  $\mathbf{A}$  subconjunto de  $\mathbf{B}$  denotada como  $\mathbf{A} \subset \mathbf{B}$ . Para cualquier conjunto  $\mathbf{A}$ , tenemos  $\emptyset \subset \mathbf{A} \subset \Omega$ . La relación de inclusión es reflexiva y transitiva, definiendo con estas propiedades un espacio **Ordenado Totalmente**  $(\mathcal{S}(\Omega), \subset)$ . La segunda, es la “*inclusión propia*” definida como  $\mathbf{A} \subsetneq \mathbf{B}$ . Esta relación cumple con las propiedades de: reflexividad, antisimetría y transitividad, para obtener un espacio **Parcialmente Ordenado**  $(\mathcal{S}(\Omega), \subseteq)$ . La tercera, es la de igualdad, denotada como  $\mathbf{A} = \mathbf{B}$ . El espacio  $(\mathcal{S}(\Omega), =)$  cumple con las propiedades de: reflexividad, simetría y transitividad.

Sobre el espacio de conjuntos  $\mathcal{S}(\Omega)$  es posible definir un álgebra en base a la incorporación de operaciones binarias y unarias. Dentro de las primeras se tiene: la unión, la intersección y la diferencia; el complemento corresponde al segundo tipo. La unión  $\mathbf{A} \cup \mathbf{B}$  es el conjunto de todos los puntos que pertenecen al menos a uno de los conjuntos  $\mathbf{A}$  ó  $\mathbf{B}$ . La intersección  $\mathbf{A} \cap \mathbf{B}$  es el conjunto de todos los puntos comunes a  $\mathbf{A}$  y  $\mathbf{B}$ . La diferencia  $\mathbf{A} - \mathbf{B}$  es el conjunto de todos los puntos que pertenecen a  $\mathbf{A}$  pero que no pertenecen a  $\mathbf{B}$ . En particular, la diferencia  $\Omega - \mathbf{A}$  se llama el complemento de  $\mathbf{A}$  y se denota como  $\mathbf{A}^c$ . De esta manera el espacio  $\mathcal{S}(\Omega)$  con las operaciones antes mencionadas cumple con una **Álgebra de Boole**  $(\mathcal{S}(\Omega), \cup, \cap, ^c)$ .

Las nociones de intersección se extienden de manera natural a clases arbitrarias. Si  $\mathbf{I}$  es cualesquier conjunto entonces: para cualquier  $i \in \mathbf{I}$  podemos asignar un conjunto  $\mathbf{A}_i$  tal que  $\mathbf{A}_i \subset \Omega$ . La clase  $\{\mathbf{A}_i, i \in \mathbf{I}\}$  de todos esos conjuntos es una clase asignada al índice del conjunto  $\mathbf{I}$ . Sea  $\{\mathbf{A}_i\}$  una clase de conjuntos definimos el **ínfimo** y el **supremo**, respectivamente como:

- $inf_{i \in \mathbf{I}} = \bigcap_{i \in \mathbf{I}} \mathbf{A}_i$
- $sup_{i \in \mathbf{I}} = \bigcup_{i \in \mathbf{I}} \mathbf{A}_i$

Si  $\mathbf{A} \cap \mathbf{B} = \emptyset$  entonces decimos que  $\mathbf{A}$  y  $\mathbf{B}$  son **Disjuntos**. Se define una **Clase Disjunta**  $\{\mathbf{A}_i\}$ , si todos los conjuntos de  $\mathbf{A}_i$  son disjuntos por parejas  $\mathbf{A}_i \cap \mathbf{A}_j = \emptyset$  para todo  $i \neq j$  en  $\mathbf{I}$ . la unión de sus conjuntos se denota como  $\sum \mathbf{A}_i$  y es llamada la **Suma**.

En clases de conjuntos se tienen definiciones de secuencias y límites, considerando que las clases pueden ser finitas o infinitas numerables. Se define una **secuencia**  $\mathbf{A}_n$  de conjuntos como una clase numerable ordenada dada como:  $\mathbf{A}_1, \mathbf{A}_2, \dots$ . Si  $\mathbf{A}_n$  es una secuencia de conjuntos, nosotros tenemos dos puntos límites denominados la más grande de las cotas inferiores (m.c.i.) y la más pequeña de las cotas superiores (m.q.s.):

- $\lim inf \mathbf{A}_n = \bigcup_{n=1}^{\infty} \bigcap_{k=n}^{\infty} \mathbf{A}_k$ .
- $\lim sup \mathbf{A}_n = \bigcap_{n=1}^{\infty} \bigcup_{k=n}^{\infty} \mathbf{A}_k$ .

Un resultado de las dos ecuaciones anteriores es la definición de **límite**, decimos que  $\mathbf{A}$  es el límite de  $\mathbf{A}_n$  o bien que  $\mathbf{A}_n$  converge a  $\mathbf{A}$  si:  $\lim inf \mathbf{A}_n \subset \lim sup \mathbf{A}_n$  y si la inversa se mantiene verdadera, entonces:  $\lim inf \mathbf{A}_n = \lim sup \mathbf{A}_n$ , coincidiendo en un mismo conjunto  $\mathbf{A}$ .

Una clase esencial de secuencias convergentes son las **Secuencias Monótonas**. Una secuencia  $\mathbf{A}_n$  se dice que es monótona no decreciente ( $\mathbf{A}_n \uparrow$ ) si:  $\mathbf{A}_1 \subset \mathbf{A}_2 \subset \dots$ ; en el caso cuando:  $\mathbf{A}_1 \supset \mathbf{A}_2 \supset \dots$ , tenemos una secuencia monótona no creciente ( $\mathbf{A}_n \downarrow$ ). De las expresiones antes encontradas del límite superior y límite inferior, se sigue que cualquier secuencia monótona es convergente. Considerando que el límite de  $\mathbf{A}_n \uparrow$  es igual a la unión de  $\mathbf{A}_n$  o bien límite de  $\mathbf{A}_n \downarrow$  es igual a la intersección de  $\mathbf{A}_n$ .

Podemos concluir que si consideramos esta proposición como una definición de límites de secuencias monótonas, entonces para cualquiera secuencia arbitraria  $\mathbf{B}_n$

- $\bigcap_{k=n}^{\infty} \mathbf{B}_k = inf_{k \geq n} \mathbf{B}_k \uparrow$  y,
- $\bigcup_{k=n}^{\infty} \mathbf{B}_k = sup_{k \geq n} \mathbf{B}_k \uparrow$ .

En conexión con las nociones de **medibilidad**, dos tipos de clases de conjuntos juegan un papel relevante: los campos y los  $\sigma$ -campos. Un **Campo** es una clase no vacía que es cerrada bajo la aplicación finita de un conjunto de operaciones, y de manera clara cualquier campo contiene al  $\emptyset$  y  $\Omega$ . Un  $\sigma$ -**campo** es una clase no-vacía bajo la aplicación infinita pero numerable de operaciones de conjuntos. Debido a la regla de dualidad, la cerradura bajo el complemento de la intersección finita o numerable implica cerradura bajo la unión finita o numerable respectivamente. Las  $\mathcal{S}$ -clases resultan ser una generalización en donde la intersección arbitraria resulta ser también una  $\mathcal{S}$ -clase. En particular, tenemos que la intersección arbitraria de campos y  $\sigma$ -campos son también campos y  $\sigma$ -campos, respectivamente.

Relativo a la ejecución de la intersección sobre conjuntos en  $\mathcal{S}$ , nosotros obtenemos conjuntos pertenecientes a cualquiera de esas clases. Esta propiedad propicia la noción de una  **$\mathcal{S}$ -clase minimal** sobre la clase dada. Una  $\mathcal{S}$ -clase  $\mathcal{C}'$  contenida en  $\mathcal{C}$  es una clase minimal sobre  $\mathcal{C}$  o, una  $\mathcal{S}$ -clase generada por  $\mathcal{C}$ , si para cualquier clase contenida en  $\mathcal{C}$  contiene a  $\mathcal{C}'$ .

Existe, una y solamente una,  $\mathcal{S}$ -clase minimal sobre una clase  $\mathcal{S}$ . En particular, hay uno y solamente un campo minimal y, uno y solamente un  $\sigma$ -campo minimal sobre  $\mathcal{C}$ .

Un espacio  $\Omega$  sobre el cual se selecciona un  $\sigma$ -campo  $\mathfrak{F}$  es llamado un **Espacio Medible**  $(\Omega, \mathfrak{F})$ . De acuerdo al problema de extender medidas sobre un campo o su  $\sigma$ -campo minimal, nosotros necesitamos el concepto de clase monótona, como una clase que es cerrada bajo la formación de límites de secuencias monótonas.

Una **Clase Monótona** es una clase que es cerrada bajo la formación de límites de secuencias monótonas. Como resultado se obtiene que un  $\sigma$ -campo es un campo monótono y viceversa.

Finalmente, una propiedad que se requiere en la extensión de medidas es la que sigue: La clase  $\mathfrak{m}$  minimal monótona y la clase  $\sigma$ -campo  $\mathfrak{a}$  minimal, sobre el mismo campo  $\mathfrak{C}$  coinciden.

### 4.1.2 Espacio de configuraciones ( $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ )

El corrimiento total forma el conjunto en el que opera un autómata celular.

**Definición 4.1** (Corrimiento total). *Sea  $\mathcal{A}$  un conjunto finito de símbolos llamado alfabeto, entonces definimos al Corrimiento Total  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  como:*

$$\mathcal{A}^{\mathbb{Z}} = \{\mathbf{x} | \mathbf{x} = (x_i)_{i \in \mathbb{Z}} \& x_i \in \mathcal{A}\}$$

El resultado es un conjunto de biseuencias infinitas de símbolos de  $\mathcal{A}$  que se denotan como:

$$\mathbf{x} = \begin{cases} \dots x_{-2} x_{-1} x_0 x_1 x_2 \dots, & \circ \\ (x_i)_{i \in \mathbb{Z}} & \end{cases} \quad (4.1)$$

Bloques de símbolos consecutivos juegan un papel central en la construcción de espacios de configuraciones. Un bloque (o palabra) sobre  $\mathcal{A}$  es una secuencia finita de símbolos de  $\mathcal{A}$ . Nosotros escribimos los bloques sin separar los símbolos por comas u otras puntuaciones. Un bloque particular que se incluye es el que se conoce como la palabra vacía  $\epsilon$  o bloque vacío. La longitud de un bloque  $\mathbf{v}$  esta dada por el número de símbolos que éste contiene. Un subbloque o subpalabra de  $\mathbf{v} = v_1 v_2 \dots v_k$  es un bloque de la forma  $v_i v_{i+1} \dots v_j$ , donde  $1 \leq i \leq j \leq k$ .

**Definición 4.2** (Bloque y Bloque Central). *Si  $\mathbf{x}$  es un punto en  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  e  $i \leq j$ , entonces tenemos:*

- Un bloque  $\mathbf{x}_{[i,j]}$  de coordenadas  $i, j$  en  $\mathbf{x}$  es una secuencia de símbolos definida como:

$$x_{[i,j]} = \begin{cases} x_i x_{i+1} \dots x_j & \text{Si, } i \leq j \\ \epsilon & \text{en cualquier otro caso} \end{cases} \quad (4.2)$$

Lo anterior también expresa una secuencia ordenada  $\mathbf{x}_n = \mathbf{x}_1 \mathbf{x}_2 \dots \mathbf{x}_n$ , donde  $x_i \in \mathcal{A}$  y  $(i = 1, 2, \dots, n)$

- En particular un bloque central  $(2k + 1)$  de  $\mathbf{x}$  es  $\mathbf{x}_{[-k,k]} = \mathbf{x}_{-k} \mathbf{x}_{-k+1} \dots \mathbf{x}_{k-1} \mathbf{x}_k$ .

Resulta conveniente definir dos tipos de bloques:  $\mathbf{x}_{[i,j]} = \mathbf{x}_i \mathbf{x}_{i+1} \dots \mathbf{x}_{j-1}$  y  $\mathbf{x}_{(i,j)} = \mathbf{x}_{i+1} \dots \mathbf{x}_{j-1} \mathbf{x}_j$ .

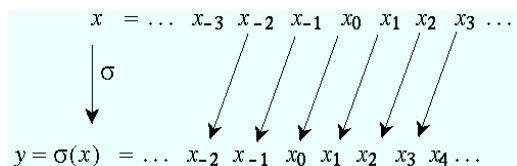


Figura 4.1: Función de corrimiento

**Definición 4.3** (Sistema dinámico de corrimiento). *Si consideramos al conjunto  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  de configuraciones de un automata celular  $y$ , a una función  $\sigma$ , tal que  $\sigma : \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \rightarrow \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ . La función  $\sigma(\mathbf{x}) = \mathbf{y}$  realiza la transformación  $y_i = x_{i+1}$  según (4.1):*

*Al par ordenado  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \sigma)$  se le conoce como un **Sistema Dinámico de Corrimiento** sobre  $\mathcal{A}$  y a  $\sigma$  se le llama la **Función de Corrimiento**.*

Existe también la operación inversa  $\sigma^{-1}$  de corrimiento de un lugar hacia la derecha. En ambos casos los mapeos son uno-a-uno y sobre. La composición de  $\sigma$   $k > 0$  veces ( $\sigma^k$ ), considera una secuencia de corrimientos de  $k$  lugares a la izquierda y  $(\sigma^{-k})$  considera una secuencia de corrimiento de  $k$  lugares hacia la derecha.

Dado que un autómata celular lleva a cabo su dinámica en términos de una función  $\varphi : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}$ ,  $\varphi$  va a permitir la existencia (Teorema 3.1) [31] de una función  $\Phi$  que es continua y que conmuta con la función de corrimiento  $\sigma$  del sistema dinámico de corrimiento.

A la función  $\Phi$  podemos reconocerla como la función global del autómata celular. Podemos definir entonces, a un autómata celular como:

**Definición 4.4** (Autómata celular: función continua  $\Phi$  que conmuta con  $\sigma$ ). *Un autómata celular es una función continua  $\Phi$ , que conmuta con  $\sigma$ , ( $\Phi \circ \sigma = \sigma \circ \Phi$ ). Las transformaciones que realiza  $\Phi$  estan dadas a partir de una función local  $\varphi$  que va de un conjunto de secuencias finitas de  $n$  símbolos conocido como bloques de tamaño  $n$  a un sólo símbolo:  $\varphi : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}$ .*

Dada  $\Phi$  es de interés saber la transformación que lleva a cabo sobre bloques de tamaño arbitrario, este resultado es útil para analizar las imágenes de bisecuencias que coinciden en un bloque de cualquier tamaño.

**Definición 4.5** (Transformación de  $\Phi$  sobre un bloque de tamaño  $m + n - 1$ ). *Dado un bloque de tamaño  $m + n - 1$ , la transformación de  $\Phi$  sobre dicho bloque es  $\Phi(B_{m+n-1}) \mapsto B_m$ , donde  $n$  es el tamaño de los bloques donde opera  $\varphi$ .*

## 4.2 Espacio topológico de configuraciones de un autómata celular

### 4.2.1 Topologías, límites y métricas

Las nociones de topología tienen sus raíces en las propiedades de espacios Euclidianos. Una topología  $\mathcal{T}$  es una clase de conjuntos abiertos que es cerrada bajo la formación de uniones arbitrarias e intersecciones finitas y contienen  $\emptyset$  y  $\Omega$ . La clase dual son los complementos de los conjuntos abiertos resultando ser la clase de conjuntos cerrados, que es cerrada bajo la intersección arbitraria y uniones finitas, considerando que  $\Omega$  y el  $\emptyset$  cumplen con la cerradura.

Un **Espacio Topológico**  $(\mathbf{x}, \mathcal{T})$  es un espacio  $\mathbf{x}$  en el cual seleccionamos una topología  $\mathcal{T}$ . Un subespacio topológico  $(\mathbf{A}, \mathcal{T})$  es un conjunto  $\mathbf{A}$  en el cual se selecciona su topología  $\mathcal{T}$  inducida, la cual consiste de todas las intersecciones de conjuntos abiertos con  $\mathbf{A}$ , resultando una topología en  $\mathbf{A}$ .

Para cualquier conjunto  $\mathbf{A}$  esta asignado un conjunto abierto  $\mathbf{A}^\circ$  y su conjunto cerrado  $\overline{\mathbf{A}}$  como sigue. El interior de  $\mathbf{A}^\circ$  es el conjunto abierto maximal contenido en  $\mathbf{A}$ , que es la unión de todos los conjuntos abiertos en  $\mathbf{A}$ ; en particular, si  $\mathbf{A}$  es abierto, entonces  $\mathbf{A}^\circ = \mathbf{A}$ . La adherencia  $\overline{\mathbf{A}}$  de  $\mathbf{A}$  es un conjunto cerrado minimal conteniendo a  $\mathbf{A}$ , que es, la intersección de todos los conjuntos cerrados conteniendo a  $\mathbf{A}$ ; en particular, si  $\mathbf{A}$  es cerrado, entonces  $\overline{\mathbf{A}} = \mathbf{A}$ . Las definiciones de interiores y adherencias de  $\mathbf{A}$  y  $\mathbf{A}^c$  son duales, tal que.

$$(\mathbf{A}^\circ)^c = (\overline{\mathbf{A}^c}) ; (\mathbf{A}^c)^\circ = (\overline{\mathbf{A}})^c$$

En espacios topológicos las relaciones entre conjuntos y puntos son descritas en términos de vecindades. Cualquier conjunto contenido en un conjunto abierto no vacío es una vecindad de cualquier punto  $\mathbf{x}$  de un subconjunto abierto; el símbolo  $\mathbf{V}(x)$  es el que denota una vecindad de  $\mathbf{x}$ . Los puntos del interior de  $\mathbf{A}^\circ$  son interiores a  $\mathbf{A}$ ; en otras palabras  $\mathbf{x}$  es interior a  $\mathbf{A}$  si  $\mathbf{A}$  es una  $\mathbf{V}(x)$ . Los puntos de la adherencia  $\overline{\mathbf{A}}$  de  $\mathbf{A}$  son adherentes a  $\mathbf{A}$ ; en otras palabras  $\mathbf{x}$  es adherente a  $\mathbf{A}$  si no se tiene  $\mathbf{V}(x)$  disjunta de  $\mathbf{A}$ , lo que quiere decir que  $x \notin (\mathbf{A}^c)^\circ = (\overline{\mathbf{A}})^c$ .

El análisis clásico trata con funciones continuas en los espacios Euclidianos. En general una función  $f$  en un dominio topológico  $x$  hacia un rango de espacio topológico  $\mathbf{x}'$  es continua en  $x \in \mathbf{x}$ , si la imagen inversa de vecindades de  $y = f(x)$  son vecindades de  $x$ ;  $f$  es continua en  $x$  si es continua para cualquier  $x \in \mathbf{x}$ . Debido a que tomando las imágenes inversas preserva todas las operaciones de conjunto, se sigue inmediatamente que nosotros podemos tomar, límites a conjuntos abiertos y cerrados. Entonces  $f$  es continua si y sólo si las imágenes inversas de conjuntos abiertos y cerrados son abiertos y cerrados, obteniendo de esta manera que las funciones

continuas inducen en su dominio una topología contenida en la del dominio. Es por esta razón que si en espacios topológicos los  $\sigma$  – *campos* son seleccionados a partir de los  $\sigma$  – *campos* minimales (generadores) de conjuntos medibles las topologías de estos  $\sigma$  – *campos* minimales son también medibles.

La importancia del concepto de continuidad toma relevancia por el hecho que dos espacios  $x$  y  $\mathbf{x}'$  se consideran como **topológicamente equivalentes** sí y sólo si existe una correspondencia  $f$  uno a uno de  $x$  a  $\mathbf{x}'$  tal que  $f$  y  $f^{-1}$  son continuas.

El concepto de **límite** en espacios topológicos considera:  $x$  es el límite de una secuencia  $x_n$ , o se dice que la secuencia  $x_n$  converge a  $x$ , si para cualquier vecindad  $\mathbf{V}(x)$  existe un  $N$  tal que  $x_n$  es elemento de la vecindad  $\mathbf{V}(x)$  para todo  $n \geq N$ . Sin embargo, la necesidad de un concepto más general del límite es aparente en la teoría clásica de integración, cuando las particiones del intervalo de integración forman una dirección y las sumas de Riemann forman un conjunto dirigido de números sobre el cual la integral de Riemann existe si el límite existe. Sucede que este tipo de límite es el que precisamente uno requiere para espacios topológicos generales para definirlos en el contexto del espacio de configuraciones de los autómatas celulares.

Las funciones pueden ser definidas en un conjunto  $\mathbf{T}$  a  $x$  representando la asignación de un conjunto con índice  $\mathbf{x}(\mathbf{T})$  de sus valores el cual puede o no ser distinto, pero los cuales son siempre distinguidos por el índice  $t$ . El conjunto con índice está dirigido si  $T$  tiene una dirección; las secuencias son conjuntos especiales dirigidos representando funciones sobre el conjunto de enteros positivos ordenados linealmente.

De lo anterior, tenemos que un punto  $x$  es el límite de un conjunto dirigido ( $\{x_t\}$ ) y escribimos límite de  $x$  subíndice  $t$ , o equivalentemente  $\mathbf{X}_t$  converge a  $x$  si para cualquier vecindad  $\mathbf{V}_x$  existe un índice  $t \in \mathbf{T}$  tal que  $\mathbf{T}_t$  es elemento de la vecindad para todos esos índices los cuales siguen en la vecindad  $\mathbf{V}(\mathbf{T}_x)$ . Sin embargo, el concepto de límite se usa solamente si el límite existe y es único; aspecto que se tiene sólo cuando tenemos **Espacios Separables** o **Espacios de Hausdorff**.

**Teorema 4.1** (Teorema de la separación). *Un espacio topológico separable se define bajo las tres definiciones equivalentes:*<sup>1</sup>

- *Cualquier conjunto dirigido tiene a lo más un límite.*
- *Cualquier par de puntos tienen vecindades disjuntas.*
- *La intersección de todas las vecindades cerradas de un punto se reduce a ese punto.*

---

<sup>1</sup>Nosotros usaremos la segunda propiedad para probar la separabilidad

Los **Espacios Métricos** son un tipo de espacio en donde cualquier punto tiene una base numerable. Las topologías en espacios Euclidianos se determinan con la distancia definida positiva y simétrica. Los espacios métricos  $(\mathbf{X}, \mathbf{d})$  son espacios los cuales tienen definida una función real  $d$  sobre el producto cartesiano  $\mathbf{X} \times \mathbf{X}$ . La métrica cumple con algunas propiedades y caracteriza el tipo de espacio que estamos tratando: definido positivo y simétrico, antisimétrico o definido no positivo.

La topología de un espacio métrico  $(\mathbf{X}, \mathbf{d})$  se define como sigue: Sea la  $\mathbf{V}(x; r)$  con centro en  $x$  y radio  $r > 0$  el conjunto de todos los puntos  $\mathbf{y}$  tales que  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) < r$ . Un conjunto  $\mathbf{A}$  es abierto si para cualquier  $x \in \mathbf{A}$  existe una esfera de subíndice  $\mathbf{V}(x; r) \subseteq \mathbf{A}$ . Claramente la clase de conjuntos abiertos como se han definido anteriormente, es una topología métrica la cual determina un espacio separable con la propiedad de definido positivo.

### 4.2.2 Espacios métricos $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d})$

El espacio de corrimiento de un autómata celular, dentro de la dinámica simbólica, es uno de los ejemplos más importantes de espacio métrico. Existen varias maneras de definir una métrica  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$  en el espacio de configuraciones, por ejemplo, en Kitchens [34] y Lind-Marcus [45], se muestran varias formas de definir métricas. Aquí usaremos la definición de distancia de Hedlund [31], porque además de su fácil cálculo, permite construir los conjuntos abiertos y no todas las distancias lo hacen.

El espacio de corrimientos  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  es un conjunto donde se puede hablar de distancia entre sus elementos. La distancia entre dos elementos de  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  es un número real positivo asociado a ellos. Es decir que para dos elementos cualesquiera  $x$  y  $y \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ , existe un número real positivo  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$  al cual llamamos la distancia de  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y}$ .

**Definición 4.6** (Distancia entre dos secuencias de símbolos). Sean  $\mathbf{x} = \dots x_{-3}x_{-2}x_{-1}x_0 x_1x_2x_3 \dots$  y  $\mathbf{y} = \dots y_{-3}y_{-2}y_{-1}y_0y_1y_2y_3 \dots$  dos elementos de  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ . Definimos la distancia entre  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y}$  como:

$$\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \begin{cases} \frac{1}{k+1} & \text{si } \mathbf{x} \neq \mathbf{y} \text{ y } k = \min \{i \geq 0 : x_i \neq y_i \text{ o } x_{-i} \neq y_{-i}\} \text{ donde } k \in \mathbb{Z}^+ \\ 0 & \text{si } \mathbf{x} = \mathbf{y} \end{cases} \quad (4.3)$$

**Teorema 4.2** (Espacio métrico  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$ ). Sea  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  un conjunto de configuraciones de un autómata celular no vacío, cuyos elementos llamamos puntos. Una métrica en  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  es una función

$$d : \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \times \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \mapsto \mathbb{R}$$

que cumple con las siguientes propiedades:

1.  $\forall \mathbf{x}, \mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} : \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \geq \mathbf{0}$
2.  $\forall \mathbf{x}, \mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} : \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{0} \Leftrightarrow \mathbf{x} = \mathbf{y}$
3.  $\forall \mathbf{x}, \mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} : \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{x})$
4.  $\forall \mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{z})$

La expresión  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$  la leemos como la distancia entre los puntos  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y}$ . El par  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$ , constituido por el conjunto  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  y una métrica  $d$ , se denomina un **Espacio Métrico**.

**Demostración.**  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$  es un espacio métrico. Dada una distancia  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$  definida en el espacio  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  según (4.3), entonces  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$  es un espacio métrico.

1.  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \geq \mathbf{0}$  y  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{0}$  si y sólo si  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$  para  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ .

Dadas dos biseuencias cualquiera  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ , la relación entre ellas es que, o son iguales  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$  o son diferentes  $\mathbf{x} \neq \mathbf{y}$

Si éstas son iguales  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$ , implica que todos los símbolos de ambas biseuencias son iguales en su respectiva posición y por la definición de distancia 4.3,  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{0}$ . Si las biseuencias son diferentes  $\mathbf{x} \neq \mathbf{y}$ , esto implica que al menos en una posición los símbolos de las biseuencias  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y}$  son diferentes, y no importa que tan lejos del centro se encuentre dicha diferencia, si ésta existe es suficiente para que  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) > \mathbf{0}$ . Por lo tanto  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \geq \mathbf{0}$

$\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{0}$  si y sólo si  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$ . Por un lado si  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{0}$ , de acuerdo a nuestra definición de distancia esto sólo es posible cuando todos los símbolos de las biseuencias son iguales en sus respectivas posiciones, lo que implica que  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$ . Por otro lado si  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$  entonces no existe en toda la biseuencia una  $k$  para la cual  $x_i \neq y_i$  o  $x_{-i} \neq y_{-i}$  por lo tanto todos los elementos de las biseuencias son iguales, y  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{0}$ .

2.  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{x})$ .

Dadas dos biseuencias cualquiera  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ ,  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$  o  $\mathbf{x} \neq \mathbf{y}$ .

Si  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$ , por la definición de distancia 4.3 entonces  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{0}$  y  $\mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{x}) = \mathbf{0}$ , por lo tanto

$$\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{x}) \text{ para } \mathbf{x} = \mathbf{y} \tag{4.4}$$



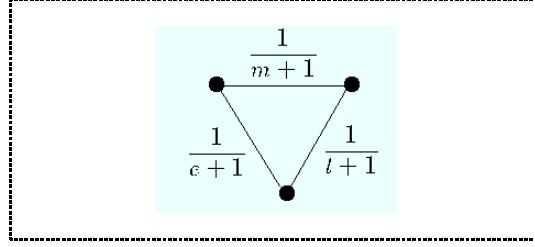


Figura 4.2: Desigualdad del triángulo entre secuencias de símbolos

En caso de que  $\mathbf{x} \neq \mathbf{y}$ , el valor que determina la diferencia (según la definición de distancia 4.3) es la posición del símbolo más cercano en que las dos bisecuencias difieren, tomando como referencia el centro de la bisecuencia sin importar la dirección. Una vez dada la diferencia no importa el orden en que se haga la comparación,  $\mathbf{x}_i \neq \mathbf{y}_i \equiv \mathbf{y}_i \neq \mathbf{x}_i$ , esto no afecta en nada a la posición, por lo que

$$\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{x}) \text{ para } \mathbf{x} \neq \mathbf{y} \quad (4.5)$$

por 4.4 y 4.5

$$\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{x}) \text{ para cualquier dos bisecuencias } \mathbf{x} \text{ y } \mathbf{y}$$

3.  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{z})$ .

Dadas dos bisecuencias  $\mathbf{x}, \mathbf{z} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ , cuya distancia es  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{z}) = \frac{1}{m+1}$ . Si existe un punto intermedio  $\mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  tal que  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \frac{1}{e+1}$  y  $\mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{z}) = \frac{1}{l+1}$ .

Supongamos que  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{z}) > \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{z})$ , si esto sucede, el punto  $\mathbf{z}$  jamás será alcanzado ya que

$$\frac{1}{m+1} > \frac{1}{e+1} + \frac{1}{l+1}.$$

Por lo tanto,  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{z})$

por lo tanto  $d$  es una métrica sobre  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$

Por lo anterior  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$  es un espacio métrico. □

### 4.2.3 Topología de conjuntos de cilindros

**Definición 4.7** (Conjuntos abiertos). Sea  $(\mathbf{X}, \mathbf{d})$  un espacio métrico, se dice que  $\mathbf{A} \subset \mathbf{X}$  es un abierto si para cualquier  $x \in \mathbf{A}$ , es un punto interior de  $\mathbf{A}$ .

**Definición 4.8** (Punto interior). Se dice que  $x \in \mathbf{A}$  es un punto interior de  $\mathbf{A}$ , si existe un número real  $r > 0$  tal que:

$$\mathbf{V}(a; r) \subset \mathbf{A}$$

$\mathbf{V}(a; r)$  se determina como una esfera abierta de centro  $a$  y radio  $r$  y, se define como el conjunto de todos los puntos interiores que difieren de  $\mathbf{A}$  en menos de una distancia  $r$ .

$$\mathbf{V}(a; r) = \{x \in X \mid \mathbf{d}(\mathbf{a}, \mathbf{x}) < r\}$$

**Definición 4.9** (Esfera abierta de configuraciones). Sea  $C \in \mathbf{X}$  una configuración, definimos una esfera abierta  $E_\rho(c; \rho)$ , de radio  $\rho$  y centro  $c$ , como el subconjunto de todas las configuraciones  $c_i$  que difieren de  $c$  en menos de  $\rho = \frac{1}{\lceil \frac{n}{2} \rceil + 1}$ . Es decir

$$E(C; \rho) = \{c_j \in \mathcal{X} : \mathbf{d}(C, C_j) < \rho\}$$

con la definición de distancia según (4.3).

Nosotros sabemos que  $\rho = \frac{1}{\lceil \frac{n}{2} \rceil}$  entonces las esferas abiertas del espacio métrico  $(X, d)$  son el conjunto de configuraciones que se determina de acuerdo a un bloque central  $c_{[-k, k]}$ , en donde  $k$  es el índice de las bisecuencias que se obtiene como  $k = \lceil \frac{n}{2} \rceil$ . El resultado a lo anterior es la definición de lo que se conoce como conjuntos de cilindros de un bloque de tamaño  $n$ , en un espacio de autómatas celulares.

**Definición 4.10** (Conjuntos de Cilindros). El conjunto  $C(\mathbf{x}_{[-k, k]; \rho}) = \mathbf{C}(\mathbf{x}_{-k} \dots \mathbf{x}_k; \rho)$  se dice que es el **conjunto de cilindros** sobre un bloque central  $\mathbf{x}_{-k} \dots \mathbf{x}_k$  y de tamaño  $2k + 1$ . Si cumple con lo siguiente:

$$C_\rho(c_{[-k, k]}) = \{c_j \in \mathcal{X} : \mathbf{d}(c, c_j) < \rho\}$$

**Teorema 4.3.** Los conjuntos de cilindros son conjuntos abiertos.

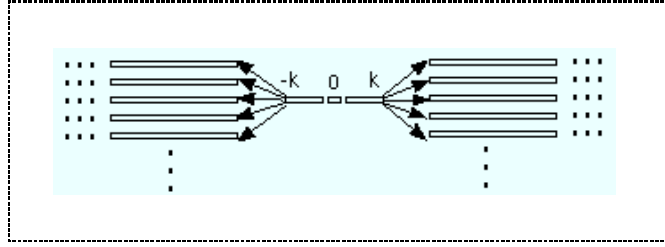


Figura 4.3: Formación de los conjuntos de cilindros

**Demostración.** Sea  $C(\mathbf{x}_{[-k,k];\rho})$  el conjunto de cilindros y  $C_j$  una configuración en  $\mathbf{x}$  entonces  $C_j$  es un punto interior de  $\mathbf{V}(a; r)$ .

Considere que existe un punto  $\mathbf{x} \in \mathbf{V}(\mathbf{a}; \mathbf{r})$  que es un punto interior de  $\mathbf{V}(a; r)$ . Esto implica que existe un número real  $r_1 = r - \mathbf{d}(\mathbf{a}, \mathbf{x}) > 0$  y el conjunto de cilindros  $\mathbf{V}(\mathbf{x}; \mathbf{r}_1)$ . Se demostrará entonces que  $\mathbf{V}(\mathbf{x}; \mathbf{r}_1) \subset \mathbf{V}(\mathbf{a}; \mathbf{r})$ .

$$\forall \mathbf{y} \in \mathbf{V}(\mathbf{x}; \mathbf{r}_1) : \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) < \mathbf{r}_1$$

es decir,  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) < \mathbf{r} - \mathbf{d}(\mathbf{a}, \mathbf{x})$  ó  $\mathbf{d}(\mathbf{a}, \mathbf{x}) + \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) < \mathbf{r}$

Pero dado que el espacio a que pertenece  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y}$  es métrico, entonces:

$$\mathbf{d}(\mathbf{a}, \mathbf{y}) \leq \mathbf{d}(\mathbf{a}, \mathbf{x}) + \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$$

por lo que

$$\mathbf{d}(\mathbf{a}, \mathbf{y}) < \mathbf{r}$$

lo que implica que

$$\mathbf{y} \in \mathbf{V}(\mathbf{a}; \mathbf{r})$$

por lo tanto el conjunto de cilindros es abierto.  $\square$

El conjunto abierto en autómatas celulares esta dado entonces por la colección de configuraciones cuya cercanía esta dada por un bloque central (ver figura 4.3).

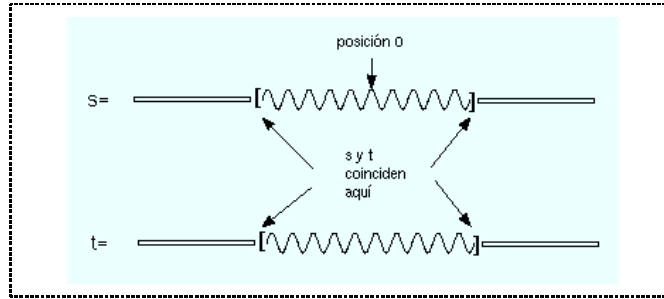


Figura 4.4: Cercanía entre dos secuencias

#### 4.2.4 Continuidad de $\Phi$ y $\sigma$

Dado que hemos definido una métrica sobre  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ , donde  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  representa el espacio de un autómata celular, podemos verificar si  $\Phi$  es continua y conmuta con el corrimiento  $\sigma$ . Sabemos que una transformación es continua si cuando se aplica a dos puntos que están próximos entre sí, estos permanecen próximos al final de la transformación. En particular dada nuestra definición de distancia, sabemos que dos secuencias están cercanas entre sí, si estas coinciden en un bloque central (ver figura 4.4), en otras palabras sabemos cuando dos secuencias están próximas o alejadas y por lo tanto podemos verificar si  $\Phi$  es continua.

El teorema 3.1 [31] de Hedlund dice:

**Teorema 4.4** ( $\Phi$  es continua si y sólo si existe  $\varphi : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}$ ).

##### **Demostración.**

( $\Rightarrow$ ) Si  $\varphi : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}$  entonces  $\Phi$  es continua.

Dada un función  $\varphi : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}$  y  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  el conjunto de todas las bisecuencias con  $\Phi : \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \mapsto \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ , donde  $s, t \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ . Se dice que  $\Phi$  es continua si para cualquier  $\epsilon > 0$  existe un  $\delta < 0$  donde  $\epsilon$  y  $\delta \in \mathbb{R}$ .

$$\begin{aligned} &\text{Tal que } \mathbf{d}(\Phi(\mathbf{s}), \Phi(\mathbf{t})) < \epsilon \\ &\text{siempre que } \mathbf{d}(\mathbf{s}, \mathbf{t}) < \delta \end{aligned}$$

Dadas  $s, t$ ,  $\Phi(s) = u$  y  $\Phi(t) = v \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ , suponemos que  $s$  y  $t$  están muy próximos, es decir que existe un  $\delta < \frac{1}{m+n-2}$  muy pequeño. Esto implica que  $\mathbf{d}(s, t) = \frac{1}{m+n}$ , ya que  $\mathbf{d}(s, t) < \delta$ ; por lo que las bisecuencias  $s$  y  $t$  coinciden en un bloque central de tamaño  $m+n-1$  muy grande;  $s_i = t_i (i = 0, \pm 1, \pm 2, \dots, \pm(m+n-1))$  (ver 4.5). Dado que  $\Phi$  basa sus transformaciones en un mapeo de bloques  $\varphi : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}$ , la transformación de  $\Phi$  sobre el bloque  $m+n-1$  da un

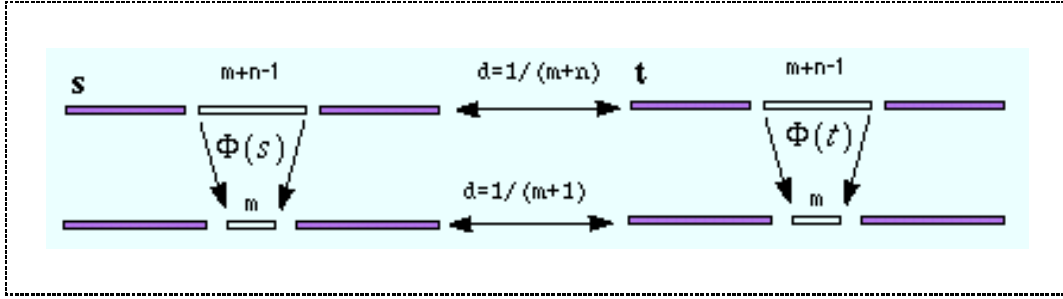


Figura 4.5: Distancia entre  $s$  y  $t$  y entre  $\Phi(s)$  y  $\Phi(t)$

bloque de tamaño  $m$ :  $\Phi(B_{m+n-1}) \mapsto B_m$  (ver 4.5), por lo tanto  $\mathbf{u}$  y  $\mathbf{v}$  coinciden en  $m$  símbolos de un bloque central  $u_i = v_i (i = 0, \pm 1, \pm 2, \dots, \pm m)$ . Por lo que la distancia entre  $\mathbf{u}$  y  $\mathbf{v}$  es  $\mathbf{d}(\mathbf{u}, \mathbf{v}) = \frac{1}{m+1}$  y  $\epsilon$  lo más pequeño que puede ser es  $\epsilon = \frac{1}{m}$  ya que  $\epsilon \geq \frac{1}{m}$ . Tenemos entonces que  $\delta < \epsilon$ . Por lo tanto  $\Phi$  es continua

( $\Leftarrow$ ) Si  $\Phi$  es continua entonces  $\varphi : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}$ .

Si  $\Phi$  es continua, entonces debe existir un  $\delta > \epsilon$  tal que la distancia entre las imágenes sea menor a  $\epsilon$  y la distancia entre las contraimágenes sea menor a  $\delta$ .

Para que  $\delta > \epsilon$ , la distancia entre las contraimágenes debe ser menor a la distancia entre las imágenes. Es decir que el tamaño del bloque central en que coinciden las contraimágenes es mayor al bloque central en el que coinciden las imágenes. Y esto es posible si un bloque de células del dominio mapea en un bloque más pequeño de células en la imagen. Si el bloque de la contraimagen es  $B_{m+n-1}$  el bloque de la imagen es  $B_m$ , por lo que existe un mapeo  $\varphi(B_{m+n-1}) \mapsto B_m$ , es decir, un mapeo de bloque. Por lo tanto si  $\Phi$  es continua, está basada en un mapeo de bloque.  $\square$

Antes de probar la propiedad de conmutatividad entre  $\Phi$  y  $\sigma$  vamos a demostrar que  $\sigma$  también es continua.

**Demostración.** ( $\sigma$  es continua). Sea  $\mathcal{X}$  el conjunto de todas las bisecuencias con  $\sigma : \mathcal{X} \mapsto \mathcal{X}$ ,  $\sigma(\mathbf{s}) = \mathbf{u}$  donde  $\mathbf{s}$  y  $\mathbf{u} \in \mathcal{X}$ . Para demostrar que  $\sigma$  es continua se debe encontrar que existe una  $\delta > 0$  tal que cuando  $\mathbf{d}[\mathbf{s}, \mathbf{t}] < \delta$ , entonces  $\mathbf{d}[\sigma(\mathbf{s}), \sigma(\mathbf{t})] < \epsilon$ , para una  $\epsilon > 0$  cualquiera.  $\epsilon$  y  $\delta$  pertenecen a  $\mathbb{R}$ .

Dadas  $\mathbf{s}, \mathbf{t}$ ,  $\sigma(\mathbf{s}) = \mathbf{u}$  y  $\sigma(\mathbf{t}) = \mathbf{v} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ , suponemos que  $\mathbf{s}$  y  $\mathbf{t}$  están muy próximos, es decir que existe un  $\delta < \frac{1}{m+n-2}$  muy pequeño. Esto implica que  $\mathbf{d}(\mathbf{s}, \mathbf{t}) = \frac{1}{m+n}$ , ya que  $\mathbf{d}(\mathbf{s}, \mathbf{t}) < \delta$ ; por lo que las bisecuencias  $\mathbf{s}$  y  $\mathbf{t}$  coinciden en un bloque central de tamaño  $m+n-1$  muy grande;

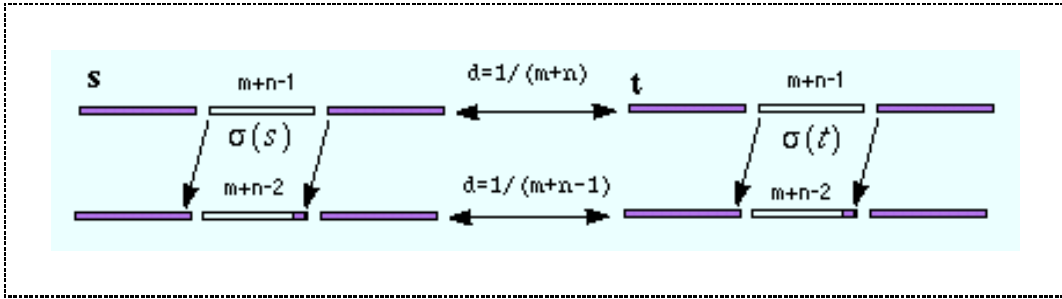


Figura 4.6: Distancia entre  $\mathbf{s}$  y  $\mathbf{t}$  y entre  $\sigma(\mathbf{s})$  y  $\sigma(\mathbf{t})$

$$s_i = t_i (i = 0, \pm 1, \pm 2, \dots, \pm(m+n-1)).$$

Dado que  $\sigma$  basa sus transformaciones en un mapeo de bloques  $\sigma : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}^{n-1}$ , la transformación de  $\sigma$  sobre el bloque  $m+n-1$  da un bloque de tamaño  $m+n-2$ :  $\sigma(B_{m+n-1}) \mapsto B_{m+n-2}$  (ver 4.3), por lo tanto  $\mathbf{u}$  y  $\mathbf{v}$  coinciden en  $m+n-2$  símbolos de un bloque central  $u_i = v_i (i = 0, \pm 1, \pm 2, \dots, \pm(m+n-2))$  (ver figura 4.6). Por lo que la distancia entre  $\mathbf{u}$  y  $\mathbf{v}$  es  $\mathbf{d}(\mathbf{s}, \mathbf{t}) = \frac{1}{m+n-1}$  y  $\epsilon$  lo más pequeño que puede ser es  $\epsilon = \frac{1}{m+n-2}$  ya que  $\epsilon \geq \frac{1}{m+n-2}$ . Tenemos entonces que  $\delta < \epsilon$ . Por lo tanto  $\sigma$  es continua

□

### 4.2.5 $\Phi$ y $\sigma$ conmutan

Finalmente vamos a demostrar la propiedad  $\Phi \circ \sigma = \sigma \circ \Phi$  (ver figura 4.7), esta propiedad se puede sintetizar con el siguiente diagrama conmutativo:

$$\begin{array}{ccc} x & \xrightarrow{\sigma} & \sigma(x) \\ \downarrow \Phi & & \downarrow \Phi \\ \Phi(x) & \xrightarrow{\sigma} & \sigma(\Phi(x)) = \Phi(\sigma(x)) \end{array}$$

**Demostración.**  $\Phi \circ \sigma = \sigma \circ \Phi$ .

Suponga que se tiene un punto  $x \in \mathcal{X}$ , y las dos funciones continuas  $y = \Phi(x)$  y  $\sigma(x)$ .

Sabemos que  $[\Phi(x)]_i = \varphi(x_i \dots x_{i+n-1}) = y_i$  y que la función de corrimiento  $[\sigma(x)]_i = x_{i+1}$ .

Si aplicamos la composición  $\Phi \circ \sigma = [\Phi[\sigma(x)]]_i = [\Phi(x_{i+1})]_i$  como  $[\Phi(x)]_i = \varphi(x_i \dots x_{i+n-1})$  para  $i \in \mathbb{Z}^+$ . Entonces  $[\Phi(x_{i+1})]_i = \varphi(x_{i+1} \dots x_{(i+1)+n-1}) = \varphi(x_{i+1} \dots x_{i+n})$

Por otro lado  $\sigma \circ \Phi = [\sigma\Phi(x)]_i = [\sigma(y)]_i = y_{i+1}$ . Como  $y_i = \varphi(x_i \dots x_{i+n-1})$  entonces

$$y_{i+1} = \varphi(x_{i+1}, \dots, x_{i+n})$$

Por lo tanto  $\sigma\Phi = \Phi\sigma$

□

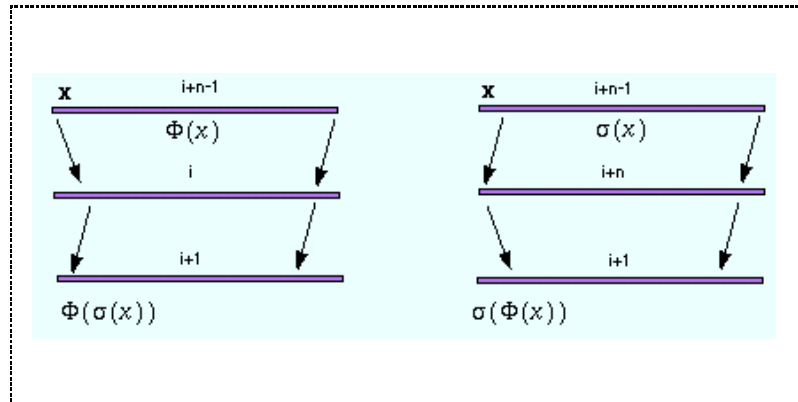


Figura 4.7:  $\Phi$  y  $\sigma$  conmutan

### 4.3 Espacio compacto $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathcal{C})$

#### 4.3.1 Compacidad, puntos límites y compacidad métrica

Los espacios compactos son espacios separables en los cuales cualquier conjunto dirigido tiene al menos un punto límite; un conjunto es compacto si es compacto en su topología inducida. En análisis el concepto de compacidad juega un papel relevante mostrando importancia por tener varias caracterizaciones equivalentes de espacios compactos. En autómatas celulares nosotros usaremos la definición de compacidad desde el enfoque de Heine Borel, donde afirma que cualquier cubierta del espacio contiene una subcubierta finita del mismo.

**Teorema 4.5** (Teorema de la compacidad). *Las tres propiedades siguientes de espacio separable son equivalentes:*

- *Propiedad de Bolzano-Weierstrass.- Cualquier conjunto dirigido tiene al menos un punto límite*

- *Propiedad de Heine-Borel.- Cualquier cubierta abierta del espacio contiene una cubierta finita del espacio*
- *Propiedad de intersección.- Cualquier clase de conjuntos cerrados tal que todas sus subclases finitas tienen intersecciones no vacías y en sí mismas tienen una intersección no vacía*

Los conceptos de numerabilidad, separabilidad y métrica que suceden en un espacio están íntimamente relacionados. La línea Euclidiana tiene muchas propiedades de numerabilidad, entre ellas la separabilidad y una base numerable. El conjunto numerable de los racionales es denso y la clase de todos los intervalos con extremos racionales es numerable. Esto permite definir límites en términos de secuencias solamente.

En espacios topológicos, un conjunto  $\mathbf{A}$  es denso en  $\mathbf{B}$  si  $\mathbf{B} \subset \overline{\mathbf{A}}$ ; tomando  $\mathbf{B} = \mathbf{X}$ ,  $\mathbf{A}$  es denso en  $\mathbf{X}$  si ninguna vecindad es disjunta de  $\mathbf{A}$ ; y  $\mathbf{B}$  es separable si existe un conjunto  $\mathbf{A}$  no numerable denso en  $\mathbf{B}$ . Una base numerable para  $\mathbf{X}$  es una clase numerable  $\{\mathbf{V}_j(\mathbf{x})\}$  de vecindades de  $\mathbf{x}$  tal que cualquier vecindad de  $\mathbf{x}$  contiene  $\mathbf{V}_j(\mathbf{x})$ ; y el espacio tiene una base numerable  $\{\mathbf{V}_j\}$  si, para cualquier punto  $\mathbf{x}$ , una subclase de  $\mathbf{V}_j$ 's es una base para  $\mathbf{x}$ .

La conclusión que se desprende de lo anterior es que un espacio tiene una base numerable solamente si es separable y tiene una base numerable en cualquier punto. Entonces cualquier cubierta abierta del espacio contiene una cubierta numerable del espacio. Podemos notar que si un conjunto  $\{x_j\}$  es denso en un espacio métrico, entonces para cualquier  $x_j$  existe una base numerable de esferas de radio racional y, la unión numerable de todas esas bases numerables es una base para el espacio.

**Teorema 4.6** (Teorema de compacidad métrica). *Las tres propiedades siguientes de un espacio métrico son equivalentes:*

- *Cualquier secuencia de puntos contiene una subsecuencia convergente.*
- *Cualquier cubierta abierta del espacio contiene una subcubierta finita del espacio.*
- *El espacio total es acotado y completo.*

dado que la métrica es Euclidiana se trata de una topología Euclidiana.

Una vez que tenemos una métrica de  $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$  definida sobre un conjunto de configuraciones, obtendremos un espacio métrico de configuraciones del autómata celular, caracterizado por dicha distancia. Los conjuntos abiertos que son la agrupación de configuraciones se les denomina conjuntos de cilindros.



### 4.3.2 El espacio de un autómata celular es compacto

Existen otras dos propiedades en el espacio de configuraciones del autómata celular agrupado por conjuntos de cilindros. Los conjuntos de cilindros forman un espacio compacto y además tales conjuntos son disjuntos. Estas dos propiedades van a ser útiles para definir el espacio de un autómata celular como un espacio de medida y posteriormente establecer en el espacio una medida de probabilidad.

Empecemos definiendo que es un espacio compacto. En [29] Halmos define la compacidad de un espacio de la siguiente manera:

**Definición 4.11** (Espacios compactos). *Sea  $\mathbf{A} \in \mathbf{X}$  un conjunto no vacío en un espacio métrico  $(\mathbf{X}, \mathbf{d})$ . Se dice que  $\mathbf{A}$  es compacto si toda la cobertura abierta de  $\mathbf{A}$  admite una subcubierta finita.*

**Definición 4.12** (cobertura-abierta). *Sea  $\mathbf{A}$  un conjunto del espacio métrico  $(\mathbf{X}, \mathbf{d})$ . Una familia  $\mathcal{F}$  de conjuntos de  $(\mathbf{X}, \mathbf{d})$  tales que*

$$\mathbf{A} \subset \cup_{\mathbf{B} \in \mathcal{F}} \mathbf{B}$$

*recibe el nombre de cobertura de  $\mathbf{A}$ , también se dice que  $\mathcal{F}$  cubre a  $\mathbf{A}$ . Se dice que  $\mathcal{F}$  es una cobertura abierta si,  $\mathcal{F}$  cubre a  $\mathbf{A}$  y todos los conjuntos de  $\mathcal{F}$  son abiertos.*

Nota.<sup>2</sup>

**Demostración.** *El espacio de un autómata celular es compacto.* Considere a  $\mathfrak{B}_m$  el conjunto de todos los bloques de tamaño  $m$  donde  $m = 2t + 1$  para  $x \in \mathfrak{B}_m$  y  $x_{[-t,t]}$ . Considere también  $\mathfrak{F}$  la familia de cilindros que conforman el espacio métrico de un autómata celular. Para cualquier  $C_m \in \mathfrak{F}$  se tienen que  $|\mathfrak{B}| = |\mathfrak{F}|$ . Dado que  $\mathfrak{B}_m = m\Sigma^m$ , donde  $\Sigma$  es un alfabeto finito de símbolos, entonces el conjunto de bloques  $\mathfrak{B}_m$  es finito en particular su cardinalidad es  $|\mathfrak{B}_m| = |\Sigma|^{2t+1}$ . Por lo tanto  $|\mathfrak{F}|$  es finito y de la misma cardinalidad que  $\mathfrak{B}_m$ . Ahora dado que cualquier  $b_m$  es una subsecuencia para algun  $x \in (X, d)$ , cualquier  $X \in \mathfrak{F}$  por lo que

$$X \in \cup_{B \in \mathfrak{F}} B$$

$\mathfrak{F}$  es una cubierta de  $\mathbf{X}$  y dado que  $\mathfrak{F}$  esta construida a partir de conjuntos abiertos.  $\mathfrak{F}$  es una cubierta abierta y finita. Por lo tanto  $(\mathbf{X}, \mathbf{d})$  es un espacio compacto.  $\square$

---

<sup>2</sup>Existe otra definición de espacio compacto [45] que lo define en términos de convergencia: Un espacio es compacto si cualquier secuencia de dicho espacio tiene una subsecuencia convergente

**Proposición 4.1.** *Dada la métrica definida por la ecuación 4.3 y la definición de los conjuntos de cilindros definidos como conjuntos abiertos por la Definición 4.10. Los conjuntos de cilindros son disjuntos, es decir para cualquier cilindro  $C_i, C_j \in X$  entre ellos no tienen puntos en común, i.e., si  $C_i \cap C_j = \emptyset$ .*

**Demostración.** Para cualquier dos biseuencias  $\mathbf{x}, \mathbf{y} \in (\mathbf{X}, \mathbf{d})$  del espacio de un autómata celular. Para que ellos  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y}$  sean un punto en común en que puedan intersectarse dos conjuntos  $C_i \cap C_j \in X$ , entonces  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$ . Si  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$ , entonces  $x_{[-m,m]} = y_{[-m,m]}$  por lo que  $\mathbf{x} - \mathbf{y} \leq \frac{1}{m+1}$  (ver la definición de distancia en 4.3) es decir  $\mathbf{x}$  y  $\mathbf{y}$  pertenecen al mismo conjunto de cilindros,  $\mathbf{x}, \mathbf{y} \in \mathbf{C}_i[-m, m]$ . De aquí que, si  $\mathbf{x} = \mathbf{y}$  para dos conjuntos de cilindros cualesquiera  $C_i$  y  $C_j$  con  $i \neq j$  no puede darse que ( $\mathbf{x} \in \mathbf{C}_i$  y  $\mathbf{y} \in \mathbf{C}_j$ ) o ( $\mathbf{y} \in \mathbf{C}_i$  y  $\mathbf{x} \in \mathbf{C}_j$ ) (no puede haber dos configuraciones iguales que pertenezcan a diferentes conjuntos), por lo tanto  $C_i \cap C_j = \emptyset$ , es decir los conjuntos de cilindros de un autómata celular son disjuntos  $\square$

Con lo anterior contamos con los elementos para definir al espacio de un autómata celular como un espacio de medida.

## 4.4 Espacio medible de configuraciones de un autómata celular

La manera en que vamos a construir la medida va a hacer a través de una función aplicada a un conjunto; una función de conjuntos  $\mu$  esta definida sobre una clase no vacía  $\mathfrak{F}$ <sup>3</sup> de conjuntos en un espacio  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ , donde la función  $\mu$  le asigna a cualquier conjunto  $C \in \mathfrak{F}$  un simple número  $\mu(C)$ , finito o infinito, el valor de  $\mu$  en  $C$ .

Si todos los valores de  $\mu$  son finitos, se dice que  $\mu$  es finito, y se escribe  $|\mu| < \infty$ . Si cualquier conjunto en  $\mathfrak{F}$  es una unión contable en  $\mathfrak{F}$  en la cual  $\mu$  es finito, se dice que  $\mu$  es  $\sigma$ -finito. Aquí vamos a suponer que todas las funciones de conjuntos tienen al menos un valor finito.

**Definición 4.13.**  $\mu$  se dice aditiva si

$$\mu\left(\bigcup C_j\right) = \sum \mu(C_j) \quad (4.6)$$

ya sea para cualquier clase contable o solamente para cualquier clase finita de conjuntos disjuntos. En el primer caso se dice que  $\mu$  es contable aditivo o  $\sigma$ -aditivo, y en el segundo caso  $\mu$  se conoce como finitamente aditivo.

<sup>3</sup>Esta clase en los autómatas celulares son los conjuntos de cilindros

Para que la suma  $\sum \mu(C_j)$  tenga significado, hemos excluido la posibilidad de que las expresiones tomen conjuntamente los valores  $+\infty$  y  $-\infty$ . De hecho, si la suma siempre existe,  $\mu$  esta definida sobre un campo, y  $\mu(C) = +\infty$  y  $\mu(B) = -\infty$ , entonces  $\mu(A^{\mathbb{Z}}) = \mu(C) + \mu(C^c) = +\infty$  y  $\mu(A^{\mathbb{Z}}) = \mu(B) + \mu(B^c) = -\infty$ , lo que contradice el hecho de que la función de  $\mu$  es evaluada de manera única. Entonces por definición, una función de conjuntos aditiva tiene la propiedad de aditividad (Teorema 4.6) y uno de los valores  $+\infty$  o  $-\infty$  no esta permitido. Asumimos que el valor  $-\infty$  se excluye, a menos que se establezca otra cosa. De lo anterior una función aditiva de conjuntos no-negativos es llamada una medida siempre que esta sea finitamente aditiva o  $\sigma$ -aditiva.

En el espacio de autómatas celulares nosotros definimos la medida sobre el conjunto de cilindros de la siguiente manera:

Dado el conjunto de cilindros

$$C_i(w) = \{x \in X : x_{[i, i+|w|]} = w\}$$

definimos la medida del conjunto de cilindro  $C_i(w)$  como la medida del bloque  $w$ :

$$\mu(C_i(w)) = \mu(w).$$

Para cualquier conjunto  $\mathcal{A}_N^{\mathbb{Z}}$ , el cual esta formado por la unión de conjuntos de cilindros, expresamos a  $\mathcal{A}_N^{\mathbb{Z}}$  como una unión finita de conjuntos de cilindros disjuntos  $C_i, i = 1, \dots, N$  sin importar el orden y se define:

$$\mu(\mathcal{A}_N^{\mathbb{Z}}) = \sum_{i=1}^N \mu(C_i).$$

De esta manera la signación de una medida sobre el espacio de configuraciones de un autómata celular, consiste en la asignación de un valor para cada uno de los conjuntos de cilindros (abiertos) que cubren el espacio. Dado que los conjuntos de cilindros estan definidos a partir de un bloque central, entonces el cálculo de  $\mu$  sobre un conjunto se resume al cálculo de  $\mu$  sobre un bloque central. Para que el cálculo de  $\mu$  tenga sentido deben cumplirse dos condiciones:

- a) Cualquier unión finita de conjuntos de cilindros debe poder ser expresada como una unión disjunta y finita.
- b) Que la definición de  $\mu(\mathcal{A}_N^{\mathbb{Z}})$  no dependa del orden en que se lleve a cabo la suma de cilindros.

Hasta aquí tenemos las propiedades de la función  $\mu$  que asigna una medida a los conjuntos de cilindros. Ahora veremos que propiedades deben cumplir tales conjuntos de cilindros de manera

que en ellos pueda aplicarse una medida. Para que esto sea posible los conjuntos de cilindros deben cumplir con las propiedades de campo y  $\sigma$ -campo entonces la función  $\mu$  describe a la “masa” de cada elemento del  $\sigma$ -campo.

En términos de autómatas celulares los  $\sigma$  – *campos* equivalen a  $\mathcal{F}$ , es decir a todas las clases de subconjuntos que puedan formar una cubierta en el espacio compacto del autómata celular.

#### 4.4.1 $\sigma$ -campo

Un campo debe cumplir con dos propiedades: la cerradura bajo la unión y la cerradura del complemento. De manera formal:

**Definición 4.14** (Campo). Sea  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  el espacio de un autómata celular, definimos a  $\mathcal{F}$  como un campo si es una clase no vacía de subconjuntos de  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ . Tal que que cumple con las dos propiedades siguientes:

1. Para cualquier par  $\mathbf{A}, \mathbf{B}$  de elementos en  $\mathcal{F}$ , entonces  $\mathbf{A} \cup \mathbf{B} \in \mathcal{F}$  (Cerradura bajo la unión)
2. Para cualquier elemento  $\mathbf{A}$  de  $\mathcal{F}$ , entonces el complemento de  $\mathbf{A} \in \mathcal{F}$  (Cerradura del complemento)

Se dice que  $\mathcal{F}$  es un campo.

y un  $\sigma$ -campo es:

**Definición 4.15** ( $\sigma$ -campo). Definimos un  $\sigma$ -campo si para  $\mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$  para  $i \in 1, 2, 3, \dots$ , entonces  $\cup_{i=1}^{\infty} \mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$

Demostraremos que el espacio de un autómata celular es un  $\sigma$ -campo, Donde el campo  $\mathcal{F}$  se genera mediante los subconjuntos de cilindros de  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ .

**Demostración.** El espacio de un autómata celular forma un sigma-campo. **Cerradura bajo la unión:** Sea  $\mathcal{F}$  la familia de conjuntos de cilindros que cubren el espacio  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  de un autómata celular. La unión de dos conjuntos  $\mathbf{A}_i, \mathbf{A}_j \in \mathcal{F}$  cualquiera  $\mathbf{A}_i \cup \mathbf{A}_j$ , dará un conjunto abierto  $\mathbf{B}_i \in \mathcal{F}$  ya que  $\mathcal{F}$  cubre todo el espacio  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$  (ver demostración 4.3.2).

**Cerradura del complemento:** Dado que  $\mathcal{F}$  es el cubrimiento total del espacio de un autómata celular (ver demostración 4.3.2), por lo tanto la unión de cualquier subconjunto es cerrada. Si tomamos cualquier conjunto  $\mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$ , tenemos que  $\mathcal{F} - \mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$ , lo que cumple con la cerradura del complemento.

$\sigma$  – *campo:* Para cualquier conjunto de cilindros que forman una cubierta finita de

un autómata celular se cumple que la unión de todos los subconjuntos que forman el espacio pertenecen a  $\mathcal{F}$ .

$$\bigcup_{i=1}^{\infty} \mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$$

ya que  $\mathcal{F} \in \mathcal{F}$ . □

#### 4.4.2 Espacios de probabilidad $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \vartheta, \mu)$

Una vez definida nuestra medida  $\mu$  vamos a normalizarla, es decir  $\mu$  hará transformaciones de las clases de cubconjuntos que cubren el espacio hacia el intervalo  $[0,1]$  de los reales  $\mu : \mathcal{F} \mapsto \mathbb{R}_{[0,1]}$ .  $\mu(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}) = 1$ . De manera que el espacio de probabilidad es un espacio de medida  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \vartheta, \mu)$  donde  $\mu$  es la medida de probabilidad y  $\vartheta$  es el  $\sigma$ -campo.

Finalmente teniendo como antecedente la definición de una medida:

**Definición 4.16** (Medida). *Una medida  $\mu$ , sobre un campo  $\mathcal{F}$ , es una función real no negativa  $\mu : \mathcal{F} \mapsto [0, \infty] \subset \mathbb{R}$ , tal que para cualquier  $\mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$  para  $i = 1, 2, 3, \dots$ , con  $\mathbf{A}_i \cap \mathbf{A}_j = \emptyset$  para  $i \neq j$  y  $\bigcup_{i=1}^{\infty} \mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$ , se tiene que*

$$\mu(\bigcup_{i=1}^{\infty} \mathbf{A}_i) = \sum_{i=1}^{\infty} \mu(\mathbf{A}_i)$$

Definimos a un espacio de probabilidad como:

**Definición 4.17** (Espacios de probabilidad  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \vartheta, \mu)$ ). *Un espacio de probabilidad  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \vartheta, \mu)$  consiste de un evento seguro  $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ ,  $\vartheta$  el  $\sigma$ -campo (no vacío) de eventos y la probabilidad de  $\mu$  sobre  $\vartheta$ . A menos que otra cosa se establezca la probabilidad de  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \vartheta, \mu)$  es fija y  $\mathbf{A}, \mathbf{B}, \dots$ , con o sin subíndices, representan eventos. Si se requiere, la probabilidad  $\mu$  puede completarse siempre, de manera que cualquier subconjunto de un evento nulo viene de un evento, necesariamente nulo. Entonces:*

- $\vartheta$  es  $\sigma$ -campo: para todo  $\mathbf{A}$ 's,  $\mathbf{A}^c, \bigcup_{j=1}^{\infty} \mathbf{A}_j, \bigcap_{j=1}^{\infty} \mathbf{A}_j$  son eventos. de aquí se deduce que, para cualquier secuencia  $\mathbf{A}_n$ ,  $\text{Lim inf } \mathbf{A}_n$ ,  $\text{Lim sup } \mathbf{A}_n$  y  $\text{Lim } \mathbf{A}_n$  (si existen) son eventos
- $\mu$  es una función no negativa definida sobre  $\vartheta$  tal que satisface:

- $\mu(\bigcup_{n=1}^{\infty} \mathbf{A}_i) = \sum_{n=1}^{\infty} \mu(\mathbf{A}_i)$
- $\mu(\mathbf{A}) \geq 0$  para toda  $\mathbf{A}_i \in \vartheta$

$$- \mu(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}) = 1$$

y para cualquier  $\vartheta$  o conjuntos de cilindros  $C_i(w) = \{x \in X : x_{[i, i+|w|]} = w\}$  cuyo bloque es  $w_0, \dots, w_k$  y cualquier  $n$  donde  $\mu(C_i(w)) = \mu(w)$ .

Entonces  $\mu$  es una medida de probabilidad, y la terna  $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \vartheta, \mu)$  es un espacio de probabilidad.

## 4.5 Comentarios finales

Este capítulo establece que es posible calcular probabilidades en autómatas celulares. Sin embargo quedan varias tareas por hacer:

- Desarrollar la teoría hasta el detalle de campos de Borel, así como mostrar su representación en términos de autómatas celulares. Esto es un hecho importante ya que dado que el campo de Borel es el mínimo  $\sigma$ -campo, implica que si se construye una medida de probabilidad a los subconjuntos que lo forman, se le esta asignado una medida de probabilidad a cualquier familia de subconjuntos que cubran el espacio.

Una propuesta es considerar al campo de Borel como la partición del espacio del autómata celular por cilindros de un sólo bloque. Si se realiza la asignación de la medida a los subconjuntos de cilindros de un sólo bloque se tiene la asignación para cualquier familia de subconjunto de cilindros de diferentes bloques. Considere que las diferentes familias de conjunto de cilindros cubren el espacio de un autómata celular como lo muestra la figura 4.8.

En este contexto el campo de Borel que es el mínimo  $\sigma$ -campo de  $\mathcal{F}$ , contendrá al resto de los elementos de  $\mathcal{F}$ :

$$C_i^{[1]} \supset C_i^{[2]} \supset C_i^{[3]} \dots \supset C_i^{[m]}, \text{ para } m \in \mathcal{N}$$

es decir que el campo de Borel en autómatas celulares es el conjunto de cilindros cuyo bloque consiste en un sólo elemento  $C_i^{[1]}$ .

- Otra tarea es la construcción explícita de la medida de las diferentes particiones, de manera que se considere una probabilidad con independencia que tome en cuenta la regla de evolución. Mostrar los conjuntos de cilindros que particionan el espacio y que bisequencias los forman de manera que su medida coincida con la probabilidad de que las bisequencias ocurran en la dinámica del autómata celular. Aquí surgen dos planteamientos:

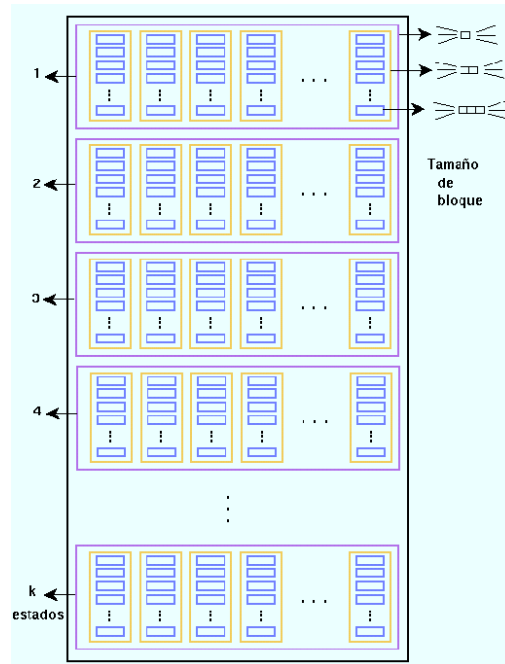


Figura 4.8: Cubrimiento del espacio de un autómata mediante conjuntos de cilindros: Entre mayor es la subdivisión de subconjuntos de cilindros, se está considerando un bloque central mayor. El número de divisiones en los diferentes niveles para cada subespacio está asociado con el número de estados del autómata celular.

1. ¿La medida de probabilidad de los conjuntos de cilindros deben de coincidir con la probabilidad de que ocurran las bisecuencias que forman tales conjuntos de cilindros, vistos estos como secuencias de eventos? o
2. ¿La medida de probabilidad de los conjuntos de cilindros deben de coincidir con la densidad de las bisecuencias que forman tales conjuntos de cilindros?

Sobre la última pregunta si se tiene el cubrimiento 4.8 se pueden definir otras agrupaciones que consideren la densidad del bloque como característica. Las agrupaciones se forman a partir de subconjuntos de cilindros cuya densidad de bloque es la misma. De esta manera se hace coincidir a  $\mu$  con la densidad del bloque, es decir que para un mismo  $\mu$  corresponde una misma densidad.

Bajo esta perspectiva entre más grande sea el bloque en el que se agrupan los cilindros, más precisa será la medida, cuando el tamaño del bloque tienda a infinito la medida tenderá a la

densidad esperada. También debe establecerse bajo esta óptica, un esquema que relacione la medida de probabilidad tomada como el producto de “salidas” que forman el bloque con la densidad de un estado en el bloque, de manera que se sigan cumpliendo las propiedades de medida y probabilidad.



# Capítulo 5

## Cálculo de Probabilidades en Automátas Celulares

En este capítulo el objetivo principal consiste en calcular las probabilidades de un autómata celular. Existen dos formas principales de calcular la densidad  $\mu$ : la teoría del campo medio y la teoría de la estructura local. Mientras la última permite el cálculo probabilístico sobre un bloque de tamaño  $n$ , la primera lo hace para el caso donde  $n = 1$ ; dando por consecuencia, que la teoría de la estructura local es una generalización de la teoría del campo medio. El objetivo de la teoría de la estructura local es lograr una mayor independencia entre las células mediante la disminución del traslape entre los vecinos considerando bloques más grandes.

De esta forma, la relación que encontró Gutowitz [24] entre los conceptos de traslape e independencia es fundamental y en esta tesis se parte de ella para encontrar nuevos resultados.

En este capítulo se presentan tres formas de hacer el cálculo de probabilidades: *la teoría del campo medio*, *la teoría de la estructura local* y una nueva propuesta. El objetivo de la nueva propuesta consistió en mejorar la precisión del primero y disminuir la complejidad del cálculo del segundo, aspectos que se contraponen en ambas teorías. En los comentarios finales, se discuten los resultados encontrados bajo esta línea.

### 5.1 Antecedentes

Una manera de estudiar el comportamiento de un autómata celular es mediante la observación la evolución del autómata durante largos intervalos de tiempo. Si se quiere la densidad de un estado en cada configuración, es necesario sumar sus frecuencias y dividir las entre el total de

células del espacio (ver figura 5.1).

Dada la naturaleza estadística del problema, el tiempo de observación y el tamaño de la muestra deberán ser un factor importante para obtener mejores aproximaciones de los parámetros estadísticos en cuestión. Sin embargo, como es sabido el costo computacional es un precio que se tiene que pagar en la obtención de resultados precisos, de esta manera la aplicación de la teoría de la probabilidad resulta ser una herramienta valiosa para predecir el comportamiento que tendrá la dinámica de un autómata celular.

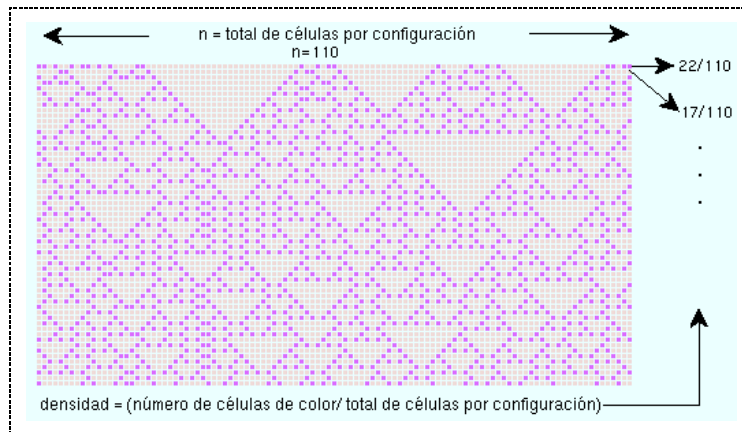


Figura 5.1: Cálculo de densidades en la evolución de un autómata celular

Si se toma a la densidad como la frecuencia entonces podemos aplicar directamente el concepto de probabilidad estadística [23].

*Sea  $n$  el número de veces que un evento ocurre en  $N$  ensayos independientes e idénticos, para un valor de  $N$  suficientemente grande el cociente  $\frac{n}{N}$  tiende a un sólo valor (el valor esperado). Las diferencias entre el estimado estadístico  $n/N$  y  $\mu$  (que es el teórico) disminuyen conforme aumenta el número de ensayos.*

De lo anterior el objetivo es estudiar las hipótesis que se tienen para el fenómeno estadístico para autómatas celulares con el fin de tener un cálculo de probabilidades que describa de manera adecuada y válida la dinámica de los autómatas celulares.

La idea de aplicar la teoría de probabilidad en autómatas celulares tiene un poco más de dos décadas, y el desarrollo de esta área ha consistido en un mejoramiento gradual de la técnica, haciendo consideraciones que se acercan cada vez más a la naturaleza del autómata celular y por lo tanto a la obtención de resultados cada vez más precisos.

El primer trabajo que podemos citar es el de Dresden y Wong [19] publicado 1975, en dicho

artículo se comienza a proponer como representar las reglas de evolución en el cálculo de la probabilidad. Poco después, en 1978 se presentan las primeras formas de calcular la probabilidad en el artículo *Statistical Mechanics of a Dynamical system based on Conway's game of Life* publicado por Schulman y Seiden [54], lo cual permitió empezar a hacer comparaciones entre el cálculo probabilístico y el aproximado. Procedimientos más refinados como el cálculo de la probabilidad de un bloque fueron usados por Lipman y Shamma [58], lo que vendría a ser el antecedente que más tarde permitiría disminuir el traslape entre vecindades.

El aumento de propuestas en el cálculo de la probabilidad poco a poco dió lugar al uso de herramientas desarrolladas en el área de la mecánica estadística, de ahí vino el uso de la teoría del campo medio en el estudio de los autómatas celulares.

Una de las más recientes contribuciones al área fue realizada por Gutowitz [24] [25] [28], al llevar a cabo una generalización de la teoría del campo medio, bajo el nombre de la teoría de la estructura local.

Aquí se describen las últimas dos teorías: la teoría del campo medio y la teoría de la estructura local y se propone una nueva manera de calcular las probabilidades en los autómatas celulares.

## 5.2 Asignación equiprobable e independencia

Si asignamos a los estados, de cada célula del autómata celular, una variable aleatoria  $X_i$  (ver fig 5.2), las configuraciones pueden tratarse como una secuencia  $x_1x_2x_3 \dots x_n$ ; en donde cada  $x_i$  toma ciertos valores de los estados. Suponiendo que cada evento es independiente del resto y considerando que cada evento tiene la misma probabilidad para que ocurra cualquiera de los estados, podemos realizar el cálculo sobre la probabilidad de ocurrencia de una cadena en particular.

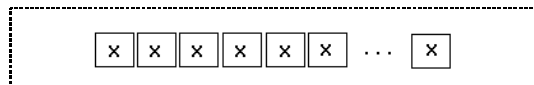


Figura 5.2: Configuración de un autómata celular donde la aparición de los estados en las células son tomados como variables aleatorias

Considere un autómata celular de dos estados cuya probabilidad para cada uno de ellos es de  $1/2$  y además suceden de manera independiente en la configuración del autómata celular entonces cada cadena tiene una probabilidad igual al producto de las probabilidades de las células que las constituyen. Lo anterior se debe a que la intersección de los eventos  $e_1e_2, \dots, e_n$  son independientes

Por ejemplo en el caso de la cadena 0011010, el resultado es  $(1/2) (1/2) (1/2) (1/2) (1/2) (1/2) (1/2) = 1/128$ .

Las hipótesis de que las variables aleatorias son idénticas e independientes en el caso de autómatas celulares es solamente una aproximación que toma en cuenta los supuestos de un experimento estadístico. Y aunque el autómata celular asigna de manera determinista los estados en cada configuración, al considerar para esta asignación a bloques de células como argumentos, enriquece las posibles formas en que puede hacer asignaciones produciendo un fenómeno aleatorio. Y de esta manera es posible aplicar la maquinaria de la estadística

Sin embargo esta regla de evolución y la necesidad de tomar bloques para su asignación da dos problemas en el cálculo de la probabilidad:

1. No todos los estados tienen la misma probabilidad de ocurrir
2. La aparición de un estado en la célula no es independiente de su célula vecina.

Estas dos características que resultan ser inherentes en la evolución del autómata celular llega a producir una aproximación pobre en el cálculo de probabilidades.

El hecho de considerar la misma probabilidad a todos los estados o eventos trae consigo problemas en la determinación de la probabilidad. Por un lado, hace que se asigne la misma probabilidad a cualquier configuración del autómata celular (en el mejor de los casos), sólo con que estas tengan la misma longitud; sin embargo para algunos autómatas algunas configuraciones son más factibles de ocurrir que otras. Por el otro lado, el hecho que constituye el peor de los casos es la asignación de la misma probabilidad a una configuración jardín del edén que a una configuración que no lo es, ya que se le está asignando una probabilidad de aparición a una configuración que jamás ocurrirá en la evolución del autómata celular.

Por ejemplo para la regla de evolución 171 de (2,1) cuyas vecindades hacen las transformaciones:  $\{000, 001, 011, 101, 111\} \mapsto 1$  y  $\{010, 100, 110\} \mapsto 0$  existe mayor probabilidad de que ocurra la cadena 111 que la cadena 100, ya que la regla de evolución es propensa a generar más 1's que 0's, sin embargo bajo la consideración anterior (asignación equiprobable), ambas cadenas tienen la misma probabilidad de ocurrir, a saber  $1/8$ .

El peor de los casos en la predicción se ilustra con la consideración de calcular la probabilidad de que aparezca la cadena 000 con la misma regla de evolución 171; de acuerdo a la asignación que otorga la misma probabilidad para cada estado, nos daría como resultado  $(1/2)(1/2)(1/2)=1/8$ , cuando esta cadena no tiene ninguna posibilidad de ocurrir ya que es jardín del edén, como lo muestra el diagrama de subconjuntos de la figura 5.3.

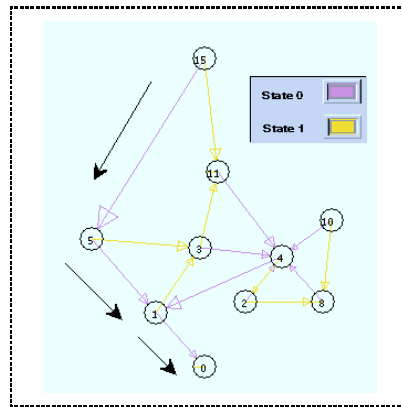


Figura 5.3: Diagrama de subconjuntos de  $171(2,1)$  en donde se muestra a la cadena 000 como su jardín del Edén, indicado por las flechas negras

## 5.3 La teoría del campo medio

La teoría de campo medio calcula las probabilidades a partir de un principio sencillo y elegante: *Si se desea calcular la probabilidad de que ocurra un cierto estado en la configuración de un autómata celular, debemos de calcular la probabilidad de que ocurran las cadenas ancestras que producen dicho estado.*

Las cadenas ancestras a calcular están determinadas por la regla de evolución; y son aquellas para las cuales la evaluación de la regla es el estado del cual se desea calcular la probabilidad. Por lo tanto la probabilidad de que ocurra un estado está dada por la probabilidad de que ocurran las vecindades que la originan.

De esta manera el campo medio toma como base el mecanismo que rige el comportamiento de un autómata celular: *la regla de evolución.*

### 5.3.1 La teoría del campo medio en autómatas celulares de dos estados

Si se tiene un autómata celular binario con los estados 0, 1 y consideramos a  $p$  como la probabilidad de que ocurra el estado 1 en la siguiente generación, entonces  $q = 1 - p$  es la probabilidad de que ocurra 0 por lo que

$$\mathcal{P}_1^{t+1} = \sum_{\alpha|\varphi(\alpha)\mapsto 1} (\mathcal{P}_1^t)^{N1(\alpha)} (1 - \mathcal{P}_1^t)^{N0(\alpha)} \quad (5.1)$$

donde:

- $\alpha$  es la vecindad.
- $\phi$  es la regla de evolución.
- $\mathcal{P}_1^{t+1}$  es la probabilidad de que ocurra el estado 1 en la generación  $t + 1$ .
- $\mathcal{P}_1^t$  es la probabilidad de que ocurra el estado 1 en la generación  $t$ .
- $N1(\alpha)$  es el número de celdas cuyo estado es 1 en la vecindad  $\alpha$ .
- $N0(\alpha)$  es el número de celdas cuyo estado es 0 en la vecindad  $\alpha$ . Y
- $\sum_{\alpha|\varphi(\alpha)\mapsto 1}$  es la suma de todas las vecindades donde la regla de evolución asigna un 1

La ecuación 5.1 es conocida como la función de densidad y a partir de ella se puede calcular el límite a que tenderá la evolución del autómata celular y a su vez el comportamiento dinámico de las densidades antes de estabilizarse.

Suponga que se desea calcular la probabilidad de que ocurra el estado 1 para un autómata binario cuya regla de evolución es:

$$\{001, 100, 010\} \mapsto 1, \{011, 101, 110, 111, 000\} \mapsto 0 \quad (5.2)$$

Si se toma a  $p$  como la probabilidad de que ocurra el estado 1 y a  $q$  como la probabilidad de que ocurra el estado 0. Entonces la probabilidad de que se ocurra  $p$  en la siguiente generación esta dado por la suma de  $qqp + pqq + qpq$  que son las probabilidades de que ocurran las vecindades que evolucionan en  $p$ . El resultado de dicha suma es  $3q^2p$  por lo que la función de densidad asociada con esta regla es

$$f(p) = 3q^2p \quad (5.3)$$

Si graficamos esta función junto con la función identidad  $f(p) = p$  tenemos a:

El eje  $x$  de la figura 5.4 representa los valores de la densidad actual y el eje  $y$  nos da el valor asociado para cada una de estas densidades en la siguiente generación, tenemos entonces para una densidad actual dada, la densidad en la siguiente generación del autómata celular.

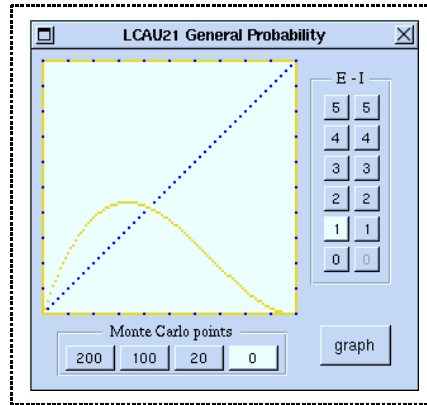


Figura 5.4: Función de densidad de la regla 22:  $f(p) = 3q^2p$

Si se desea saber la densidad que se tendrá en varias generaciones del autómata celular, bastará con iterar varias veces a la función de densidad sobre sí misma:

$$(x_0, f(x_0), f(f(x_0)), f(f(f(x_0))), \dots) \quad (5.4)$$

La composición de una función sobre sí misma, describe la densidad para cualquier generación, en donde el nivel de la anidación de la iteración determina la generación del autómata celular cuya densidad se desea saber.

Si se ordenan los datos obtenidos por la ecuación 5.4 en los siguientes pares ordenados 5.5 obtenemos la función escalera.

$$(x_0, f(x_0)), (f(x_0), f(f(x_0))), (f(f(x_0)), f(f(f(x_0))))), \dots \quad (5.5)$$

En otros términos, la evaluación recursiva de la función de densidad que toma cada vez como argumento el resultado de la evaluación anterior apoyada en la función de la identidad (para recuperar el valor anterior) se conoce como la función escalera.

Los resultados sucesivos de la función escalera son equivalentes a las densidades de las configuraciones que evolucionan en un autómata celular (ver fig: 5.5). Los autómatas celulares podemos hacerlos evolucionar a partir de ciertas configuraciones iniciales, de esta manera diferentes densidades iniciales producen diferentes patrones de densidades en la evolución del autómata celular.

En el contexto de sistemas dinámicos los resultados de la iteración de la función de densidad que parten de un punto  $x_0$ , se le conoce como la órbita  $x_0$  [18]. Entonces, la serie de datos

conocida en sistemas dinámicos como la órbita de  $x_0$ , representa las densidades que tendrá el autómata celular a través de su evolución donde la densidad inicial es  $x_0$ .

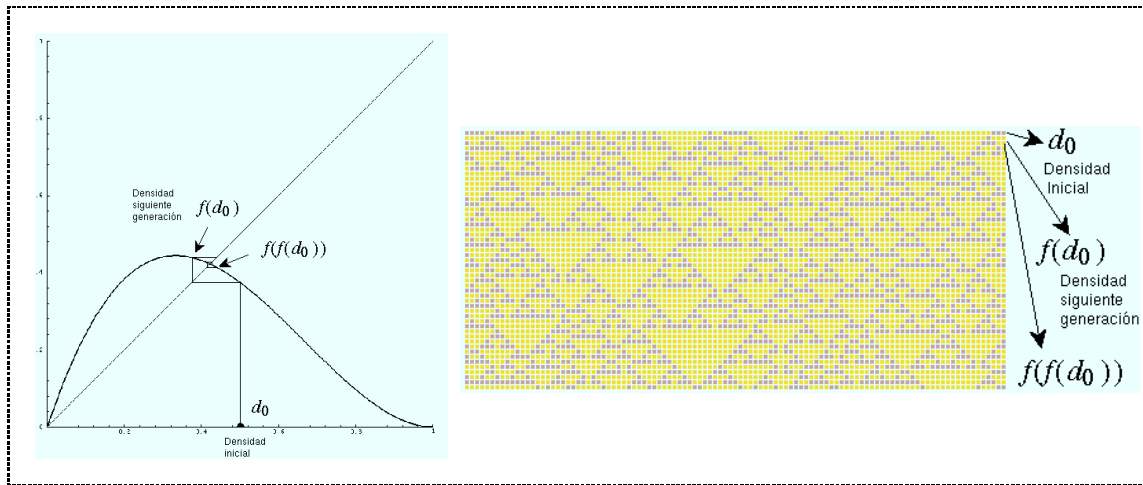


Figura 5.5: El campo medio simplifica el cálculo de las densidades de las evoluciones de un autómata celular a la iteración de una función de una sola variable, donde la densidad de la configuración inicial, queda representada por el punto del eje de las  $x$  punto en que inicia la función de la escalera, y cada iteración da la densidad de las siguientes generaciones

El valor de la densidad en que se estabilizan las evoluciones del autómata celular es la probabilidad del estado cuya densidad se esta calculando. El cálculo de este valor en términos de la función escalera consiste en encontrar los puntos fijos (atractores) como lo ilustra la figura 5.5.

Las cuestiones que surgen acerca de la estabilización del valor de las densidades son:

1. ¿Se estabiliza en un sólo valor?
2. ¿Se presenta recurrentemente en varios valores?
3. ¿No existe un patrón de su comportamiento?

Si calculamos el valor a que tiende a estabilizarse la función escalera a partir de la función de densidad 5.3 tomando dos densidades iniciales diferentes (ver 5.6), puede apreciarse que el valor de la densidad conforme avanza la evolución del autómata celular tiende a 0.42.



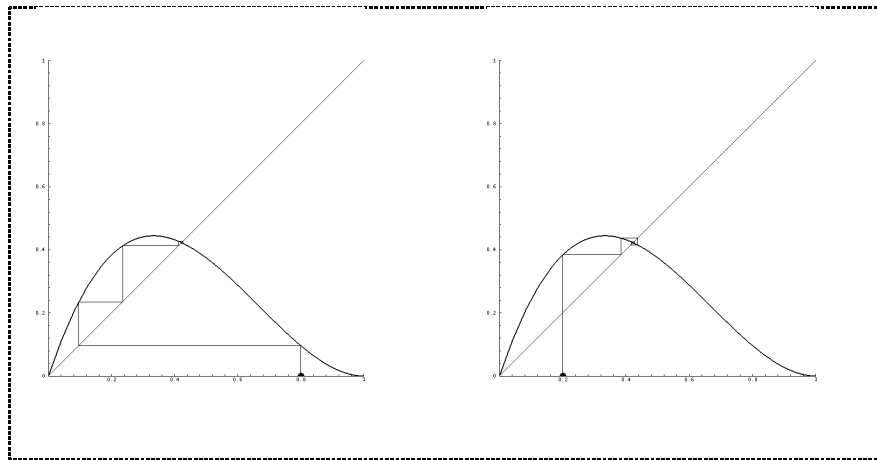


Figura 5.6: Análisis del punto fijo a partir de dos densidades iniciales: 0.2 y 0.8

De acuerdo a los estudios realizados por Gutowitz [24] la densidad de la regla 22 se estabiliza en 0.34. Tal valor no coincide con el que hemos obtenido, la razón de esto se debe a que aunque la teoría del campo medio resuelve el problema de asumir la probabilidad para todos los estados tomando como guía la regla de evolución, deja abierto aún el problema de asumir independencia entre los estados de las células en un autómata celular.

Hay que aclarar que la teoría del campo medio resuelve el problema de asignar la misma probabilidad a las cadenas con el sólo hecho de tener la misma longitud y su aproximación al comportamiento de la densidad del autómata celular es más preciso que el de la asignación equiprobable.

## 5.4 La teoría de la estructura local

Aunque la teoría del campo medio hace más real la asignación de probabilidades, no elimina el problema de la dependencia entre las células de un autómata celular. Si dos células en una configuración son producto de dos cadenas que se traslapan, el hecho de que ocurra un estado en cualquiera de las células del autómata celular está estrechamente relacionada con el valor de su vecina, ya que sus valores casi vienen del mismo origen, o el origen tiene elementos en común (ver fig 3.9).

El no tomar en cuenta la dependencia entre las células hace que la teoría del campo medio tenga márgenes de error en la aproximación.

La teoría de la estructura local toma en cuenta el problema de la independencia y lo resuelve mediante el cálculo de bloques en lugar de calcular la probabilidad de la ocurrencia de un estado en una sola célula. La idea es tomar el tamaño de bloque adecuado de manera que no haya traslape y el cálculo sobre las células pueda considerarse independiente. Una vez elegido el tamaño del bloque se lleva a cabo el cálculo de una sola célula aprovechando las condiciones de autoconsistencia de Kolmogorov, y del cálculo de la probabilidad de bloques mediante la teoría de bayes.

Vamos a explicar lo anterior con más detalle, suponga que se tienen un autómata celular con radio  $r = 1$ ; si deseamos calcular la probabilidad eliminando el traslape debemos de considerar el cálculo de un bloque  $B$  de tamaño 4, ya que la última célula y la primera de este bloque, tienen ancestros que no se traslapan<sup>1</sup> (ver figura 5.7).

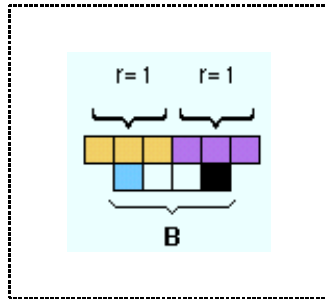


Figura 5.7: Tamaño del bloque de un autómata celular con radio=1 donde no hay traslape entre las células del extremos del bloque.

Ahora, suponga además que se tienen los operadores  $\mathbf{L}$  y  $\mathbf{R}$  sobre los bloques. donde  $\mathbf{L}$  es un operador que trunca por la izquierda y  $\mathbf{R}$  trunca por la derecha. Dado un  $B_n = (b_1 b_2 b_3 \dots b_n)$  un bloque de tamaño  $n$ , entonces  $\mathbf{L}B_n = (b_2 b_3 \dots b_n)$  y  $\mathbf{R}B_n = (b_1 b_2 b_3 \dots b_{n-1})$ . Si en general consideramos a  $B$  el bloque que tiene como células extremas a dos células cuyos ancestros no se traslapan, a  $s$  como la última célula de la izquierda del bloque  $B$  y el resto del subbloque de  $B$  sin  $s$  como  $\tilde{B}$  entonces la concatenación de  $\tilde{B}s = B$ .

De ahí que,

$$P(s) = \frac{P(\tilde{B}s)}{P(\tilde{B})}$$

<sup>1</sup>Podemos hacer la consideración para cualquier vecindad, la única consecuencia de esto es que el tamaño del bloque cambia

Ahora, dado que el primer elemento de  $B$  y  $s$  son independientes entonces

$$\frac{P(\tilde{B}s)}{P(\tilde{B})} = \frac{P(\mathbf{L}\tilde{B}s)}{P(\mathbf{L}\tilde{B})}$$

De donde la probabilidad del bloque  $B$  esta dada por

$$P(B) = P(\tilde{B}s) = \frac{P(\mathbf{L}\tilde{B}s)P(\tilde{B})}{P(\mathbf{L}\tilde{B})}$$

Para dejar todo en términos de  $B$  dado que sabemos que  $\tilde{B} = \mathbf{R}B$  y  $\tilde{B}s = B$ . Entonces la probabilidad del bloque  $B$  esta dada por

$$P(B) = \frac{P(\mathbf{L}B)P(\mathbf{R}B)}{P(\mathbf{L}RB)}$$

En el artículo [28] generaliza esta idea definiendo un operador  $\pi$  que mapea una función de probabilidad de un bloque de tamaño  $n$  en una función de probabilidad de un bloque de tamaño  $n + 1$ :

$$\pi(P_n)(B) = \begin{cases} \frac{P_n(\mathbf{L}B)P_n(\mathbf{R}B)}{P_n(\mathbf{L}RB)} & \text{Si, } |B| = n + 1 \text{ y } P_n(\mathbf{R}LB) > 0 \\ 0 & \text{Si, } |B| = n + 1 \text{ y } P_n(\mathbf{R}LB) = 0 \\ P_n(B) & \text{Si, } |B| \leq n. \end{cases} \quad (5.6)$$

Hasta aquí tenemos como calcular la probabilidad de un bloque en términos de bloques más pequeños (Bayes) falta ver como calcular la probabilidad del bloque en términos de A.C. y reducir el cálculo a una célula aprovechando a Kolmogorov.

Aquí como en la teoría del campo medio, la regla de evolución juega un papel importante en la determinación de las probabilidades, pero a diferencia de la primera, ésta se usa primero para calcular las probabilidades de los bloques, a partir de los cuales se calcula la del bloque de tamaño 1.

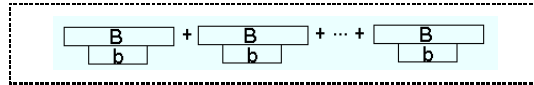


Figura 5.8: El número de imágenes es igual al número de contraimágenes

En el caso del cálculo de bloques se busca calcular sus probabilidades en términos de la frecuencia en que los bloques ocurren en la evolución del autómata celular. Entonces por definición,

la probabilidad de un bloque  $b$ , en el tiempo  $t + 1$ , es decir  $P_b^{t+1}$  es la suma de las probabilidades de los bloques  $B$  en el tiempo  $t$ , el cual da como imagen a  $b$  bajo la regla de evolución.

$$P_b^{t+1} = \sum_{B|\varphi(B)\mapsto b} (P_B^t), \quad (5.7)$$

Si en un autómata celular consideramos un bloque de tamaño  $n + 2r$  donde  $\Phi(B_{n+2r}) \mapsto B_n$  la ecuación 5.8 realiza la suma de las probabilidades de aquellos bloques de tamaño  $n + 2r$  que generan el bloque de tamaño  $n$ . El cociente representa la extensión de Bayes, donde se multiplican las probabilidades de los bloques de tamaño  $n$  contenidos en el bloque de tamaño  $n + 2r$  y se divide entre el producto de las probabilidades de las intersecciones de dichos bloques que son de tamaño  $n - 1$ .

$$P_n^{t+1}(B') = \sum_{B \in B_{n+2r}} \delta(\tau(B), B') \frac{P_n^t(\mathbf{R}^2 B) P_n^t(\mathbf{R} L B) P_n^t(\mathbf{L}^2 B)}{P_n^t(\mathbf{R}^2 L B) P_n^t(\mathbf{L}^2 R B)} \quad (5.8)$$

Donde  $\delta(\tau(B), B')$  toma el valor de 1 si al aplicarle la regla a un bloque  $B$  se llega a un bloque  $B'$ , en caso contrario toma el valor de 0.

Para ilustrar esto, veamos el caso que hemos venido mostrando: la regla 22 en  $(2, 1)$  con el cálculo de la probabilidad de un bloque de tamaño 1. Y cuando el bloque es tan pequeño/ no que las operaciones  $\mathbf{L}$  o  $\mathbf{R}$  la hacen vacía, el valor de  $P_n^t$  es igual a 1. Sabemos que la regla 22 está dada por:  $\{001, 100, 010\} \mapsto 1$ ,  $\{011, 101, 110, 111, 000\} \mapsto 0$ , de ahí que:

$$\begin{aligned} P_1^{t+1}(1) &= \frac{P_1^t(0)P_1^t(0)P_1^t(1)}{1} \\ &+ \frac{P_1^t(0)P_1^t(1)P_1^t(0)}{1} \\ &+ \frac{P_1^t(1)P_2^t(0)P_2^t(0)}{1} \end{aligned}$$

Como puede verse, la teoría de la estructura local representa entonces la generalidad de calcular la probabilidad de que ocurra un bloque de células con una configuración cualquiera y no sólo un estado para una célula en particular. La teoría del campo medio viene a ser bajo este contexto un caso especial de la teoría de estructura local, en particular donde el tamaño del bloque es 1.

Gran importancia juegan la teoría de Bayes y las condiciones de consistencia de Kolmogorov en la teoría de la estructura local. La primera permite tratar un bloque que considera la eliminación del traslape. Una vez que se tiene este bloque, el cálculo de su probabilidad se hace a

partir del cálculo de la probabilidad de bloques más pequeños contenidos en el bloque original. De manera que la probabilidad de un bloque de tamaño  $n + 1$  esta dada por el producto de eventos entre la intersección de ellos como lo muestra la figura 5.9 <sup>2</sup>

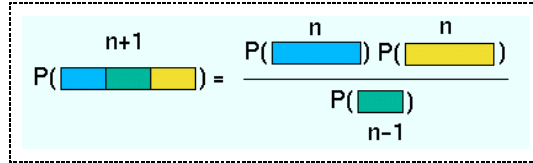


Figura 5.9: Extensión de Bayes

Por otro lado las condiciones de Kolmogorov que fundamentan el uso de una mérida llamada probabilidad dice que, dada una transformación  $P_n$  de  $(B_n, B_{n-1}, \dots, B_0)$  en los reales, ésta se considera una *Función de Probabilidad de Bloques de orden n* si satisface las *Condiciones de Consistencia de Kolmogorov*.

$$P_n(B) \geq 0 \quad \text{para} \quad |B| = 0, 1, \dots, n. \tag{5.9}$$

$$\sum_{B \in B_m} P_n(B) = 1 \quad \text{para} \quad m = 0, 1, \dots, n. \tag{5.10}$$

$$P_n(B') = \sum_{B|RB=B'} P_n(B) \text{ para } |B'| < n, \tag{5.11}$$

$$P_n(B') = \sum_{B|LB=B'} P_n(B) \text{ para } |B'| < n, \tag{5.12}$$

La importancia de las condiciones de Kolmogorov se dan en dos vertientes, una de ellas garantiza que se pueden realizar cálculos de probabilidad y la otra permite por sus dos últimas condiciones (5.11) y (5.12), reducir el cálculo de la probabilidad de un bloque mayor a 1 en un bloque igual a 1. Esto último nos va a permitir obtener finalmente la estimación de la probabilidad de la ocurrencia de un estado, que es el propósito original.

<sup>2</sup>La idea detrás de esto es que la probabilidad de eventos que se intersectan, es el producto de los mismos entre la intersección entre ellos. En términos de bloques la probabilidad de un bloque de tamaño  $n + 1$  (bloque ancestro) esta dado por el producto de las probabilidades de los bloques de tamaño  $n$  (hijos) que contiene , entre los bloques de tamaño  $(n - 1)$  formados por las intersecciones de los bloques de tamaño  $n$ .

Finalmente antes de explicar el cálculo de la teoría de la estructura local para un bloque de dos elementos, vamos a definir un procedimiento general de cómo efectuar dicho cálculo:

El cálculo de las probabilidades de los bloques esta entonces en términos del cálculo de sus ancestros, si se desea calcular a los primeros se tendrá que calcular a los segundos, de manera que los pasos a seguir son:

- Encontrar la contraimagen bajo  $\varphi$  de cada bloque de longitud  $n$ . Para cada  $n$  bloque, se tienen  $(n + 2r)$  ancestros.
- Calcular la probabilidad de cada  $(n + 2r)$  bloques usando la extensión bayesiana, que consiste la ecuación 5.8 donde  $L$  y  $R$  son operadores que truncan a los bloques quitando el elemento de la izquierda o derecha respectivamente de manera que si se tiene a  $B_n = (b_1, b_2, b_3, b_4, \dots, b_n)$  como un bloque de tamaño  $n$ ,  $LB_n = (b_2, b_3, b_4, \dots, b_n)$  y  $RB_n = (b_1, b_2, b_3, b_4, \dots, b_{n-1})$ .
- Para cada  $b$  bloque, se suman las probabilidades de los bloques en su contraimagen y se toma la suma de la probabilidad como la probabilidad del bloque en la siguiente generación.
- Repetir estos pasos hasta la localización de una densidad estable.

### 5.4.1 Caso de estudio

El caso de estudio sera el cálculo de la probabilidad de la regla 22 en un autómata celular (2,1), considerando un bloque de 2 células. La primer tarea es encontrar los ancestros para los bloques de dos elementos (00, 01, 10, 11) de acuerdo a la regla 22. El bloque 00 tiene como ancestros a {1111, 1110, 1101, 1011, 0110, 0000, 0111}, los ancestros del bloque 01 son {0001, 1010, 1100}, el bloque 10 tiene como ancestros a {0011, 0101, 1000} y finalmente el bloque 11 tiene a {0010, 0100, 1001} como los bloques que lo producen bajo la regla de evolución.

Dado que la regla de evolución determina que ancestros tiene cada bloque de dos células, y los ancestros indican la forma en que se calcula la probabilidad para cada una de las cadenas (ya que la suma de la extensión bayesiana de los ancestros de un bloque define la probabilidad de tal bloque), entonces la probabilidad de las cadenas 00,01,10 y 11 esta dado por:

$$\begin{aligned}
 P_2^{t+1}(00) &= P_2^t(1111) + P_2^t(1110) + P_2^t(1101) \\
 &\quad + P_2^t(1011) + P_2^t(0110) + P_2^t(0000) \\
 P_2^{t+1}(01) &= P_2^t(0001) + P_2^t(1010) + P_2^t(1100) \\
 P_2^{t+1}(10) &= P_2^t(0011) + P_2^t(0101) + P_2^t(1000) \\
 P_2^{t+1}(11) &= P_2^t(0010) + P_2^t(0100) + P_2^t(1001)
 \end{aligned}$$

Para la cadena 01 se tiene por ejemplo que su probabilidad esta dada por la suma de las probabilidades de sus ancestros, a saber:

$$P_2^{t+1}(01) = P_2^t(0001) + P_2^t(1010) + P_2^t(1100)$$

Ahora por la extensión de Bayes, se tiene que la probabilidad de que ocurra el ancestro 0001 es:

$$P_2^{t+1}(0001) = \frac{P_2^t(00)P_2^t(00)P_2^t(01)}{P_2^t(0)P_2^t(0)}$$

la probabilidad de que se de la cadena 1010 es:

$$P_2^{t+1}(0101) = \frac{P_2^t(01)P_2^t(10)P_2^t(01)}{P_2^t(1)P_2^t(0)}$$

y finalmente la probabilidad de que se ocurra la cadena 1100 es:

$$P_2^{t+1}(1100) = \frac{P_2^t(11)P_2^t(10)P_2^t(00)}{P_2^t(1)P_2^t(0)}$$

Por lo tanto, la probabilidad de que se de la cadena 01 estará definida por:

$$\begin{aligned} P_2^{t+1}(01) &= \frac{P_2^t(00)P_2^t(00)P_2^t(01)}{P_2^t(0)P_2^t(0)} \\ &+ \frac{P_2^t(01)P_2^t(10)P_2^t(01)}{P_2^t(1)P_2^t(0)} \\ &+ \frac{P_2^t(11)P_2^t(10)P_2^t(00)}{P_2^t(1)P_2^t(0)} \end{aligned}$$

o

$$\begin{aligned} P_2^{t+1}(01) &= \frac{P_2^t(00)P_2^t(00)P_2^t(01)}{(P_2^t(00)+P_2^t(01))(P_2^t(00)+P_2^t(01))} \\ &+ \frac{P_2^t(01)P_2^t(10)P_2^t(01)}{(P_2^t(11)+P_2^t(01))(P_2^t(00)+P_2^t(01))} \\ &+ \frac{P_2^t(11)P_2^t(10)P_2^t(00)}{(P_2^t(11)+P_2^t(01))(P_2^t(11)+P_2^t(01))} \end{aligned}$$

donde por las condiciones de Kolmogorov podemos expresar la probabilidad de que ocurra 01 en términos homogéneos es decir en términos de cálculos de bloques de 2 células, ya que:

$$\begin{aligned} P^{t+1}(0) &= P^t(00) + P^t(01) \\ P^{t+1}(1) &= P^t(11) + P^t(10) \end{aligned}$$

Como se puede apreciar de esta ecuación para calcular la probabilidad de que ocurra la cadena 01, se tiene que calcular la probabilidad de las cadenas 00, 10 y 11. O en otras palabras las probabilidades de que ocurran todas los ancestros de las cadenas de dos elementos: las cadenas de cuatro elementos.

Siguiendo pasos similares a los del cálculo de la probabilidad de 01, se tiene que la probabilidad de que ocurra 00, 01 y 11. Entonces la solución del cálculo de la probabilidad de 01 esta dado por el siguiente sistema de ecuaciones:

$$\begin{aligned}
P_2^{t+1}(00) &= \frac{P_2^t(11)P_2^t(11)P_2^t(11)}{(P_2^t(01)+P_2^t(11))(P_2^t(01)+P_2^t(11))} + \frac{P_2^t(11)P_2^t(11)P_2^t(10)}{(P_2^t(01)+P_2^t(11))(P_2^t(01)+P_2^t(11))} \\
&+ \frac{P_2^t(11)P_2^t(10)P_2^t(01)}{(P_2^t(01)+P_2^t(11))(P_2^t(00)+P_2^t(01))} + \frac{P_2^t(10)P_2^t(01)P_2^t(11)}{(P_2^t(00)+P_2^t(01))(P_2^t(00)+P_2^t(01))} \\
&+ \frac{P_2^t(01)P_2^t(11)P_2^t(10)}{(P_2^t(01)+P_2^t(11))(P_2^t(01)+P_2^t(11))} + \frac{P_2^t(00)P_2^t(00)P_2^t(00)}{(P_2^t(01)+P_2^t(11))(P_2^t(01)+P_2^t(11))} \\
&+ \frac{P_2^t(01)P_2^t(11)P_2^t(11)}{(P_2^t(01)+P_2^t(11))(P_2^t(01)+P_2^t(11))} \\
P_2^{t+1}(01) &= \frac{P_2^t(00)P_2^t(00)P_2^t(01)}{(P_2^t(00)+P_2^t(01))(P_2^t(00)+P_2^t(01))} + \frac{P_2^t(01)P_2^t(10)P_2^t(01)}{(P_2^t(11)+P_2^t(01))(P_2^t(00)+P_2^t(01))} \\
&+ \frac{P_2^t(11)P_2^t(10)P_2^t(00)}{(P_2^t(11)+P_2^t(01))(P_2^t(11)+P_2^t(01))} \\
P_2^{t+1}(10) &= \frac{P_2^t(00)P_2^t(01)P_2^t(11)}{(P_2^t(00)+P_2^t(01))(P_2^t(01)+P_2^t(11))} + \frac{P_2^t(01)P_2^t(10)P_2^t(01)}{(P_2^t(01)+P_2^t(11))(P_2^t(00)+P_2^t(01))} \\
&+ \frac{P_2^t(10)P_2^t(00)P_2^t(00)}{(P_2^t(00)+P_2^t(01))(P_2^t(00)+P_2^t(01))} \\
P_2^{t+1}(11) &= \frac{P_2^t(00)P_2^t(01)P_2^t(10)}{(P_2^t(00)+P_2^t(01))(P_2^t(01)+P_2^t(11))} + \frac{P_2^t(01)P_2^t(10)P_2^t(00)}{(P_2^t(01)+P_2^t(11))(P_2^t(00)+P_2^t(01))} \\
&+ \frac{P_2^t(10)P_2^t(00)P_2^t(01)}{(P_2^t(00)+P_2^t(01))(P_2^t(00)+P_2^t(01))}
\end{aligned}$$



Resolviendo este sistema de ecuaciones tendremos la probabilidad para todas las posibles cadenas de dos estados, es decir las cadenas 00,01,10 y 11. Pero lo que buscamos nosotros es la probabilidad de aparición del estado 1, una vez más por Kolmogorov, se tiene que sumando dos de nuestros anteriores resultados, en particular

$$P(1) = P(11) + P(01)$$

se tendrá la probabilidad de que ocurra el estado uno. La figura 5.10 muestra el resultado de este cálculo: 0.3585.

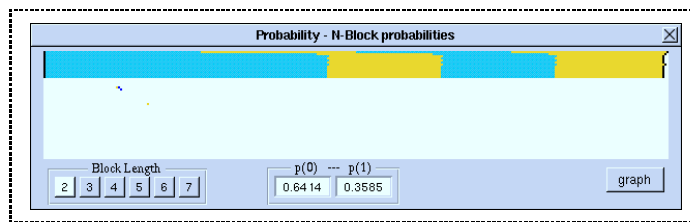


Figura 5.10: Gráfica de la probabilidad de un bloque de tamaño 2

## 5.5 Nueva propuesta en el cálculo de la probabilidad en autómatas celulares

La teoría de la estructura local trata el problema de la independencia entre los células de un autómata celular desde un punto de vista particular: hace el cálculo eliminando la dependencia entre las células.

La nueva propuesta lleva a cabo este cálculo bajo otro punto de vista: considerar la existencia de dependencia entre las células y llevar a cabo el cálculo en base a esto.

Sabemos por la teoría del campo medio que la probabilidad de que ocurra una célula con cierto estado en la siguiente generación, esta dado por la probabilidad de que ocurran sus ancestros: el número de imágenes es igual al número de contraimágenes. La nueva propuesta retoma esto del campo promedio, la novedad radica en como se calculan las contraimágenes. Dado que las contraimágenes son una serie de eventos que ocurren uno después de otro, con la característica de que cada vez que se da uno de ellos repercute en la probabilidad de que ocurra el siguiente. El cálculo de las contraimágenes se hace considerando la probabilidad de que un conjunto de eventos se den en sucesión, bajo el atenuante de que existe dependencia entre ellos.

En probabilidad cuando se desea calcular un conjunto de eventos en serie, se multiplica la probabilidad de cada uno de los eventos que componen la serie; en autómatas celulares tales eventos son las células (con un valor en particular) y la sucesión de ellas forman las vecindades que hacen su transformación al estado cuya probabilidad se desea calcular.

La cuestión ahora es la probabilidad que tendrán cada uno de los elementos que forman la cadena; si los eventos fueran independientes, es decir cuando cada evento sucede con una probabilidad que no depende de los resultados de los otros eventos, tendríamos de antemano las probabilidades de cada uno de los eventos que forman la cadena, mismo que puede obtenerse de la regla de evolución (tal como lo asume la teoría del campo medio). Pero en nuestro caso sabemos que los elementos de la serie son dependientes, por lo que el cálculo de los estados que forman la a las vecindades se lleva a cabo con la probabilidad condicional  $P(A/B)$ ; es decir, la probabilidad de que se de el evento  $A$  dado que antes se dió  $B$ . De acuerdo a Gnedenko [23] .

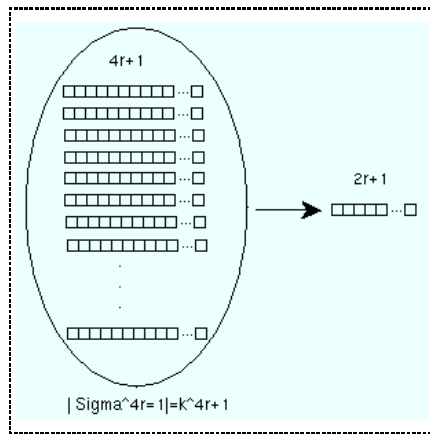


Figura 5.11: Conjunto de probabilidades: ancestros de las vecindades de tamaño  $2r + 1$

Dadas  $n$  ocurrencias  $A_1, A_2, \dots, A_n$ , exhaustivas, iguales y mutuamente exclusivas, con  $m$  de ellas favorables al evento  $A$ ,  $k$  favorables al evento  $B$ , y  $r$  favorables al evento  $AB$  (donde  $r \leq k; r \leq m$ ). Si el evento  $B$  ha ocurrido, esto implica que uno de los eventos  $A_j$  favorable a  $B$  ha ocurrido. Bajo esta condición,  $r$  y sólo  $r$  de los eventos  $A_j$  son favorables a la ocurrencia de  $A$ . Entonces:

$$P(A/B) = \frac{P(AB)}{P(B)} = \frac{r}{k} \tag{5.13}$$

Lo anterior en términos de autómatas celulares se puede plantear de la siguiente manera: Los  $n$  eventos que forman el conjunto en donde tienen lugar las probabilidades (ver figura 5.11),

consisten en todos los posibles ancestros que pueden generar cadenas del tamaño de las vecindades de interés. El número de elementos de este conjunto es igual a  $k^{4r+1}$ .

El cálculo de las probabilidades considerando a la probabilidad condicional se da en todos los elementos de las vecindades excepto en el primero de ellos, la razón de esto es que la existencia del primer elemento no depende de un evento previo de manera que  $P(x_1)$  es igual al número de ancestros que producen  $x_1$ , entre el total de elementos de nuestro conjunto de posibilidades. La probabilidad de que ocurra  $x_2$  está dada por  $P(x_2/x_1)$ , el número de ancestros que hacen posible la cadena  $x_1x_2$  entre el total de ancestros que producen  $x_1$ ; es decir:  $P(x_2/x_1) = \frac{A(x_1x_2)}{A(x_1)}$ . Si se desea calcular la probabilidad del elemento  $P(x_3/x_1x_2) = \frac{A(x_1x_2x_3)}{A(x_1x_2)}$  es decir que el número de ancestros que hacen posible la cadena  $x_1x_2x_3$  entre el número de ancestros que producen la cadena  $x_1x_2$ . En general la probabilidad del  $x_i$  donde  $i = 2r + 1$  será:  $P(x_i/x_1x_2, \dots, x_{i-1})$  para  $i \geq 3$ .

Entonces la probabilidad de encontrar el  $k$ -ésimo estado en la siguiente generación es:

$$P_1^{t+1} = \sum_{\alpha|\varphi(\alpha)\mapsto 1} P(x_1) + P(x_2/x_1)P(x_3/x_1x_2) + \dots + P(x_{2r+1}/x_1x_2, \dots, x_{2r}) \tag{5.14}$$

Lo que se tiene con la probabilidad condicional, en términos de conjuntos es que existe intersección entre los sucesos (subconjuntos de nuestro espacio muestral) que deseamos calcular, de ahí que al calcular el valor del nuevo suceso éste esta dado en términos del subconjunto mayor que lo contiene, como lo muestra la figura 5.12

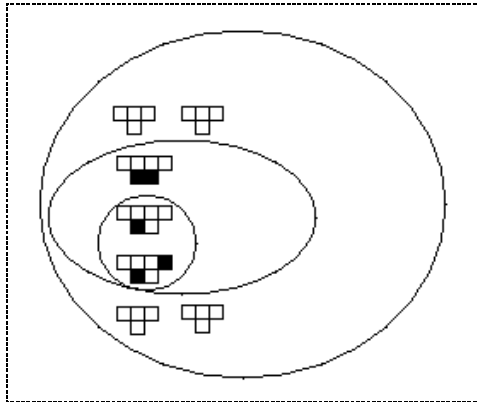


Figura 5.12: Representación mediante un diagrama de venn de la intersección de conjuntos que representa la dependencia de las células en un autómata celular

El cálculo de la probabilidad se puede resumir en las siguientes pasos:

1. El cálculo de las contraimágenes, como el producto de la probabilidad de las células que forman a las cadenas ancestras. Donde la probabilidad de cada célula de la cadena se calcula mediante la probabilidad condicional (excepto el primer elemento).
2. La suma de la probabilidades de las vecindades calculadas en el paso anterior.

### 5.5.1 Caso de estudio

Aquí se ilustra el método propuesto para el cálculo de probabilidades de la regla 22 y 46. Comenzando con la regla 22 dado que se tiene interés en la probabilidad de la aparición del estado 1 en la siguiente generación, las cadenas ancestras a calcular son: 001, 010, 100. Estas vecindades tienen una longitud de tres células, de manera que todos los posibles ancestros de ellas son 32 cadenas de longitud 5: El número de elementos con el que cuenta nuestro espacio muestral es de 32. Comenzando con la cadena ancestra 001, se tiene que la probabilidad de que ocurra 0 es de  $20/32$ , es decir 20 eventos son favorables del total de 32 posibles ancestros. El segundo elemento esta dado bajo la condición de que haya aparecido el primero de manera que  $P(0/0) = 14/20$  ya que 14 eventos son favorables para que exista la cadena 00, entre los 20 eventos que fueron favorables para el primer elemento. El tercer elemento de la cadena esta dado por  $P(1/00) = 4/14$ , el número de eventos que hacen posible la cadena 001 entre el número de eventos que hizo posible la cadena 00. De manera que la probabilidad de que aparezca la cadena 001 es  $(20/32)(14/20)(4/14)=0.125$ . Lo anterior esta ilustrado por la figura 5.13.

De manera similar se obtienen las probabilidades de los ancestros: 010 y 100. Obteniendo  $(5/8)(3/10)(3/6)=0.093$  para el ancestro 010 y  $(3/8)(3/6)(4/6)=0.125$  para el ancestro 100.

Sumando las probabilidades de las tres cadenas ancestras tenemos:

$$P(001)+P(010)+P(100)=0.34$$

Dato muy cercano al encontrado por Gutowitz (0.35) en su tesis ([24]).

Otra ventaja que ofrece esta propuesta es que son detectadas algunas cadenas ancestras que son jardín del edén: la probabilidad de las mismas son iguales a 0. Considerese la regla de evolución 46:

$$\begin{aligned} \{000, 100, 110, 111\} &\mapsto 0, \\ \{001, 010, 011, 101\} &\mapsto 1 \end{aligned}$$

Sabemos que esta regla tiene como jardín del edén a la cadena 010, ya que el camino que existe entre el conjunto total al conjunto vacío es precisamente 010, como lo muestra la figura 5.14.

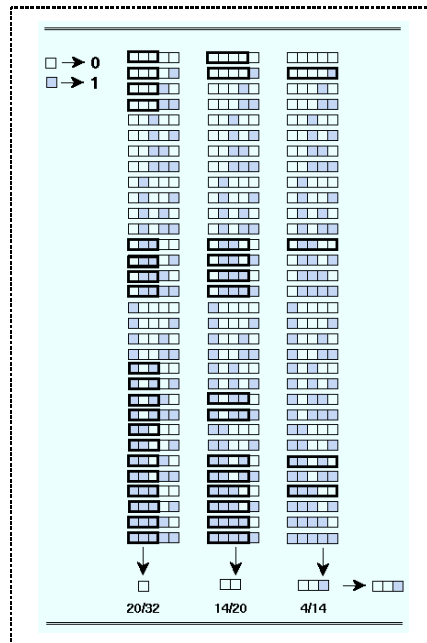


Figura 5.13: Cálculo de la probabilidad de la vecindad 001 de la regla de evolución 22, considerando probabilidad condicional

Con la regla 46 se ilustra con otra forma de calcular la probabilidad, fundamentada por los mismas bases teóricas ya expuestas. La probabilidad del primer elemento de la cadena esta dado por el número de vecindades que hacen posible la transformación del mapeo al estado de interés entre el total de vecindades, esto se toma de las vecindades y sus mapeos. El segundo elemento de la cadena del ancestro se calcula bajo la extensión de las vecindades de la regla de evolución que hacen la transformación al estado de la primer célula. Se sabe que cada vecindad puede extenderse por  $k$  estados del autómata. Se toman en cuenta las extensiones por los  $k$  estados que hacen posible la existencia del último elemento, como las cadenas válidas; y al número de estas se le divide entre el total de posibilidades que otorga la extensión por  $k$  de las vecindades antes elgidas. El tercer elemento toma en cuenta las cadenas que hacen posible la aparición de los dos primeros elementos de la cadena, a estas cadenas se les aplica nuevamente la extensión por  $k$  estados, tomando como válidas las cadenas que hacen posible al tercer elemento del ancestro. Entonces la probabilidad del tercer elemento es igual al número de cadenas extendidas que hacen posible que este exista entre el total de posibles extensiones de dichas cadenas. Este procedimiento se repite hasta tomar en cuenta a todos los elementos de la contraimagen.

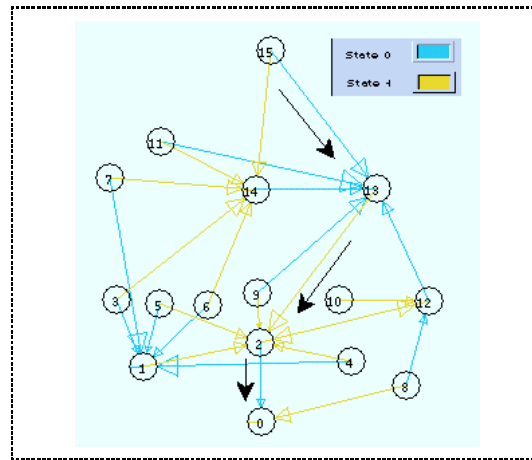


Figura 5.14: El diagrama de subconjuntos de la regla 46 muestra a la cadena 010 como jardín del edén

Entonces, dado que estamos interesados en la probabilidad de la aparición del estado 1 en la siguiente generación las cadenas ancestras a calcular son: 001,010,011,101. Comenzando con la cadena ancestral 001, se tiene que la probabilidad de que ocurra 0 es de  $4/8$  es decir 4 vecindades de un total de 8 hacen posible la existencia de 0. El segundo elemento de la cadena puede darse a partir de las 4 vecindades que hacen posible al primer elemento por los  $k$  estados, es decir que en un universo de 8 cadenas (ya que  $k=2$ ) algunas de ellas hacen posible la existencia de un 0 después del primer 0, estas cadenas son: 0000, 1000, 1100, 1110, 1111. Por lo que 5 de 8 cadenas pueden hacer posible la aparición de un 0 como segundo elemento después de un 0 como primer elemento, la probabilidad del segundo es de  $5/8$ . El tercer elemento que es un 1 tiene un universo de posibilidades de existir de 10 cadenas ( $5*k$ ), dado que 4 de ellas hacen posible este hecho (00001, 10001, 11001, 11101) el tercer elemento tendrá una probabilidad de existir de  $4/10$ . De esta manera el ancestro 001 tendrá la probabilidad de  $(4/8)(5/8)(4/10) = 0.125$  (ver figura 5.15).

La siguiente cadena ancestro 010, tiene como probabilidad de su primer elemento a  $(4/8)$  ya que son 4 vecindades del total de 8 de la regla de evolución que hacen su transformación a 1. El segundo elemento 1 de un universo de 8 cadenas (las 4 posibilidades del primer elemento por la extensión  $4*k$ ) tiene a 3 de estas ( $3/8$ ) como las extensiones que hacen posible la existencia de 1 como segundo elemento. El tercer elemento 0 tiene un universo de 6 cadenas que pueden hacer posible su existencia, sin embargo ninguna extensión de estas es capaz de realizar una transformación a 0, por lo tanto ninguna de las 6 cadenas posibles ( $0/6$ )=0 (cero) y cero la

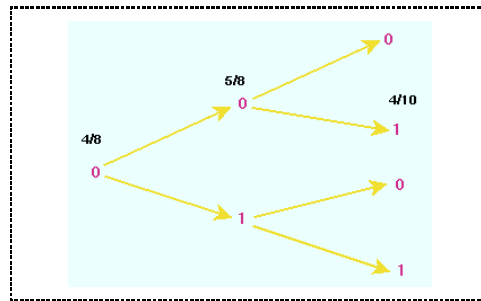


Figura 5.15: Cálculo de la probabilidad de la vecindad 001 de la regla de evolución 46, considerando probabilidad condicional

probabilidad de que se dé un 0 como tercer elemento. La cadena ancestro 010 entonces tendrá una probabilidad de  $(4/8)(3/6)(0/6)=0$  (cero) de ocurrir. Como le corresponde a una cadena que es jardín del edén.

La siguiente cadena 011 tiene la probabilidad  $(4/8)(3/8)(1)=0.1875$ , la cadena 101 tiene la probabilidad de  $(4/8)(3/8)(2/6)=0.0625$ .

Entonces la probabilidad de que se den las cuatro cadenas ancestras del estado 1 es  $P(001) + P(010) + P(011) + P(101) = 0.375$ .

## 5.6 Comentarios finales

Los comentarios sobre este capítulo son:

- Para muchos casos donde no se requiere una precisión menor del  $1/10$ , la teoría del campo medio es una buena opción.
- La nueva forma de calcular probabilidades tiene una precisión similar a la teoría del campo medio, pero no supera la teoría de la estructura local.
- La gran ventaja de usar la teoría del campo medio es que ofrece un modelo muy sencillo en el que se puede aplicar la herramienta matemática desarrollada en la teoría de sistemas dinámicos [17].
- La teoría de la estructura local logra la mejor aproximación ya que elimina la dependencia entre las células, suprimiendo el traslape de las entre las vecindades ancestras. Esta

vinculación entre traslape y dependencia es la base en que se fundamenta el desarrollo del trabajo del siguiente capítulo y de la tesis.



## Capítulo 6

# El traslape de las vecindades de von Neumann y Moore

Para tener una aproximación confiable en la teoría del campo medio se requiere independencia de las células del autómata celular. Por otro lado, una de las características intrínsecas en la estructura de un autómata celular es la dependencia que existe entre sus células. Parece ser, entonces, que la teoría del campo medio al tratar de predecir el comportamiento de las densidades de un autómata celular, tiene el peor caso para lograrlo. O desde otra perspectiva, que la predicción del comportamiento de las densidades de un autómata celular esta usando el peor método. Este último punto de vista esta plasmado en la literatura donde se ha catalogado la aproximación del campo medio como un método de poca ayuda en la predicción sobre autómatas celulares [1], [9], [11] y [12]. Cualquiera que sea el punto de vista que se adopte, la conclusión es que el antagonismo entre las características claves que cada uno requiere, establece la incompatibilidad entre ambos. Sin embargo al mismo tiempo se ha venido observando (ver por ejemplo [5], [10]) que la aproximación del campo medio es mejor cuando se trata con autómatas celulares en altas dimensiones.

*¿Cuál es la razón por la cual al aumentar las dimensiones de un autómata celular la teoría del campo medio logra mejores aproximaciones?*

Este capítulo establece la razón que lo hace posible.

Se sabe por Gutowitz [24], que el traslape de las células de un autómata celular es el responsable de la dependencia entre las células del mismo. Entonces el estudio de la dependencia de las células en altas dimensiones se reduce a analizar el traslape de las células del autómata celular

en altas dimensiones. Bajo esta premisa se realiza el estudio sobre el traslape de dos de las vecindades utilizadas por Chaté y Manneville cuando encontraron el comportamiento colectivo no trivial: la vecindad de Moore y la vecindad de von Neumann. La idea es ver que sucede con los traslapes cuando se usan estas vecindades en dimensión  $n$ .

## 6.1 Definiciones preliminares

Antes de analizar el traslape de las vecindades en  $n$  dimensiones del tipo von Neumann y Moore, se dan algunas definiciones y cálculos preliminares que serán de utilidad. En esta sección se definen los conceptos de vecindad, traslape, índice del traslape, vecinos contiguos y la manera de calcularlos.

### 6.1.1 Vecindad

**Definición 6.1** (Vecindad). *Dada una configuración  $\mathbf{x}$  de un autómata celular y una célula  $c = x_i$  de dicha configuración. Se dice que una vecindad  $\mathbb{V}_r(c)$  es la célula  $c$  más el conjunto de células que se encuentran a una distancia  $r$  (en todas direcciones) de  $c$ . Si se trata de una configuración unidimensional, la célula central es  $x_i$  y la vecindad se denota como:*

$$\mathbb{V}_r(x_i) = \begin{cases} x_{i-r} \dots x_i \dots x_{i+r} & r \in \mathbb{N} \text{ o} \\ x_{i-r} x_i x_{i+r} & r \in \mathbb{Q} \text{ y } 2r + 1 \in \mathbb{N} \end{cases}$$

*Si se trata de dos dimensiones, la célula central es  $x_{ij}$  y la vecindad:*

$$\mathbb{V}_r(x_{i,j}) = \begin{cases} x_{i-r,j-r} \dots x_{i,j} \dots x_{i+r,j+r} & r \in \mathbb{N} \text{ o} \\ x_{i-r,j-r} \dots x_{i,j} \dots x_{i+r,j+r} & r \in \mathbb{Q} \text{ y } 2r + 1 \in \mathbb{N} \end{cases}$$

*En general para  $n$  dimensiones, la célula central es:  $x_{i_1 i_2 i_3 \dots i_n}$  y la vecindad:*

$$\mathbb{V}_r(x_{i_1, i_2, \dots, i_n}) = \begin{cases} x_{i_1-r, i_2-r, \dots, i_n-r} \dots x_{i_1, i_2, \dots, i_n} \dots x_{i_1+r, i_2+r, \dots, i_n+r} & r \in \mathbb{N} \text{ o} \\ x_{i_1-r, i_2-r, \dots, i_n-r} \dots x_{i_1, i_2, \dots, i_n} \dots x_{i_1+r, i_2+r, \dots, i_n+r} & r \in \mathbb{Q} \text{ y } 2r + 1 \in \mathbb{N} \end{cases}$$

### 6.1.2 Cardinalidad

Sea  $\mathbb{V}_r(x_i)$  la vecindad con radio  $r$ . La cardinalidad de  $\mathbb{V}_r$  denotada por  $|\mathbb{V}_r|$  es el número de células que forman la vecindad  $\mathbb{V}_r$ .

### 6.1.3 Vecindad de von Neumann

Dado un espacio de  $n$  dimensiones  $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_n)$ <sup>1</sup>. La vecindad de von Neumann se define como la unión del siguiente conjunto de células  $\{(i_1 * 1, i_2, \dots, i_n), (i_1, i_2 * 1, \dots, i_n), \dots, (i_1, i_2, \dots, i_n * 1)\}$ , donde “ $*$ ” es un operador tal que:

$$i * 1 = \begin{cases} i + 1 & \text{suma 1 a la coordenada} \\ i - 1 & \text{resta 1 a la coordenada} \\ i & \text{identidad} \end{cases} \quad (6.1)$$

Si se trata de una dimensión  $i_1$ , la vecindad de von Neumann consiste de las células  $(i_1 * 1)$ , es decir de las células  $i$ ,  $i_1 + 1$  y  $i_1 - 1$ . Si el espacio es bidimensional, la vecindad de von Neumann consiste en la unión de  $(i_1 * 1, i_2)$  y  $(i_1, i_2 * 1)$  es decir:  $\{(i_1, i_2), (i_1 + 1, i_2), (i_1 - 1, i_2)\} \cup \{(i_1, i_2), (i_1, i_2 + 1), (i_1, i_2 - 1)\} = \{(i_1, i_2), (i_1 + 1, i_2), (i_1 - 1, i_2), (i_1, i_2 + 1), (i_1, i_2 - 1)\}$

### 6.1.4 Vecindad de Moore

Dado un espacio de  $n$  dimensiones  $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_n)$  la vecindad de Moore se define como  $(i_1 * 1, i_2 * 1, \dots, i_n * 1)$  donde “ $*$ ” es un operador tal que:

$$i * 1 = \begin{cases} i + 1 & \text{suma 1 a la coordenada} \\ i - 1 & \text{resta 1 a la coordenada} \\ i & \text{identidad} \end{cases} \quad (6.2)$$

De esta forma, la vecindad de Moore en una dimensión es  $i_1 * 1$ :  $i_1 + 1$ ,  $i_1 - 1$ , y  $i_1$ . En dos dimensiones la vecindad de Moore esta definida por  $(i_1 * 1, i_2 * 1)$  es decir  $\{(i_1, i_2), (i_1, i_2 + 1), (i_1, i_2 - 1), (i_1 - 1, i_2), (i_1 - 1, i_2 + 1), (i_1 - 1, i_2 - 1), (i_1 + 1, i_2), (i_1 + 1, i_2 - 1), (i_1 + 1, i_2 + 1)\}$ .

### 6.1.5 Traslape

**Definición 6.2** (Traslape). *Dado un conjunto  $\mathbb{V}$  compuesto por vecindades y dos elementos  $v_r$  y  $w_r$  que pertenecen a dicho conjunto. El traslape entre  $v_r$  y  $w_r$  esta definido como las células que pertenecen a ambas vecindades y se denota por  $t = v_r \cap w_r$ .*

---

<sup>1</sup>Por razones de economía únicamente vamos a presentar los índices  $i_1 i_2 i_3 \dots i_n$  de  $x_{i_1 i_2 i_3 \dots i_n}$ . Sin embargo es claro que nos estamos refiriendo a la célula  $x$ .

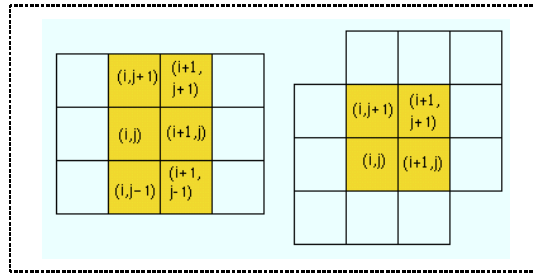


Figura 6.1: Traslape entre dos vecindades

**Definición 6.3** (Índice de traslape). *Dado un conjunto  $\mathbb{V}$  compuesto por vecindades y dos elementos  $v_r$  y  $w_r$  que pertenecen a dicho conjunto. El índice de traslape  $\tau(v_r, w_r)$  de  $v_r$  y  $w_r$  está definido como la cardinalidad del traslape entre la cardinalidad de las vecindades que se traslapan  $\tau(v_r, w_r) = \frac{|v_r \cap w_r|}{|v_r|}$ .*

## 6.2 Traslape en la vecindad de Moore

Una vez definida la vecindad de Moore y el concepto de traslape vamos a calcular el traslape de esta vecindad en  $n$  dimensiones.

La vecindad de Moore en el plano está definida como una vecindad de nueve células:

$$\begin{array}{ccccc} (i-1, j+1) & (i, j+1) & (i+1, j+1) & & \\ & (i-1, j) & (i, j) & (i+1, j) & \\ (i-1, j-1) & (i, j-1) & (i+1, j-1) & & \end{array}$$

La vecindad de la célula  $(i+1, j)$  se traslapa con la vecindad de  $(i, j)$  en las células

$$\begin{array}{ccccc} & (i, j+1) & (i+1, j+1) & & \\ & (i, j) & (i+1, j) & & \\ & (i, j-1) & (i+1, j-1) & & \end{array}$$

Aunque el concepto de la vecindad de Moore surge en 2 dimensiones, se puede extrapolar (como ya lo hicimos) a otros espacios y realizar el análisis de propiedades como el traslape y el índice de traslape. Antes de generalizar el traslape en  $n$  dimensiones, analizaremos el traslape de la vecindad de Moore para una, dos y tres dimensiones.

### 6.2.1 Traslape de vecindades de Moore en una dimensión

Dadas dos vecindades la forma en que pueden traslaparse esta determinada por la cercanía de la vecindad en que se esta trasladando. Por ejemplo si se tienen dos vecindades de 5 células, las maneras en que pueden traslaparse y su índice de traslape se ilustra a continuación.

En una dimensión, con una vecindad de Moore de radio  $r = 2$ , para una célula central dada se tienen diferentes tipos de traslapes hacia la izquierda y derecha.

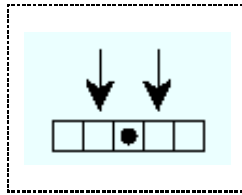


Figura 6.2: Traslape hacia la izquierda o derecha

Hacia la izquierda se tienen como vecinos de la vecindad  $x_0$  como se identifica en la figura 6.2 y 6.3 a las vecindades  $x_1$ ,  $x_2$ ,  $x_3$  y  $x_4$ . Las células que se traslapen en cada una de ellas son 4, 3, 2 y 1 respectivamente. Y los índices de traslapes se calculan como:

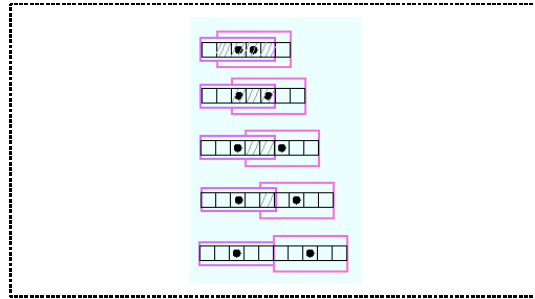


Figura 6.3: Traslape sobre las distintas células izquierdas

$$x_{-2}x_{-1}x_0x_1x_2 \cap x_{-1}x_0x_1x_2x_3 = \frac{|x_{-1}x_0x_1x_2|}{|v_2|} = \frac{4}{5}$$

$$x_{-2}x_{-1}x_0x_1x_2 \cap x_0x_1x_2x_3x_4 = \frac{|x_0x_1x_2|}{|v_2|} = \frac{3}{5}$$

$$x_{-2}x_{-1}x_0x_1x_2 \cap x_1x_2x_3x_4x_5 = \frac{|x_1x_2|}{|v_2|} = \frac{2}{5}$$

$$x_{-2}x_{-1}x_0x_1x_2 \cap x_2x_3x_4x_5x_6 = \frac{|x_2|}{|v_2|} = \frac{1}{5}$$

Puede observarse que cuando las vecindades que se traslapan pertenecen a células contiguas inmediatas, el valor del traslape y de su índice es el máximo.<sup>2</sup>

### 6.2.2 Traslapes de vecindades de Moore en dos dimensiones

Una de las características relevantes del esquema de Moore es la riqueza de formas de traslapes de sus vecindades conforme aumenta la dimensión del espacio. Por ejemplo, en dos dimensiones, si se considera el traslape en la vecindad de la célula más cercana se tienen dos grupos de equivalencia. Los traslapes 1,3,5 y 7 (ver figura 6.4), forman el primer grupo, y surgen de tomar como vecinos a las células ortogonales. El segundo grupo, formado por los traslapes 2,4,6 y 8, se consigue con el traslape de las células en la diagonal. Podemos decir entonces que en esencia existen dos diferentes traslapes, aquel que se da con las células diagonales y el que se da con las células ortogonales.

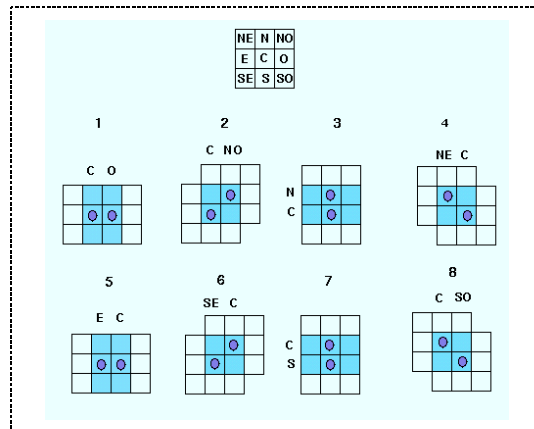


Figura 6.4: Traslape de vecindades que pertenecen a la células contiguas inmediatas en dos dimensiones

<sup>2</sup>En nuestros futuros análisis sólo tomaremos en cuenta en traslape con la célula contigua inmediata ya que nos interesa el peor de los traslapes.

De los dos traslapes encontrados hay uno que involucra más células. El número de células que se traslapan en el traslape ortogonal son 6, y el número de células que se traslapan en el traslape diagonal son 4. En el grupo 1,3,5,7 el traslape es de 6/9 y en el grupo 2,4,6 y 8 es de 4/9. El cálculo de traslape que se toma es el más alto (6/9), con el fin de tener el límite superior, es decir: el peor de los casos.

Si obtenemos una célula representativa de cada grupo, digamos a las células  $(i + 1, j)$  y  $(i + 1, j + 1)$ , estas son llamadas los vecinos contiguos de la célula  $(i, j)$ . Estas células son las células representativas de los grupos de los diferentes tipos de traslape que puede tener la célula central y son además las células centrales de las vecindades con las que la vecindad de  $(i, j)$  se esta traslapando.

### 6.2.3 Traslape de vecindades de Moore en tres dimensiones

La célula central en una vecindad de Moore en tres dimensiones tiene como vecinas inmediatas a 26 células: 6 en sus caras laterales, 12 a través de cada arista y, 8 asociados a cada vértice; según se presenta en la figura 6.5.

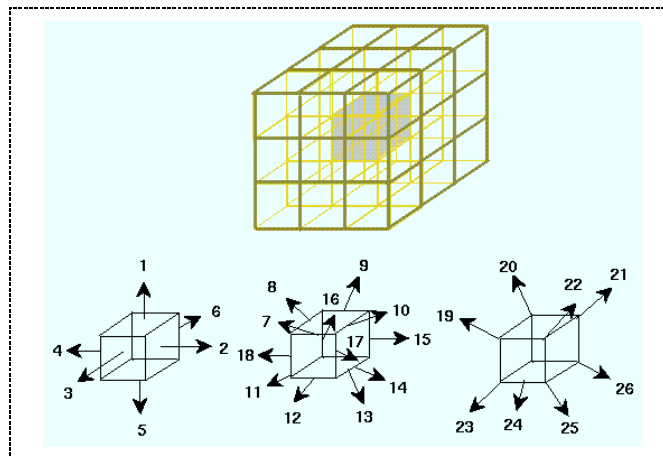


Figura 6.5: Vecinos contiguos inmediatos en tres dimensiones en una vecindad de Moore

De estas posibilidades la que mayor número de células involucra es la vecina ortogonal bajo los ejes  $x, y, z$  (ver figura 6.6).

Del resultado anterior se desprende que aparentemente existen 26 maneras posibles de traslaparse (una por cada célula vecina); sin embargo, si tomamos en cuenta las clases de equivalencia,

se obtienen únicamente tres posibles traslapes determinados por cada uno de los casos presentados en la figura 6.6, correspondientes a las caras laterales, con vecinos ortogonales y a las aristas

Aunque aparentemente existen 26 posibles maneras de traslaparse, si se toman en cuenta las equivalencias entre los traslapes, se obtienen únicamente tres posibles traslapes diferentes; determinados por cada uno de los casos presentados en la figura 6.6, correspondientes a las caras laterales, a las aristas y a los vértices. Si tomamos a las células  $(i + 1, j, l)$ ,  $(i + 1, j + 1, j)$  y  $(i + 1, j + 1, l + 1)$  como representativas de los tres posibles traslapes y por lo tanto como las células centrales de las vecindades con las que se traslapa  $(i, j, l)$ . Podemos ver en la siguiente tabla los traslapes y los índices de traslape para sus tres opciones:

célula central (vecindad)	No. células que traslapa	índice del traslape
$(i + 1, j, l)$	18	18/27
$(i + 1, j + 1, l)$	12	12/27
$(i + 1, j + 1, l + 1)$	8	8/27

Las células  $(i + 1, j, l)$ ,  $(i + 1, j + 1, j)$  y  $(i + 1, j + 1, l + 1)$  mismas que representan a los tres grupos en que se clasifican las 26 vecinas iniciales, son conocidos como vecinos contiguos. En este caso se toma como valor del traslape de la vecindad de Moore en tres dimensiones a 18/27 que es el traslape que involucra más células.

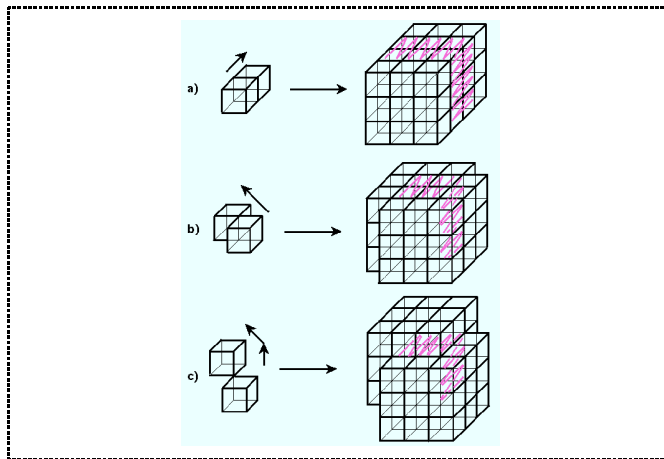


Figura 6.6: Traslapes con vecinas contiguas inmediatas en tres dimensiones con vecindad de Moore

Otra manera de calcular a todos los posibles tipos de traslapes de la vecindad de Moore es



identificar a los vecinos contiguos. Si tenemos el número de vecinos contiguos de la vecindad de Moore para cualquier dimensión, el paso que resta para obtener su traslape en  $n$  dimensiones para cada una de las vecindades contiguas, es calcular su índice y tomar el valor más grande. Veamos como se obtiene el número de vecinos contiguos (vecindades contiguas) en  $n$  dimensiones:

### 6.2.4 Vecinas contiguas inmediatas en cualquier dimensión

El cálculo de las vecinas contiguas en cualquier dimensión además de representar a todos los tipos de traslapes de la vecindad de Moore, tiene un alcance más general y puede aplicarse a cualquier tipo de vecindad. En realidad ellos representan todas las posibilidades de vecindades donde podría tenerse un traslape. Empecemos por analizar el cálculo de los vecinos contiguos inmediatos en 1 dimensión.

#### Vecinas contiguas inmediatas en una dimensión

En una dimensión los traslapes se pueden dar por la derecha o izquierda de una vecindad dada. Las células contiguas en las que se traslapan dos vecindades se pueden dar en alguna de las dos direcciones con que cuenta el espacio. Existe entonces únicamente el traslape por medio de la célula ortogonal y aunque hay dos maneras de hacerlo, una de ellas es suficiente para representar todas las formas. En el espacio unidimensional entonces una vecindad en  $i$  puede traslaparse con una vecindad en  $i + 1$ . (ver figura 6.7-a)

#### Vecinas contiguas inmediatas en dos dimensiones

En dos dimensiones existen dos diferentes maneras de llevar a cabo el traslape: la célula ortogonal y la diagonal. Una vecindad en  $(i, j)$  se puede traslapar en las vecindades de  $(i+1, j)$  y  $(i+1, j+1)$ . (ver figura 6.7-b)

#### Vecinas inmediatas en tres dimensiones

En tres dimensiones, una vecindad en  $(i, j, k)$  puede traslaparse en las vecindades de  $(i + 1, j, k)$ ,  $(i + 1, j + 1, k)$ ,  $(i + 1, j + 1, k + 1)$ . (ver figura 6.7-c)

Existen varias maneras de representar a la vecindad del traslape. En una dimensión se pudo elegir a  $i - 1$  en lugar de  $i + 1$ . En dos dimensiones las vecindades de  $(i - 1, j + 1)$ ,  $(i + 1, j - 1)$ ,  $(i - 1, j - 1)$  pudieron ser las vecindades que podían representar el traslape diagonal en lugar de  $(i + 1, j + 1)$ . Y el traslape ortogonal pudo representarse con las vecindades de  $(i, j - 1)$ ,  $(i - 1, j)$ ,  $(i, j + 1)$  en lugar de  $(i + 1, j)$ . En tres dimensiones existen muchas más

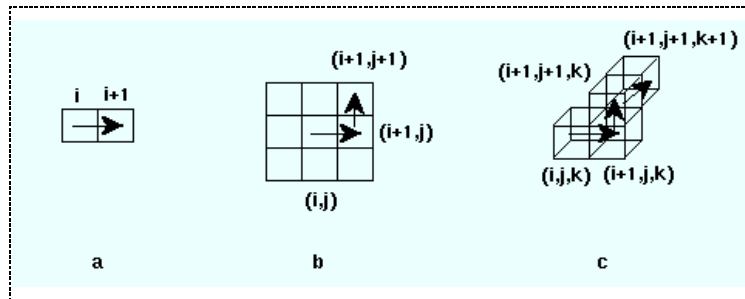


Figura 6.7: Vecinos contiguos inmediatos en una, dos y tres dimensiones en tres

formas de representar los tres diferentes tipos de traslape que son posibles. Aquí nos decidimos por una de todas las posibilidades, definida de la siguiente manera:

*Si se desea tener los diferentes traslapes de una dimensión dada, la suma secuencial de una posición en cada una de las coordenadas nos da las células en que se encuentran las vecindades del traslape.*

### Generación de las células vecinas inmediatas

De esta manera en una dimensión la suma de una posición a su coordenada nos da  $i + 1$ , en dos dimensiones dada la coordenada  $(i, j)$  la suma secuencial de una posición en cada una de las coordenadas nos da  $(i + 1, j)$  y  $(i + 1, j + 1)$ . En tres dimensiones dada la coordenada  $(i, j, k)$  la suma secuencial de una posición en cada una de las coordenadas nos da  $(i + 1, j, k)$ ,  $(i + 1, j + 1, k)$ ,  $(i + 1, j + 1, k + 1)$ . En cuatro dimensiones para  $(i, j, k, l)$  las células de vecindades inmediatas donde se dan los diferentes tipos de traslape son  $(i + 1, j, k, l)$ ,  $(i + 1, j + 1, k, l)$ ,  $(i + 1, j + 1, k + 1, l)$ ,  $(i + 1, j + 1, k + 1, l + 1)$

**Definición 6.4** (Células vecinas inmediatas en  $n$  dimensiones). *En general para  $n$  dimensiones las células de vecindades inmediatas para  $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_n)$  esta dada por:*

$$\begin{aligned}
 & (i_1 + 1, i_2, i_3, i_3, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, i_4, \dots, i_n), \\
 & (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, i_4, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, i_4 + 1, \dots, i_n), \\
 & (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, i_4 + 1, \dots, i_n + 1)
 \end{aligned} \tag{6.3}$$

Note que en el caso de 1 dimensión, la célula que representa los diferentes traslapes es 1, en dos dimensiones los diferentes traslapes son 2, en tres dimensiones los diferentes traslapes son 3, en cuatro dimensiones los diferentes traslapes son 4 y el caso de  $n$  dimensión es  $n$ .

De lo anterior tenemos el siguientes resultados generales:

**Proposición 6.1** (Número de vecindades inmediatas en  $n$  dimensiones). *Dada cualquier vecindad, en un espacio de  $n$  dimensiones el número de células vecinas inmediatas contiguas es  $n$ .*

**Demostración.** *Número de vecindades inmediatas en  $n$  dimensiones.* Dado que la célula de la vecindad inmediata contigua en un espacio de  $n$  dimensiones esta definida por el traslado de una posición en cualquier eje (definición 6.4).

$$\begin{aligned} & (i_1 + 1, i_2, i_3, i_4, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, i_4, \dots, i_n), \\ & (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, i_4, \dots, n), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, i_4 + 1, \dots, i_n), \\ & (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, i_4 + 1, \dots, i_n + 1) \end{aligned}$$

Entonces existe una célula vecina por cada diferente coordenada. Por lo tanto en  $n$  dimensiones existen  $n$  posibles vecindades inmediatas con que se realiza el traslapes. □

Antes de iniciar la discusión del traslape y el índice de traslape en la vecindad de Moore, se muestra el número de células que esta vecindad tienen en  $n$  dimensiones.

**Proposición 6.2** (Número de células en la vecindad de Moore). *Dada una vecindad de Moore y un radio  $r = 1$ . El número de células de esta vecindad para cualquier dimensión  $n$  es igual a  $3^n$ .*

**Demostración.** *Número de células-vecindad de Moore.* Suponga que en efecto  $3^n$  el número de células en cualquier dimensión .

Por inducción tenemos que para  $n = 1$ ,  $3^1 = 3$  se cumple.

Suponemos que se cumple para  $n = k$ . Es decir que para  $n = k$  el número de células en la vecindad de Moore es igual a

$$3^k$$

Debemos mostrar entonces que para  $n = k + 1$  el número de células en la vecindad de Moore es igual a  $3^{k+1}$

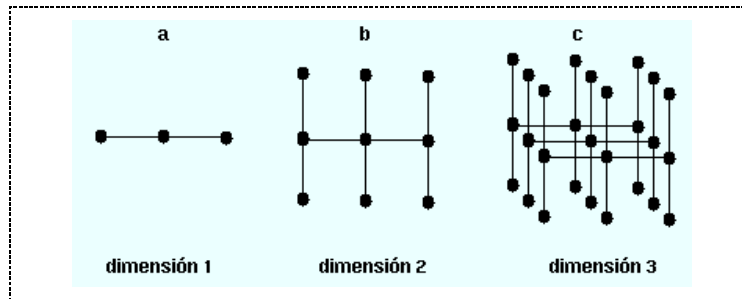


Figura 6.8: Vecindad de Moore en varias dimensiones

Dada la dimensión  $n = 1$  se tiene que el número de células de la vecindad de Moore es de  $3 = 33^0$  (ver fig 6.8-a). Para  $n = 2$  el número de células es de  $9 = 33^1$  (ver fig 6.8-b). Para  $n = 3$  el número de células es de  $27 = 33^2$  (ver fig 6.8-c). En general podemos decir que el número de células de la vecindad de Moore en cualquier dimensión dada es igual al número de células de la generación anterior por 3:

$$33^{n-1}$$

Si  $n = k + 1$  y sustituimos en  $33^{n-1}$  se tiene que  $33^{(k+1)-1} = 33^k = 3^{k+1}$

□

### 6.2.5 Traslape de vecindades de Moore en $n$ dimensiones

Una vez que se tiene el número de células de la vecindad de Moore en  $n$  dimensiones pasamos a calcular cuantas células se traslapan así como el índice de traslape en  $n$  dimensiones.

#### Traslape de las vecindades de Moore en 1 dimensión

En una dimensión dada la célula  $i$ , su vecindad de Moore correspondiente será:  $i * 1$ , es decir  $i - 1, i, i + 1$ . La célula contigua a esta vecindad es la célula  $i + 1$ . Si calculamos la vecindad asociada a esta célula se tiene a:  $i, i + 1, i + 2$ , en donde se traslapan dos células con la vecindad de  $i$ , a saber:  $i, i + 1$ .

Una célula en dos dimensiones  $(i, j)$ , tiene la siguiente vecindad de Moore:  $(i, j), (i + 1, j), (i - 1, j), (i, j + 1), (i + 1, j + 1), (i - 1, j + 1), (i, j - 1), (i + 1, j - 1), (i - 1, j - 1)$ . Las células contiguas con respecto a  $(i, j)$  en dos dimensiones son  $(i + 1, j), (i + 1, j + 1)$ . Si calculamos

las vecindades de Moore para estas células contiguas, tenemos que para  $(i + 1, j)$  la vecindad de Moore  $(i + 1 * 1, j * 1)$  esta conformada de las siguientes células:  $(i + 1, j)$ ,  $(i + 2, j)$ ,  $(i, j)$ ,  $(i + 1, j + 1)$ ,  $(i + 2, j + 1)$ ,  $(i, j + 1)$ ,  $(i + 1, j - 1)$ ,  $(i + 2, j - 1)$ ,  $(i, j - 1)$ . Donde existe un traslape con la vecindad original, a saber:  $(i + 1, j)$ ,  $(i, j)$ ,  $(i + 1, j + 1)$ ,  $(i, j + 1)$ ,  $(i + 1, j - 1)$ ,  $(i, j - 1)$  (total de 6 células). Realizando el mismo cálculo para  $(i + 1, j + 1)$ , se tiene que su vecindad de Moore  $(i + 1 * 1, j + 1 * 1)$  esta formada de las células:  $(i + 1, j + 1)$ ,  $(i + 2, j + 1)$ ,  $(i, j + 1)$ ,  $(i + 1, j + 2)$ ,  $(i + 2, j + 2)$ ,  $(i, j + 2)$ ,  $(i + 1, j)$ ,  $(i + 2, j)$ ,  $(i, j)$ . Misma que se traslapa con la vecindad original en las 4 siguientes células:  $(i + 1, j + 1)$ ,  $(i, j + 1)$ ,  $(i + 1, j)$ ,  $(i, j)$ .

A partir de esto se pueden hacer las siguientes observaciones:

1. La vecindad que menos células rechaza como traslapes es la vecindad  $(i + 1, j)$  ya que esta sólo suma uno<sup>3</sup>.
2. La siguiente vecindad dado que suma uno a las dos coordenadas rechaza más células de la posibilidad de traslape.
3. El total de células de la vecindad de Moore en dos dimensiones es de  $3 \times 3 = 9$  dado su espacio  $(i * 1, j * 1)$  con tres posibilidades cada una de sus coordenadas (por los operadores de +, -, e identidad), dado que la combinación de la suma de 1 en la coordenada (en la generación de vecindades contiguas) con el operador + desecha células a traslapar, si omitimos las células que se dan de esta combinación tendremos que el número de células que se traslapa para la vecindad  $(i + 1, j)$  es de  $2 \times 3 = 6$  y para la vecindad  $(i + 1, j + 1)$  es de  $2 \times 2 = 4$ .

Después de estas observaciones vamos a calcular el número de células que se traslapan bajo la vecindad de Moore en  $n$  dimensiones.

**Proposición 6.3** (Traslape de vecindades de Moore contiguas). *Dadas dos vecindades  $v_1$  y  $w_1$  de Moore contiguas, cuyas vecindades centrales son contiguas inmediatas. Entonces el mayor número que se traslapan en  $n$  dimensión es  $|v_1 \cap w_1|$  es igual a  $2(3^{n-1})$ .*

**Demostración.** *Traslape de vecindades de Moore contiguas inmediatas.* Dada la vecindad de Moore en  $n$  dimensiones  $(i_1 * 1, i_2 * 1, i_3 * 1, \dots, i_n * 1)$  con un total de  $3^n$  células (3 posibilidades por cada coordenada donde  $n$  es el número de coordenadas). Y dadas las  $n$  vecinas contiguas en  $n$  dimensiones:  $(i_i + 1, i_2, i_3, \dots, i_n)$ ,  $(i_i + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n)$ ,  $(i_i + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n)$ ,  $\dots$ ,  $(i_i + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n + 1)$ .

---

<sup>3</sup>La causa de que las células no tomen parte del traslape es que estas reciban una suma que haga que su índice tome el valor de 2, o que dos o más elementos tengan la suma de 1 a su índice

El número de células que se traslapan en la vecindad  $(i_i + 1, i_2, i_3, \dots, i_n)$  es de  $2 \times 3 \times 3, \dots \times 3$ . El número de células que se traslapan en la vecindad  $(i_i + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n)$  es de  $2 \times 2 \times 3, \dots \times 3$ . El número de células que se traslapan en la vecindad  $(i_i + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n)$  es de  $2 \times 2 \times 2, \dots \times 3$ . Finalmente el número de células que se traslapan en la vecindad  $(i_i + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n + 1)$  es de  $2 \times 2 \times 2, \dots \times 2$ . El caso donde más células se traslapan se dá en la vecindad  $(i_i + 1, i_2, i_3, \dots, i_n)$  con  $2 \times 3 \times 3, \dots \times 3 = 2 \times 3^{n-1} = 3^{n-1} + 3^{n-1}$ . Ya que  $2 \times 3 \times 3, \dots \times 3 = 2 \times 3^{n-1} > 2 \times 2 \times 3, \dots \times 3 = 2^2 \times 3^{n-2} > 2 \times 2 \times 2, \dots \times 3 = 2^3 \times 3^{n-3} > \dots 2 \times 2 \times 2, \dots \times 2 = 2^n \times 3^{n-n} = 2^n$ . Por lo tanto en  $n$  dimensiones el máximo número que se traslapa es  $2(3^{n-1})$ .

□

**Proposición 6.4** (Índice de traslape en vecindad de Moore). *Dada una vecindad de Moore, si se considera el máximo traslape con la vecindad de la célula contigua inmediata. Entonces el índice de traslape en  $n$  dimensión es  $\tau(v_1, w_1) = \frac{|v_1 \cap w_1|}{|v_1|} = \frac{2}{3}$ , para cualquier  $v_1$  y  $w_1$ .*

**Demostración.** *Índice de traslape en vecindad de Moore.* Dado que el índice de traslape esta definido como  $\frac{|v_1 \cap w_1|}{|v_1|}$ . Se necesita realizar su cálculo en  $n$  dimensiones. Por la proposición 6.2 sabemos que el número de células de la vecindad de Moore en  $n$  dimensiones  $|v_1| = 3^n$ . Y por el teorema 6.3 sabemos que  $|v_1 \cap w_1| = 2(3^{n-1})$  en  $n$  dimensiones. Entonces

$$\begin{aligned} \frac{|v_1 \cap w_1|}{|v_1|} &= \frac{3^{n-1} + 3^{n-1}}{3^n} \\ &= \frac{2(3^{n-1})}{3^n} \\ &= \frac{2(3^{n-1}) \left(\frac{1}{3^{n-1}}\right)}{3^n \left(\frac{1}{3^{n-1}}\right)} \\ &= \frac{2}{3} \end{aligned}$$

Por lo tanto el índice de traslape de dos vecindades de Moore inmediatas en  $n$  dimensiones es igual a  $\frac{2}{3}$

□

Para ilustrar el resultado anterior considere la traslape en  $n = 1$ , sustituyendo se obtiene  $3^0 + 3^0 = 2$ , lo que dividido entre el total de células da  $2/3$ . En dos dimensiones  $n = 2$ , se tiene que  $3^1 + 3^1 = 6$  entre el total de células de la vecindad da  $6/9 = 2/3$ . Cuando  $n = 3$  (el espacio)  $3^2 + 3^2 = 18$  entre  $3^3 = 27$  es igual a  $18/27 = 2/3$ .

## 6.3 Traslape en la vecindad de von Neumann

La vecindad de von Neumann fue diseñada con la idea de optimizar espacio, por lo que tiene un traslape que difiere en gran medida al traslape de la vecindad de Moore. Para empezar, la vecindad de von Neumann está definida por las siguientes 5 células:  $(i, j), (i, j + 1), (i, j - 1), (i + 1, j), (i - 1, j)$ , con un poco más de la mitad de células que la vecindad de Moore, diferencia considerable que se irá incrementando rápidamente conforme aumenta la dimensión.

Para llevar a cabo el cálculo del índice de traslape, primero se calcula la traslape entre las células. Para lograr esto, se llevan a cabo dos pasos:

1. Generación de las células contiguas y
2. Formación de la vecindad de von Neumann para cada célula contigua.

Dada la célula  $(i, j)$  su vecindad de von Neumann asociada es la unión de las células generadas por  $(i * 1, j), (i, j * 1)$  es decir  $\{(i + 1, j), (i - 1, j), (i, j)\} \cup \{(i, j + 1), (i, j - 1), (i, j)\}$  lo que da como resultado a  $(i, j), (i + 1, j), (i - 1, j), (i, j + 1), (i, j - 1)$ . De manera que si se tiene por ejemplo la célula  $(i + 1, j)$  su vecindad asociada von Neumann es  $((i + 1) * 1, j), (i + 1, j * 1)$  es decir, la unión de  $(i + 1, j), (i + 2, j), (i, j), (i + 1, j), (i + 1, j + 1), (i + 1, j - 1)$  lo que da como resultado  $(i + 1, j), (i + 2, j), (i, j), (i + 1, j + 1), (i + 1, j - 1)$  <sup>4</sup>

### 6.3.1 Traslape de vecindades von Neumann en una dimensión

En una dimensión se tiene como célula a  $i$ , con una célula vecina contigua  $i + 1$ . La vecindad de  $i$  esta formada por las células  $i * 1$  o  $i, i + 1$  y  $i - 1$  y la vecindad de  $i + 1$  esta definida por  $((i + 1) * 1)$ , es decir  $i + 2, i + 1$  e  $i$ . De manera que vecindades von Neumann de  $i$  e  $i + 1$  se traslapan en las células  $i + 1$  e  $i$ .

### 6.3.2 Traslape de vecindades von Neumann en dos dimensiones

En dos dimensiones la célula  $(i, j)$ , tiene como vecindades contiguas aquellas cuyas células centrales son  $(i + 1, j)$  y  $(i + 1, j + 1)$ . Como sabemos la célula  $(i, j)$  forma la vecindad de von Neumann con las células  $(i * 1, j), (i, j * 1)$  o  $(i, j), (i + 1, j), (i - 1, j), (i, j - 1), (i, j + 1)$ . Si calculamos las vecindades de las células candidatas a vecinas inmediatas tenemos que  $(i + 1, j)$  tiene

---

<sup>4</sup>En las siguientes operaciones para calcular la vecindad de von Neumann asociada se considerará a la unión como una operación implícita, es decir, si hay una célula que se repite únicamente se tomará en cuenta una vez.

una vecindad de  $((i+1)*1, j), (i+1, j*1)$  es decir  $(i+1, j), (i+2, j), (i, j), (i+1, j+1), (i+1, j-1)$ . Por lo que las células que se traslapan son:  $(i, j)$  y  $(i+1, j)$ . La otra célula vecina candidata  $(i+1, j+1)$ , tiene como vecindad de von Neumann a  $((i+1)*1, j+1) (i+1, (j+1)*1)$  es decir  $(i+1, j+1) (i+2, j+1), (i, j+1), (i+1, j+2), (i+1, j)$ , donde las dos células que se traslapan con la vecindad de  $(i, j)$  son:  $(i+1, j)$  e  $(i, j+1)$ .

### 6.3.3 Traslape de vecindades von Neumann en tres y cuatro dimensiones

Tomando en cuenta que la vecindad de von Neumann en tres dimensiones es:

$$\begin{aligned} (i, j, k), (i+1, j, k), (i-1, j, k), (i, j+1, k), \\ (i, j-1, k), (i, j, k+1), (i, j, k-1) \end{aligned} \quad (6.4)$$

y que en cuatro dimensiones es:

$$\begin{aligned} (i+1, j, k, l), (i-1, j, k, l), (i, j+1, k, l), (i, j-1, k, l), \\ (i, j, k+1, l), (i, j, k-1, l), (i, j, k, l+1), (i, j, k, l-1), (i, j, k, l) \end{aligned} \quad (6.5)$$

El resultado del traslape en 3 y 4 dimensiones se muestra en la tabla 6.1.<sup>5</sup>

En general se obtiene el siguiente resultado:

**Proposición 6.5** (Traslape en vecindades de von Neumann). *Dadas dos vecindades de von Neumann contiguas. Si tomamos el traslape que involucra el mayor número de células, se tiene que el número de células que se traslapan  $|x \cap y|$ , para cualquier dimensión  $n$  donde  $n \in \mathbb{N}$ , es a lo más 2*

**Demostración.** *Traslape en vecindades de von Neumann.* Sea  $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_n)$  un espacio de  $n$  dimensiones. La vecindad de von Neumann en dicho espacio es  $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_n), (i_1+1, i_2, i_3, \dots, i_n), (i_1-1, i_2, i_3, \dots, i_n), (i_1, i_2+1, i_3, \dots, i_n), (i_1, i_2-1, i_3, \dots, i_n), (i_1, i_2, i_3+1, \dots, i_n), (i_1, i_2, i_3-1, \dots, i_n), \dots, (i_1, i_2, i_3, \dots, i_n+1), (i_1, i_2, i_3, \dots, i_n-1)$ . Dado que las posibles células contiguas de tal vecindad son:  $(i_1+1, i_2, i_3, \dots, i_n), (i_1+1, i_2+1, i_3, \dots, i_n), (i_1+1, i_2+1, i_3+1, \dots, i_n), \dots, (i_1+1, i_2+1, i_3+1, \dots, i_n+1)$

Las vecindad de la célula contigua  $(i_1+1, i_2, i_3, \dots, i_n)$  es:

$$(i_1+1, i_2, i_3, \dots, i_n), (i_1+2, i_2, i_3, \dots, i_n), (i_1, i_2, i_3, \dots, i_n), (i_1+1, i_2+1, i_3, \dots, i_n), (i_1+1, i_2-$$

<sup>5</sup>En la tabla 6.1 se asume que la vecindad von Neumann candidata también incluye a la vecina candidata.



Tabla 6.1: Vecinos y traslapos

dimensión	vecina candidata	vecindad candidata	traslape
<b>3</b> $(i,j,k)$	$(i+1,j,k)$	$(i+2,j,k), (i,j,k)$ $(i+1,j+1,k), (i+1,j-1,k)$ $(i+1,j,k+1), (i+1,j,k-1)$	$(i,j,k), (i+1,j,k)$
	$(i+1,j+1,k)$	$(i+2,j+1,k), (i,j+1,k)$ $(i+1,j+2,k), (i+1,j,k)$ $(i+1,j+1,k+1), (i+1,j+1,k-1)$	$(i+1,j,k), (i,j+1,k)$
	$(i+1,j+1,k+1)$	$(i+2,j+1,k+1), (i,j+1,k+1)$ $(i+1,j+2,k+1), (i+1,j,k+1)$ $(i+1,j+1,k+2), (i+1,j+1,k)$	Ninguno
<b>4</b> $(i,j,k,l)$	$(i+1,j,k,l)$	$(i+2,j,k,l), (i,j,k,l)$ $(i+1,j+1,k,l), (i+1,j-1,k,l)$ $(i+1,j,k+1,l), (i+1,j,k-1,l)$ $(i+1,j,k,l+1), (i+1,j,k,l-1)$	$(i+1,j,k,l), (i,j,k,l)$
	$(i+1,j+1,k,l)$	$(i+2,j+1,k,l), (i,j+1,k,l)$ $(i+1,j+2,k,l), (i+1,j,k,l)$ $(i+1,j+1,k+1,l), (i+1,j+1,k-1,l)$ $(i+1,j+1,k,l+1), (i+1,j+1,k,l-1)$	$(i,j+1,k,l), (i+1,j,k,l)$
	$(i+1,j+1,k+1,l)$	$(i+2,j+1,k+1,l), (i,j+1,k+1,l)$ $(i+1,j+2,k+1,l), (i+1,j,k+1,l)$ $(i+1,j+1,k+2,l), (i+1,j+1,k,l)$ $(i+1,j+1,k+1,l+1), (i+1,j+1,k+1,l-1)$	Ninguno
	$(i+1,j+1,k+1,l+1)$	$(i+2,j+1,k+1,l+1), (i,j+1,k+1,l+1)$ $(i+1,j+2,k+1,l+1), (i+1,j,k+1,l+1)$ $(i+1,j+1,k+2,l+1), (i+1,j+1,k,l+1)$ $(i+1,j+1,k+1,l+2), (i+1,j+1,k+1,l)$	Ninguno

$1, i_3, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2, i_3 + 1, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2, i_3 - 1, \dots, i_n), \dots, (i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_n + 1), (i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_n - 1)$  que se traslapa en  $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_n)$ , y  $(i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_n)$ , con respecto a la vecindad de  $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_n)$ .

La vecindad de la célula contigua  $(i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_n)$  es:

$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n), (i_1 + 2, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n), (i_1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2 + 2, i_3, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 - 1, \dots, i_n), \dots, (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n + 1), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n - 1)$  que se traslapa en  $(i_1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n)$ , y  $(i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_n)$ . y la vecindad de la célula contigua  $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n)$ :

$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n), (i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n), (i_1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2, i_3 + 1, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 2, \dots, i_n), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n), \dots, (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n + 1), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n - 1)$  que no se traslapa en ninguna de sus células.

y finalmente la vecindad de  $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n + 1)$ ,

$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n + 1), (i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n + 1), (i_1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n + 1), (i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_n + 1), (i_1 + 1, i_2, i_3 + 1, \dots, i_n + 1), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 2, \dots, i_n + 1), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_n + 1), \dots, (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n + 2), (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_n)$  que no se traslapa en ninguna de sus células.

Sólo dos vecindades se traslapan en 2 células y el resto en ninguna de ellas, por lo tanto el máximo valor de las células que se traslapan es 2. □

Una vez obtenido el número de células que se traslapan vamos a analizar el número de células en una vecindad de von Neumann en  $n$  dimensiones: En el caso de la vecindad de von Neumann sólo se tienen vecinos ortogonales, por lo cual en una dimensión bajo el radio  $r = 1$ , los vecinos ortogonales más la célula central dan el valor de 3. En otros términos una dimensión es un espacio con dos direcciones (ver fig 6.9-a); dado que hay un vecino en cada dirección de la célula central en total se tienen a 3 células en la vecindad. En dos direcciones se tienen 4 direcciones (dos por cada eje) que sumada a la célula central da un total de 5 células a la vecindad (ver fig 6.9-b). En tres dimensiones se tienen 6 direcciones (2 por cada eje) más la célula central para dar un total de 7 células. Cada eje representa una dimensión (ver fig 6.9) por lo cual en general podemos establecer que el tamaño de la vecindad en la dimensión  $n$  es de dos vecinos por cada dimensión más la célula central  $2n + 1$ ; como lo demuestra la proposición 6.6.

**Proposición 6.6** (Número de células-vecindad de von Neumann). *Dada una vecindad de von Neumann y un radio  $r = 1$ . El número de células de esta vecindad para cualquier dimensión  $n$  es igual a  $2n + 1$ .*

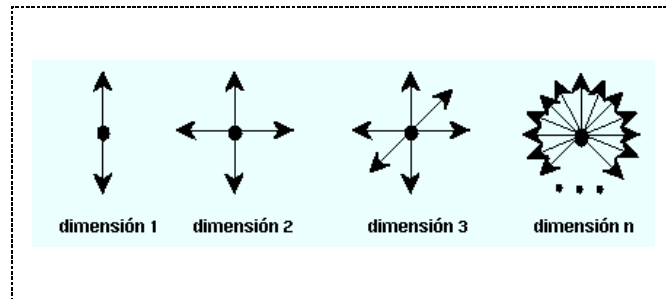


Figura 6.9: Vecindad de von Neumann en varias dimensiones

**Demostración.** *Número de células-vecindad von Neumann.* Si se toman los valores de las células de la vecindad para cada dimensión como una suma  $\sum_{i=0}^n 2i + 1$  se tiene  $1 + 3 + 5 + 7 + \dots + 2n + 1 = n(n + 1) + 1$ . Donde el  $n$ -ésimo elemento de la suma es  $2n + 1$ .

Por inducción tenemos que para  $n = 1$ ,

$$n(n + 2) + 1 = 4$$

se cumple.

Suponemos que se cumple para  $n = k$ . Es decir que para  $n = k$  la suma es igual a  $k(k + 2) + 1$ . es decir:

$$1 + 3 + 5 + 7 + \dots + 2k + 1 = k(k + 2) + 1$$

Debemos mostrar entonces que para  $n = k + 1$  la suma es igual a  $k^2 + 4k + 4$ . es decir:

$$1 + 3 + 5 + 7 + \dots + 2(k + 1) + 1 = k^2 + 4k + 4$$

Ya que si sustituimos a  $n = k + 1$  en  $n(n + 2) + 1$  tenemos  $(k + 1)((k + 1) + 2) + 1 = (k + 1)(k + 3) + 1 = k^2 + 3k + k + 3 + 1 = k^2 + 4k + 4$

Para demostrar que se cumple para  $n = k + 1$  se tiene :

$$\begin{aligned}
1 + 3 + 5 + 7 + \dots + (2(k+1) + 1) &= (1 + 3 + 5 + 7 + \dots + 2k + 1) \\
&\quad + (2(k+1) + 1) \\
&= (k(k+2) + 1) + (2(k+1) + 1) \\
&= k^2 + 2k + 1 + 2k + 2 + 1 \\
&= k^2 + 4k + 4
\end{aligned}$$

Entonces la enésima parte de la suma es  $2n + 1$  y por lo tanto la cantidad de células de la vecindad de von Neumann, en  $n$  dimensiones es  $2n + 1$ .  $\square$

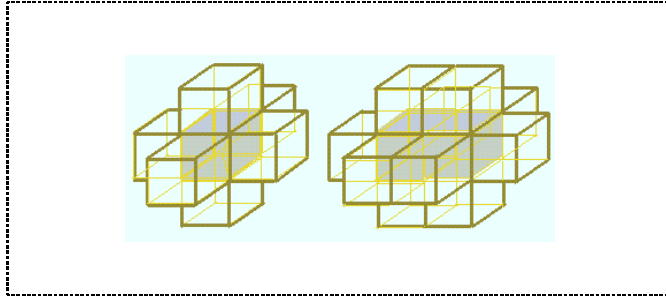


Figura 6.10: Vecindad de von Neumann en tres dimensiones y su traslape.

### 6.3.4 traslape de vecindades de von Neumann en $n$ dimensiones

**Proposición 6.7** (Traslape en vecindad de von Neumann). *Dada una vecindad de von Neumann, si se considera el máximo traslape con la vecindad de la célula inmediata. El traslape  $\tau(v_1, w_1) = \frac{|v_1 \cap w_1|}{|v_1|}$  para cualquier  $v_1$  y  $w_1$ , es igual a  $\frac{2}{2n+1}$  para cualquier dimensión  $n$ , donde  $n \in \mathbb{N}$*

**Demostración.** *Traslape en vecindad de von Neumann.* Dado que el traslape está definido como  $\frac{|v_1 \cap w_1|}{|v_1|}$ . Se necesita realizar su cálculo en  $n$  dimensiones. Por la proposición 6.6 sabemos que el número de células de la vecindad de von Neumann en  $n$  dimensiones  $|v_1| = 2n + 1$ . Y por la proposición 6.5 sabemos  $|v_1 \cap w_1| = 2$  en  $n$  dimensiones. De manera que

$$\frac{|v_1 \cap w_1|}{|v_1|} = 2/2n + 1$$

Por lo tanto el traslape de dos vecindades von Neumann inmediatas en  $n$  dimensiones es igual a  $\frac{2}{2n+1}$

□

## 6.4 El límite del índice de traslape de la vecindad von Neumann

El índice de traslape esta dado por  $\frac{2}{2n+1}$ , entonces si tomamos el límite cuando  $n$  tiende a infinito de  $\frac{2}{2n+1}$ .

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{2}{2n+1} = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1}{n + \frac{1}{2}} = 0$$

Es decir que el traslape disminuye cuando la dimensión aumenta.

Lo que representa un resultado de particular importancia: con la vecindad de von Neumann entre más dimensiones se consideren el traslape de las vecindades tiende a disminuir.

## 6.5 Comentarios finales

- Con una vecindad de Moore el traslape se mantiene sin importar el aumento de las dimensiones; mientras que el traslape para la vecindad de von Neumann el traslape tiende a 0 cuando la dimensión aumenta. En el caso de la vecindad de von Neumann la dependencia de las células de un autómata celular va disminuyendo conforme la dimensión va aumentando, por lo tanto la teoría del campo medio tenderá a coincidir con las densidades reales del autómata celular.
- Si se desea tener una buena estimación de la teoría del campo medio hay que utilizar una vecindad de von Neumann y grandes dimensiones. Sin embargo ¿Qué tan grande debe ser la dimensión? es un aspecto que se toca en el siguiente capítulo.
- Si se usan autómatas con la vecindad de Moore, la predicción del las densidades mediante la Teoría del campo medio va ser deficiente.
- Existen otros traslapes que no se analizaron en este capítulo, dado que todos ellos tienen un traslape más pequeño que el que se alcanza con el vecino inmediato. Aún tomando en

cuenta el vecino inmediato se puede ver que hay vecinos que se traslapan más que otros, se pudo haber calculado el promedio de estos traslapes, pero decidimos optar por el traslape más grande y saber que la predicción obtenida era el peor de los casos.

# Capítulo 7

## La aproximación del campo medio vs comportamiento colectivo

Dado que las células del autómata celular llegan a ser independientes conforme aumenta el espacio considerando una vecindad de von Neumann. Se espera que al llevar a cabo simulaciones con autómatas celulares con estas características, los datos encontrados por el mapa de retorno del autómata celular deben de coincidir con los puntos fijos encontrados en la función de densidad del campo medio

En este capítulo se lleva a cabo la comparación entre los datos experimentales y los datos que predice la teoría del campo medio. Los autómatas celulares para los cuales se lleva a cabo la comparación consideran la vecindad de von Neumann y un espacio de 3,4 y 5 dimensiones.

### 7.1 Preliminares

Antes de llevar a cabo la comparación entre densidades reales y aproximadas, se introduce el concepto de reglas totalísticas en autómatas celulares. Las reglas totalísticas son importantes ya que facilitan la manipulación de la regla de evolución especialmente en los casos donde las vecindades son demasiadas.

#### 7.1.1 Reglas totalísticas

La expresión

$$P_1^{t+1} = \sum_{\alpha|\varphi(\alpha)\rightarrow 1} (P_1^t)^{N1(\alpha)}(1 - P_1^t)^{N0(\alpha)} \quad (7.1)$$

calcula la aproximación del campo medio para la regla general de un autómata celular, es decir una regla donde se declara de una manera explícita la asignación para cada una de las vecindades. Si se trata de un autómata celular (2,1) con la regla de evolución  $\{000 \rightarrow 0, 001 \rightarrow 1, 010 \rightarrow 1, 011 \rightarrow 0, 100 \rightarrow 1, 101 \rightarrow 0, 110 \rightarrow 0, 111 \rightarrow 0\}$  conocida como la regla 22 se tendrá una aproximación del campo medio expresado por la siguiente función

$$f(p) = 3pq^2, \quad (7.2)$$

donde  $p$  y  $q$  son probabilidades complementarias que determinan la ocurrencia,  $p$  es la probabilidad de que ocurra el estado 1 en la siguiente generación y está determinado por la suma de las probabilidades de que ocurran las vecindades que lo originan.

Existen otras formas de realizar asignaciones en las vecindades, una de ellas es mediante la asignación de la transformación sobre  $(0, \dots, k-1)$  conjuntos de vecindades agrupados por alguna característica en común. La regla resultante de esta asignación llamada regla totalística (ver ecuación 7.3), especialmente útil si el número de vecindades es particularmente grande.

$$\varphi(x_{r-1} \dots x_0 \dots x_{r+1}) = \varphi(x_{r-1} + \dots + x_0 + \dots + x_{r+1}) \quad (7.3)$$

Cualquier función puede determinar la propiedad que caracterizará a los  $k-1$  agrupaciones de vecindades, en nuestro caso tomaremos a la suma de las células como la función que realiza la agrupación de vecindades. Entonces, si consideramos al autómata celular (2,1) la asignación de una regla totalística sobre sus vecindades es:

Suma de la vecindad	Función
0	$\varphi(000) = 1$
1	$\varphi(001), \varphi(010), \varphi(100) = 1$
2	$\varphi(101), \varphi(011), \varphi(110) = 0$
3	$\varphi(111) = 1$

Los grupos resultantes son aquellos para los cuales la suma de sus células es 0, 1, 2 y 3 y el número de vecindades que conforman a cada grupo es de 1, 3, 3 y 1 respectivamente.

Para este caso la función del campo medio es:

$$f(p) = q^3 + 3q^2p + p^3, \quad (7.4)$$



y la función que considera todos los grupos de vecindades posibles es:

$$f(p) = (p + q)^3 = q^3 + 3q^2p + 3qp^2 + p^3, \quad (7.5)$$

como se puede observar los coeficientes de esta función están determinados por el número de vecindades que conforman a cada grupo. Y dado que cada grupo lo determina la suma de las células de la vecindad sin importar el orden en que se encuentren distribuidos los estados, los coeficientes se pueden calcular como:

$$\binom{n}{s}$$

donde  $n$  es el tamaño de la vecindad y  $r$  es el número de estados que se suman.

De esta manera la función general que describe a la aproximación del campo medio para las reglas totalísticas es:

$$p_1^{t+1} = \sum_{\alpha|\varphi(\alpha)\rightarrow 1} \binom{n}{s} (p^t)^n (1 - p^t)^{n-s} \quad (7.6)$$

donde:

- $n$  es el total de células de la vecindad
- $\alpha$  es la vecindad
- $\varphi$  es la regla de evolución
- $s$  es el número de células cuyo valor es 1.
- $p$  es la probabilidad de que ocurra el estado 1.
- $q = (1 - p)$  es la probabilidad de que ocurra el estado 0.

Dado que los coeficientes estan determinados por  $\binom{n}{r}$  los coeficientes tienen relación con el triángulo de Pascal.

Si se considera un tamaño de la vecindad  $n = 2$  los coeficientes de la función son:

$$1,2,1$$

si  $n = 3$  los coeficientes son:

$$1,3,3,1$$

en general los coeficientes están relacionados con cada renglón del triángulo de Pascal, el primer renglón del triángulo determina los coeficientes para una vecindad de tamaño  $n = 1$ , el segundo renglón lo hace para el tamaño  $n = 2$ , el tercer renglón para  $n = 3$ , etcétera; de manera que el triángulo de Pascal puede determinar los coeficientes para cualquier tamaño de vecindad como se muestra a continuación.

<i>Tamaño vecindad</i>	<i>c</i>	<i>o</i>	<i>e</i>	<i>f</i>	<i>i</i>	<i>c</i>	<i>i</i>	<i>e</i>	<i>n</i>	<i>t</i>	<i>e</i>	<i>s</i>	
1	→						1						
2	→				1		2		1				
3	→				1		3		3		1		
4	→			1		4		6		4		1	
5	→		1		5		10		10		5	1	
6	→	1		6		15		20		15		6	1
...	...												
7	→			1	7	21	35		35	21	7	1	
...	...												
9	→	1	9	36	84	126		126	84	36	9	1	

Triángulo de Pascal y las vecindades de tamaño  $n$  de un autómata celular.

El caso donde  $n = 1$  no tiene interés en autómatas celulares<sup>1</sup>, pero los siguientes tamaños de vecindades si lo tienen, en particular para nosotros los coeficientes para los autómatas con tamaño de vecindad,  $n = 7, 9$  y  $11$  tienen especial interés ya que corresponden a los autómatas celulares  $(2, 3)$ ,  $(2, 4)$  y  $(2, 5)$ , que se utilizan para llevar a cabo el análisis del fenómeno de Chaté y Manneville, para las vecindades de von Neumann en tres, cuatro y cinco dimensiones.

De acuerdo al triángulo de Pascal los polinomios de Bernstein para los autómatas  $(2, 3)$ ,  $(2, 4)$ ,  $(2, 5)$  y  $(2, 6)$  son respectivamente:

$$f(p) = q^7 + 7q^6p + 21q^5p^2 + 35q^4p^3 + 35q^3p^4 + 21q^2p^5 + 7qp^6 + p^7$$

<sup>1</sup>Ya que por definición no existen autómatas celulares con el tamaño de la vecindad igual a 1.

$$f(p) = q^9 + 9q^8p + 36q^7p^2 + 84q^6p^3 + 126q^5p^4 \\ + 126q^4p^5 + 84q^3p^6 + 36q^2p^7 + 9qp^8 + p^9$$

$$f(p) = q^{11} + 11q^{10}p + 55q^9p^2 + 165q^8p^3 \\ + 330q^7p^4 + 462q^6p^5 + 462q^5p^6 \\ + 330q^4p^7 + 165q^3p^8 + 55q^2p^9 \\ + 11qp^{10} + p^{11}$$

y

$$f(p) = q^{13} + 13q^{12}p + 78q^{11}p^2 + 286q^{10}p^3 \\ + 715q^9p^4 + 1287q^8p^5 + 1716q^7p^6 \\ + 1716q^6p^7 + 1287q^5p^8 + 715q^4p^9 \\ + 286q^3p^{10} + 78q^2p^{11} + 13qp^{12} + p^{13}$$

Las funciones de densidad expresan el comportamiento colectivo de un autómata celular en términos de una función real que realiza transformaciones continuas de  $\mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}$  sobre el intervalo  $[0,1]$ .

### 7.1.2 Grados de aproximación

La función de densidad describe el comportamiento colectivo de un autómata celular, tomando como base las dimensiones que se involucren en éste. Dado que el traslape esta dado por  $\frac{2}{2n+1}$ , en una dimensión se tiene un traslape de  $2/3$ , en dos dimensiones el traslape es de  $2/5$ , etc. en general la figura 7.1 muestra como se comporta la función del índice de traslape conforme la dimensión aumenta.

Las dimensiones donde la literatura ha encontrado que el campo medio tiene problemas para predecir las dencidades de un autómata celular estan en el rango de 3 a 6. Como muestra la gráfica anterior en estas dimensiones el traslape aun es considerable (a saber de  $\frac{3}{7}$ ,  $\frac{4}{9}$  y  $\frac{5}{11}$  para 3, 4, y 5 dimensiones respectivamente), por lo que el campo medio no puede lograr buenos resultados en estas dimensiones. A pesar de esto, aquí se realiza la comparación entre las densidades reales

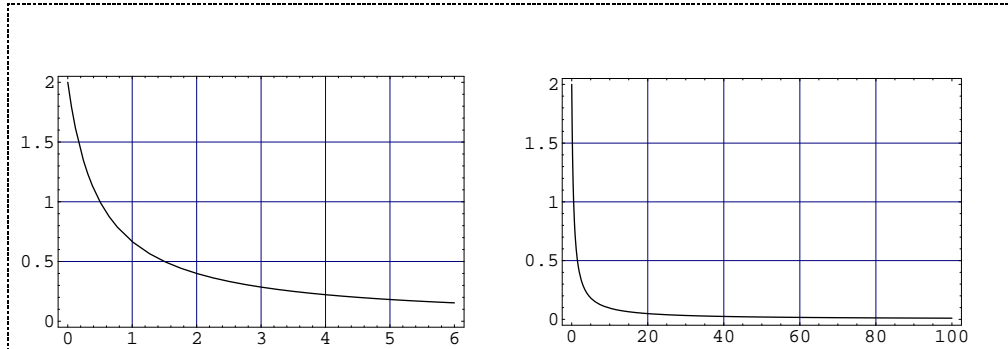


Figura 7.1: La función del índice de traslape para 6 y 100 dimensiones (de izquierda a derecha). Puede notarse que esta función converge a 0 de manera monótona y decreciente

y las aproximadas con el fin de ilustrar como a pesar que estas no coinciden, entre más aumenta la dimensión la diferencia entre ambas disminuye.<sup>2</sup>

## 7.2 Datos experimentales vs campo medio

La comparación entre los datos experimentales y la función de densidad se hace para los autómatas celulares que presentan comportamiento colectivo no trivial en 3,4 y 5 dimensiones.

En la tabla 7.1 y 7.2 se presentan los autómatas celulares que mostraron comportamiento colectivo no trivial en 3,4 y 5 dimensiones. En 3 y 4 dimensiones se muestran todos los que existen, mientras que en 5 dimensiones sólo se tienen algunos ejemplares.

En las tablas se presenta:

- La regla totalística.
- El autómata celular  $(k, r)$ , donde  $k$  es el número de estados y  $r$  es el radio de la vecindad.
- La asignación de la transformación de la regla totalística.
- El tipo de comportamiento colectivo encontrado.

<sup>2</sup>La convergencia de la función del índice de traslape es monótona y decreciente.

Tabla 7.1: Fenómeno de Chaté y Manneville en 3,4 y 5 dimensiones

(k,r)	Regla										Periodo	
(2,3)		0	1	2	3	4	5	6	7			
	33	1					1				CP3	
	97	1					1	1			CP3	
	161	1					1		1		CP3	
(2,4)		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
	385	1							1	1		P3
	641	1							1		1	P3
	193	1						1	1			P3
	321	1						1		1		P3
	449	1						1	1	1		CP3
	961	1						1	1	1	1	CP3
	705	1						1	1		1	CP3
	833	1						1		1	1	P3
	577	1						1			1	P3
	33	1					1					P3
	161	1					1		1			P3
	289	1					1			1		P3
	417	1					1		1	1		CP3
	929	1					1		1	1	1	CP3
	673	1					1		1		1	P3
	801	1					1			1	1	P3
	545	1					1				1	P3
	195	1	1					1	1			CP3
	707	1	1					1	1		1	P3
	835	1	1					1		1	1	P3

Tabla 7.2: Fenómeno de Chaté y Manneville en 3,4 y 5 dimensiones

(k,r)	Regla	Periodo												
(2,5)		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1665		1							1		1	1	P3	
1921		1							1	1	1	1	CP3	
1409		1							1	1		1	CP3	
769		1								1	1		P3	
897		1							1	1	1		CP3	
833		1						1		1	1		P3	
801		1					1			1	1		CP3	
771		1	1							1	1		P3	
1795		1	1							1	1	1	P3	
387		1	1						1	1			P3	
899		1	1						1	1	1		CP3	
3971		1	1						1	1	1	1	1	CP3
1923		1	1						1	1	1	1		CP3
2947		1	1						1	1	1		1	CP3
3459		1	1						1	1		1	1	CP3
1411		1	1						1	1		1		P3
2435		1	1						1	1			1	P3
3715		1	1						1		1	1	1	CP3
195		1	1					1	1					P3
3779		1	1					1	1		1	1	1	CP3
1731		1	1					1	1		1	1		CP3
2755		1	1					1	1		1		1	CP3
3267		1	1					1	1			1	1	CP3
1219		1	1					1	1			1		P3
2243		1	1					1	1				1	P3
323		1	1					1		1				CP3
835		1	1					1		1	1			CP3
3907		1	1					1		1	1	1	1	CP3
1859		1	1					1		1	1	1		CP3
2883		1	1					1		1	1		1	CP3
3395		1	1					1		1		1	1	CP3
1347		1	1					1		1		1		P3
2371		1	1					1		1			1	CP3
3651		1	1					1			1	1	1	CP3
1603		1	1					1			1	1		CP3
2627		1	1					1			1		1	CP3
903		1	1	1					1	1	1			CP3
1807		1	1	1	1					1	1	1		CP3

### 7.2.1 Datos experimentales vs. aproximación del campo medio en 3 dimensiones

En tres dimensiones los autómatas celulares que presentan comportamiento colectivo no trivial son las reglas totalísticas 33, 97 y 161. La regla 33 tiene un comportamiento cuasiperiódico de orden 3, como lo muestran los datos experimentales del mapa de retorno de la figura 7.2

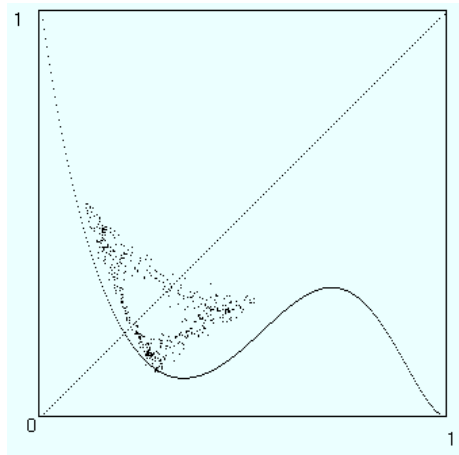


Figura 7.2: Mapa de retorno de la regla 33

Si unimos los puntos de las densidades de la gráfica 7.2 obtenemos 7.3-a. Esta forma de presentar los datos experimentales es de utilidad para compararlos visualmente con las densidades aproximadas. Los datos aproximados son obtenidos a partir de la función de densidad de la regla 33 dada por  $p = q^7 + 21q^2p^5$ , y su dinámica esta presentada por la figura 7.3-b.

Como podemos ver no existe coincidencia entre los datos experimentales y los datos aproximados, si obtenemos las gráficas de las series de las densidades tanto para los datos experimentales como para los aproximados en 30 generaciones tenemos que la dinámica de las densidades reales difieren en gran medida con la serie de densidades aproximadas mostradas como se muestra en la sobreposición de ambas dinámicas en la figura 7.4 .

Si calculamos la gráfica de las diferencias absolutas de la serie de los datos experimentales contra los aproximados para las 30 generaciones se tiene que es grande la diferencia (ver 7.5).

Para medir que tan diferentes son una serie de otra, definiremos un parámetro de diferencia que lo indique. Este parámetro esta dado por la suma de las diferencias absolutas de las series de datos experimentales y los datos aproximados:

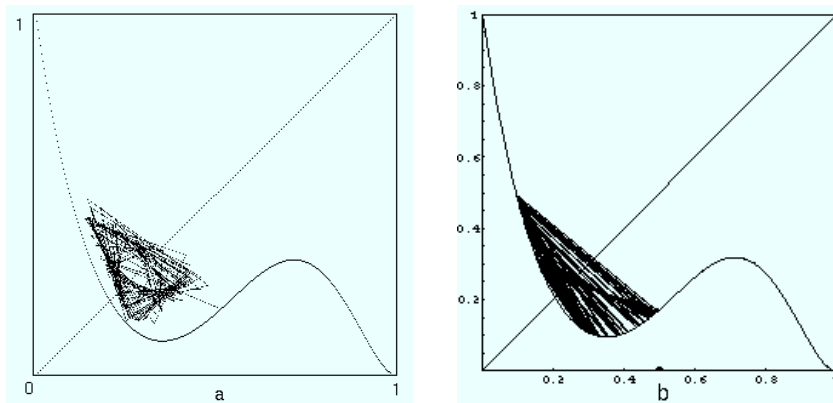


Figura 7.3: Mapa de retorno de las densidades reales y aproximados de la regla 33 en 3 dimensiones

$$\sum_{i=1}^n |s1_i - s2_i| \quad (7.7)$$

Donde:  $s1$  y  $s2$  son las series de densidades reales y aproximadas y  $n$  es el número de generaciones del autómata celular.

Si calculamos este parámetro para las primeras 600 generaciones de las densidades reales y aproximadas de la regla 33, tenemos como resultado a: 88.37. Si esta cifra es pequeña significa que la diferencia entre las series es poca, si la cifra es alta, la diferencia también lo es.

La regla 97 y 161 muestran diferencias entre los datos experimentales y los datos aproximados. La suma de la diferencias absolutas en 600 generaciones entre las densidades reales y aproximadas de la regla 97 y 161 son 67.28 y 86.05 respectivamente.

En conclusión las tres reglas que dan comportamiento colectivo no trivial en 3 dimensiones tienen una diferencia considerable entre las densidades calculadas con el campo medio y los datos experimentales, el índice de traslape en tres dimensiones es de  $2/3$ , lo cual explica porque falla la aproximación del campo medio.



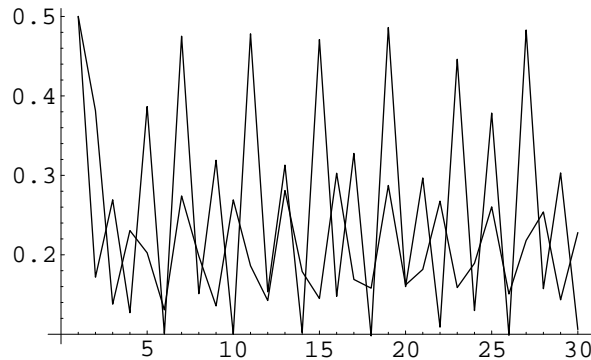


Figura 7.4: Serie de densidades reales vs. aproximadas, regla 33 en 3 dimensiones

### 7.2.2 Datos experimentales vs. aproximación del campo medio en 4 dimensiones

En cuatro dimensiones se presenta el ciclo 3 en 14 reglas, a saber: 385, 641, 193, 321, 833, 577, 33, 161, 289, 673, 801, 545, 707 y 835. Y el comportamiento cuasiperiódico en 6 autómatas celulares: 449, 961, 705, 417, 929 y 195. Para dar un total de 14 reglas, como puede verse en 4 dimensiones existen mas autómatas celulares que muestran comportamiento colectivo no trivial

La regla 33 en cuatro dimensiones presenta también diferencias entre los datos experimentales con los aproximados como lo ilustra la figura 7.6. La diferencia entre ambas dinámicas expresada en términos de diagramas de serie para 30 generaciones. La figura 7.7 muestra como van diferenciando ambos datos.

La gráfica 7.8 calculada a partir de la diferencia absoluta entre ambas series muestra la magnitud de esta diferencia.

Si calculamos el parámetro que mide la diferencia entre ambas densidades (aproximadas y reales) para 600 generaciones, tenemos como resultado a 68.09.

El resto de las reglas que muestra comportamiento colectivo no trivial en 4 dimensiones también muestra divergencias entre sus densidades reales y las densidades aproximadas. El parámetro de diferencia para cada una de ellas está dado en la tabla 7.3:

La razón de esta diferencia se encuentra en que en 4 dimensiones el traslape aun es considerable, a saber  $2/9$ .

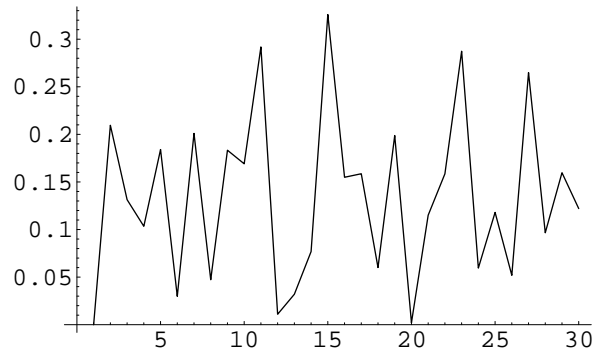


Figura 7.5: Diferencia absoluta entre densidades reales y aproximadas, regla 33 en 3 dimensiones

### 7.2.3 Datos experimentales vs. aproximación del campo medio en 5 dimensiones

Son 38 los autómatas celulares que en 5 dimensiones que muestran comportamiento colectivo no trivial, 18 más que en la 4 dimensión. Doce de ellos muestran comportamiento periódico de orden 3 y 26 comportamiento cuasiperiódico.

Para ilustrar las diferencias entre las densidades reales y las aproximadas tomaremos la regla 33. La función de densidad de la regla 33 en 5 dimensiones es  $p = q^{11} + 462q^6p^5$ . los datos aproximados de las densidades calculados a partir de esta función los muestra la figura 7.9-b. Los datos experimentales de la regla 33 son ilustrados por la figura 7.9-a.

Como puede verse existen diferencias entre los dos resultados, para ver con más precisión las diferencias, las gráficas de las series de los datos aproximados y los reales nos muestran punto por punto como difiere su dinámica, la figura 7.10 ilustra para 30 generaciones el desarrollo de ambas y la figura 7.11 nos da la diferencia absoluta entre ellas.

Es claro que no conciden los densidades reales con las aproximaciones del campo medio. En esta regla el parámetro de diferencia aplicado a 600 generaciones es de 48.33. Es decir, persiste la diferencia.

El resto de las reglas que muestra comportamiento colectivo no trivial en 5 dimensiones también muestra divergencias entre sus densidades reales y las densidades aproximadas. El parámetro de diferencia para cada un de ellas esta dado por la tabla 7.4.

Tabla 7.3: Parámetro de diferencia en 4 dimensiones

Regla	Parámetro de diferencia
385	157.61
641	197.84
193	166.6
33	68.09
161	58.23
833	102.71
577	114.34
289	70.43
673	55.17
801	67.07
545	70.46
707	74.83
835	81.66
417	54.85
929	52.75
195	78.96
321	113.46
449	106.71
961	88.24
705	115.5

Tabla 7.4: Parámetro de diferencia en 5 dimensiones

Regla	Parámetro de diferencia	*	Regla	Parámetro de diferencia
195	63.08	*	3907	64.32
1807	156.35	*	1859	63.67
323	68.26	*	2883	64.07
387	128.23	*	3395	66.51
903	117.86	*	1347	64.48
769	141.31	*	2371	67.76
771	202.57	*	3651	73.67
801	46.18	*	1603	74.27
833	101.88	*	2627	72.13
835	61.92	*	3971	488.90
897	116.32	*	1923	383.97
899	128.16	*	2947	127.04
3779	64.81	*	1411	116.36
1731	64.87	*	2435	111.90
2755	64.05	*	3715	119.62
3267	62.89	*	1795	182.83
1219	62.74	*	1665	120.09
2243	62.53	*	1921	121.73
1409	110.00	*	3459	118.91
2883	64.07	*	3395	65.40

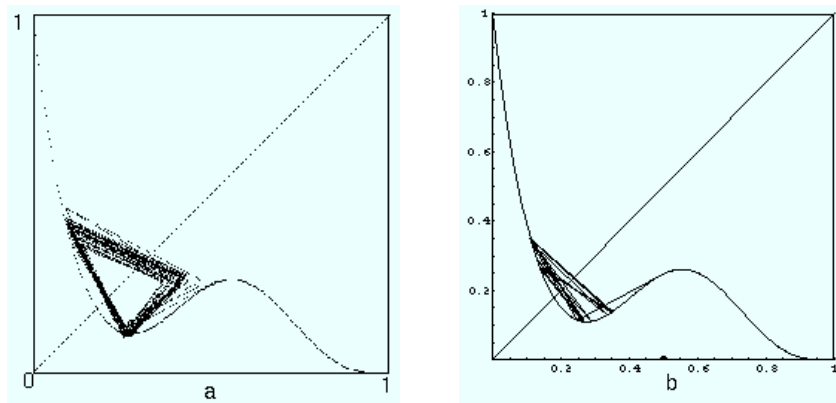


Figura 7.6: Mapa de retorno de las densidades reales y aproximados de la regla 33 en 4 dimensiones

Tabla 7.5: Parámetro de diferencia para las mismas reglas en diferentes dimensiones

Dimensión	regla 33	regla 161	regla 195	regla 801	regla 833	regla 835
3	88.37	81.46				
4	68.09	58.23	78.96	67.07	102.71	80.62
5	48.33		63.08	46.18	91.69	61.72

Al calcular el parámetro de diferencia para los autómatas celulares que muestran comportamiento colectivo no trivial en 3,4 y 5 dimensiones, lo que podemos concluir es que no existe coincidencia entre los datos experimentales y la teoría del campo medio en estas dimensiones y la explicación a esto es que en ellas el traslape aun es considerable. Pero, ¿Cómo ilustrar que aunque aún existen diferencias entre las densidades reales y las aproximadas, estas van disminuyendo conforme se incrementa la dimensión. Para llevar a cabo una comparación válida habría que hacer esta comparación con el mismo autómata celular en las diferentes dimensiones, sin embargo el autómata que da comportamiento colectivo no trivial en una dimensión puede no hacerlo en otra dimensión. En la lista de autómatas celulares que usamos como ejemplos para llevar a cabo el estudio cuantitativo, nos encontramos con el siguiente grupo de autómatas que podían ser comparados: la regla 161 en 3 y 4 dimensiones, la regla 195, 801, 833, 835 en 4 y 5 dimensiones, y la regla 33 en 3, 4 y 5 dimensiones.

En estas reglas el parámetro de diferencia es mas pequeño en altas dimensiones que en las bajas (ver tabla 7.5) coincidiendo con la demostración del capítulo V.

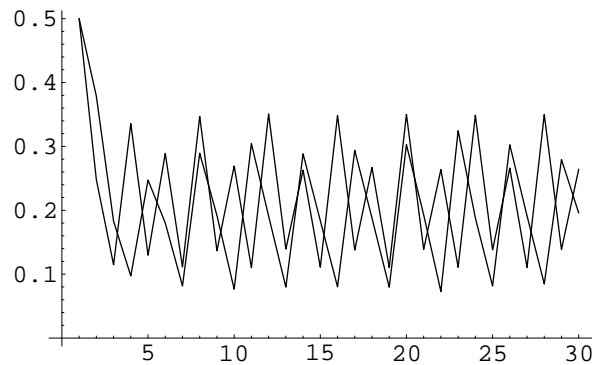


Figura 7.7: Serie de densidades reales vs. aproximadas, regla 33 en 4 dimensiones

La regla 33 por ejemplo, como se vió en las secciones de 3, 4 y 5 dimensiones conforme aumenta la dimensión las diferencias entre las densidades reales y las aproximadas van decreciendo, en 3 dimensiones el parámetro de diferencia es 88.37 en 4 dimensiones es 68.09 y en 5 es 48.33.

### 7.3 Comentarios finales

El problema de hacer comparaciones entre los autómatas celulares que muestran comportamiento colectivo no trivial en varias dimensiones para efectos de determinar si la diferencia entre las densidades reales y las aproximadas van disminuyendo conforme aumenta la dimensión. lo podemos resumir en los diferentes puntos:

- Existe el problema de como realizar las comparaciones entre los autómatas celulares en diferentes dimensiones. Si se trata de tomar un mismo autómata <sup>3</sup> en diferentes dimensiones, este autómata no presenta el mismo comportamiento en diferentes dimensiones. Si se trata de comparar a aquellos autómatas que tienen el mismo comportamiento colectivo en las diferentes dimensiones, estos parecen diferir mucho en su regla local, lo que nos cuestiona si realmente estamos comparando cosas comparables.

<sup>3</sup>Esto bajo el supuesto de que este bien definido lo que significa “el mismo autómata celular”

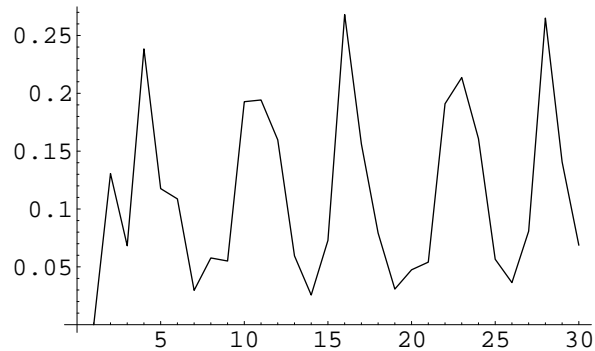


Figura 7.8: Mapa de retorno vs función de la escalera de la regla 33

- El único ejemplo que mantuvo el comportamiento colectivo en 3 dimensiones fue la regla 33. Una pequeña parte lo mantiene en dos dimensiones inmediatas y el resto solo lo presenta en una dimensión. En cualquiera de estos casos es poco el número de ejemplares para apreciar de una manera más clara la disminución de las diferencias entre las densidades reales y las aproximadas.
- Es muy difícil tratar de corroborar experimentalmente el hecho de que la diferencia entre los densidades reales y las aproximadas decrecientan conforme aumenta la dimensión en una vecindad de von Neumann, dado que conforme aumenta la dimensión los recursos computacionales que se requieren aumentan exponencialmente. En nuestro caso fue posible hacerlo hasta 5 dimensiones, sin embargo es una dimensión insuficiente para ver con claridad la tendencia de la aproximación del campo medio.
- Es muy sencillo el parámetro de diferencia usado aquí, vale la pena en este punto buscar indicadores más claros.

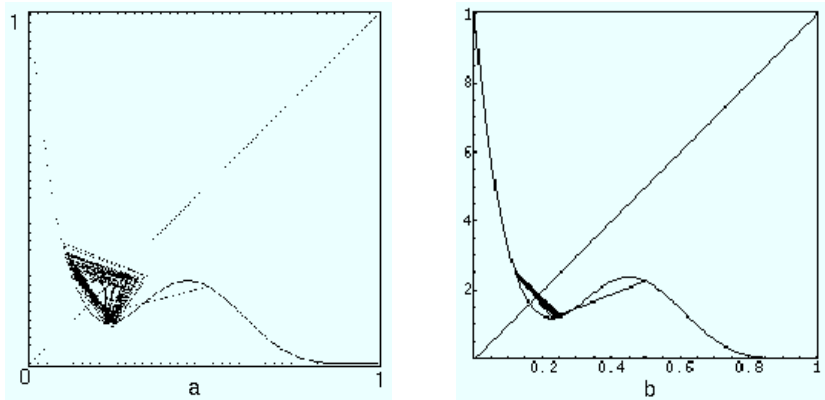


Figura 7.9: Mapa de retorno de las densidades reales y aproximados de la regla 33 en 4 dimensiones

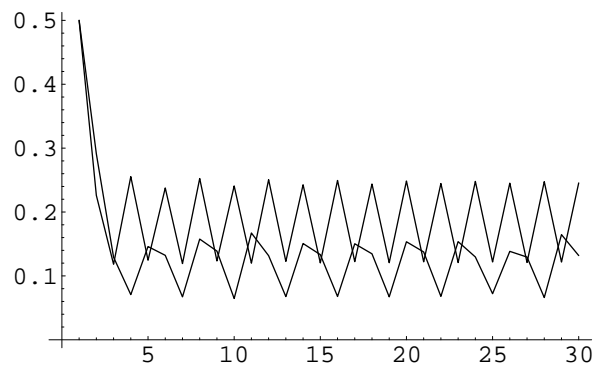


Figura 7.10: Serie de densidades reales vs. densidades aproximadas, regla 33 en 5 dimensiones



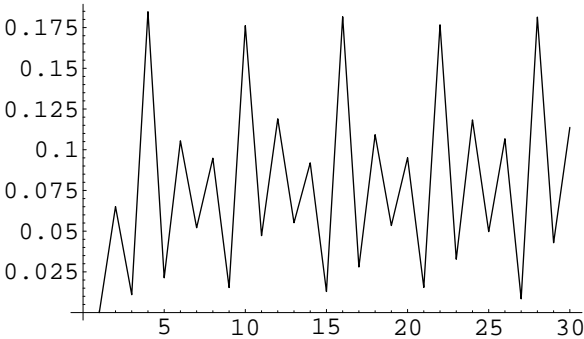


Figura 7.11: Mapa de retorno vs función de la escalera de la regla 33 en 5 dimensiones



# Capítulo 8

## Conclusiones

Esta tesis ha investigado la posibilidad de predecir el comportamiento colectivo en autómatas celulares mediante la teoría del campo medio. En base a nuestro análisis encontramos que:

1. El hecho de que el traslape en las células de los autómatas celulares disminuye conforme se aumenta la dimensión, considerando una vecindad de von Neumann, permite el uso de la teoría del campo medio para predecir el comportamiento colectivo de tales autómatas celulares.
2. Si podemos predecir el comportamiento colectivo con la teoría del campo medio, podemos hacer uso de la teoría de sistemas dinámicos de una sola variable para realizar estudios sobre el comportamiento colectivo.
3. Se requiere de grandes recursos computacionales para poder obtener ejemplos de autómatas celulares con dimensiones muy grandes, y poder comparar su evolución real con la predicción del campo medio.

## Trabajos futuros

1. El uso de la teoría de sistemas dinámicos para relacionar el comportamiento colectivo global con la regla local de evolución.
2. Aprovechar el resultado de Sarkovsky [55], Li y Yorke [36] que garantiza la existencia de cualquier ciclo en una función continua que realiza transformaciones de  $\mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}$  con un comportamiento de ciclo 3.

3. Comprobar de manera experimental que la teoría del campo medio predice al comportamiento colectivo.
4. Diseñar comportamientos colectivos de un tipo en particular a partir de la regla local de evolución.
5. La discusión de si se viola o no la ley de los grandes números con los hallazgos de Chaté y Manneville, es un tema de interés que podría tomarse para un estudio futuro. Esto ayudaría a entender mejor esta ley y ver como se interpreta en términos de autómatas celulares.

# Apéndice

En este apéndice se presentan los autómatas celulares que mostraron comportamiento colectivo no trivial en 3,4 y 5 dimensiones. En 3 y 4 dimensiones se muestran todos los que existen, mientras que en 5 dimensiones sólo algunos ejemplares.

Sobre estos autómatas celulares se muestra el mapa de retorno, su dinámica real y su aproximación mediante la teoría del campo medio en términos de la función de la escalera. Los datos experimentales fueron calculados considerando la vecindad de von Neumann.



Apéndice A

Bibliografía





# Bibliografía

- [1] Bernard Barral, Hugues Chaté and Paul Manneville, “Collective behaviors in a family of high-dimensional automata,” *Physics Letters A*, **163**, 279-285, (1992).
- [2] P. -M. Binder, “Domains and synchronization in high-dimensional cellular automata,” *Physical Review E*, **51**, R839-R840, (1995).
- [3] Charles H. Bennett, G. Grinstein, Yu He, C. Jayaprakash and David Mukamel, “Stability of temporally periodic states of classical many body systems,” *Physical Review A*, **41**, 1932-1935, (1990).
- [4] Elwyn R. Berlekamp, John H. Conway, and Richard K. Guy, “Winning Ways for your Mathematical Plays,” Academic Press, ISBN 0-12-091152-3 **2**, chapter 25, (1982).
- [5] Roger Bideaux, Nini Boccara and Hugues Chaté, “Order of transition versus space dimension in a family of cellular automata,” *Physical Review A*, **39**, 3094-3105, (1989).
- [6] P.-M. Binder and V. Privman, “Second-Order dynamics in the collective temporal evolution of complex systems,” *Physical Review Letters*, **68**, 3830-3833, (1992).
- [7] Tomas Bohr, G. Grinstein, Yu He, and C. Jayaprakash, “Coherence, chaos, and broken symmetry in classical, many-body dynamical systems,” *Physical Review Letters*, **58**, 2155-2158, (1987).
- [8] Hughes Chaté, “On the analysis of spatiotemporally chaotic data,” *Physica D*, **86**, 238-247, (1995).
- [9] Hughes Chaté and Paul Manneville, “Evidence of collective behaviour in cellular automata,” *Europphysics Letters*, **14**, 409-413, (1991).

- 
- [10] Hugues Chaté and Paul Manneville, “Collective behaviors in spatially extended systems with local interactions and synchronous updating,” *Progress in Theoretical Physics*, **87**, 1-60, (1991).
- [11] Hugues Chaté and Paul Manneville, “Emergence of effective low-dimensional dynamics in the macroscopic behaviour of coupled map lattices,” *Europhysics Letters*, **17**, 291-296, (1992).
- [12] Hugues Chaté, Anaël Lemaître, Ph. Marcq and Paul Manneville, “Non-Trivial collective behaviour in extensively-chaotic dynamical systems: an update,” *Physica A*, **224**, 447-457, (1996).
- [13] Anaël Lemaître, Hughes Chaté and Paul Manneville “Cluster expansion for collective behaviour in discrete space dynamical Systems,” *Physical Review Letters*, **77**, 486-489, (1996).
- [14] Hughes Chaté y Jérôme Losson “Non-trivial collective behavior in coupled map lattices: A transfer operator perspective,” *Physica D*, **103**, 51-72, (1997).
- [15] Hugues Chaté, G. Grinstein and Lei-Han Tang, “Long-range correlations in systems with coherent (quasi)periodic oscillations,” *Physical Review Letters*, **74**, 912-915, (1995).
- [16] Codd Edgar, “Cellular Automata,” Academic Press, (1968).
- [17] Devaney Robert L. , “An Introduction to chaotic dynamical systems,” Addison Wesley, ISBN 0-201-13046-7, (1992).
- [18] Devaney Robert L. , “A First course in chaotic dynamic systems”, Addison Wesley, ISBN 0-201-55406-2, (1992).
- [19] M. Dresden and D. Wong, “Life games and statistical models”, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **72**, 956-960, (1975).
- [20] W. S. McCulloch and W. Pitts, “A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity,” *Bulletin of Mathematical Biophysics*, **5**, 115-133, (1943).
- [21] Martin Gardner, “Mathematical games - The fantastic combinations of John Conway’s new solitaire game *Life*,” *Scientific American*, pp. 120-123, Octubre, (1970).
- [22] J. A. C. Gallas, P. Grassberger, H.J. Herrmann and P. Ueberholz, “Noisy collective behaviour in deterministic cellular automata,” *Physica A*, **180**, 19-41 (1992).

- 
- [23] Gnedenko B.V. "The theory of Probability," *Chelsea Publishing Co.*, New York, N.Y. ISBN:0-8284-1132-8, (1967).
- [24] Howard A. Gutowitz, "Local structure theory for cellular automata," Tesis de doctorado, Rockefeller University, (1987).
- [25] Howard A. Gutowitz and Jonathan D. Victor, "Local structure theory in more than one dimension," *Complex Systems*, **1**, 57-68, (1987).
- [26] Solomon W. Golomb, "Shift Register Sequences," *Holden-Day, Inc.*, San Francisco, CA.,(1967).
- [27] J. Gorodkin, A. Sørensen, and O. Winther, "Neural networks and cellular automata complexity," *Complex Systems*, **7**, 1-24, (1994).
- [28] Howard A. Gutowitz, Jonathan D. Victor, and Bruce W. Knight, "Local structure theory for cellular automata," *Physica D*, **28D**, 18-48, (1987).
- [29] Halmos, Paul R., "Measure Theory," New York, N.Y., Van Nostrand Reinhold Company, (1950).
- [30] Gustav Arnold Hedlund, "Endomorphisms and automorphisms of the shift dynamical system," *Mathematical System Theory*, **3**, 320-375, (1969).
- [31] Marston Morse, Gustav Arnold Hedlund, "Symbolic dynamics," *American J. Math*, **60**, 815-866, (1938).
- [32] G. Grinstein, "Stability of nonstationary states of many-body dynamical systems," *Journal of Statistical Physics*, **5**, 803-815, (1988).
- [33] Kenneth E. Perry, "Abstract mathematical art," *Byte* **vol 11, No. 13**, 181-192, (1986).
- [34] Bruce Kitchens, "Symbolic Dynamics: One-Side, two side and countable state markov shifts," Springer Verlag, ISBN:3-540-62738-3, (1998).
- [35] A.M. Liapunov, "General problem of stability of motion," *Annals of Mathematics Study*, **vol 11** Princeton Univ. Press, Princeton, New Jersey, 1900.
- [36] Tien-Yien Li and James A. Yorke, "Period three implies chaos," *American Mathematical Monthly*, **82**, 985-992, (1975).

- [37] Jens M. Houlrick, Itzhak Webman and Mogens H. Jensen, "Mean field theory and critical behavior of coupled map lattices," *Physical Review A*, **41**, 4210-4222, (1990).
- [38] Jan Hemmingsson, "A totalistic three-dimensional cellular automaton with quasiperiodic behaviour," *Physica A*, **183**, 255-261, (1992).
- [39] J. Hemmingsson and J. Herrmann, "On oscillations in cellular automata," *Europhysics Letters*, **23**, 15-19, (1993).
- [40] J. Hemmingsson, A. Sørensen, H. Flyvbjerg and H. J. Herrmann, "What synchronization?," *Europhysics Letters*, **23**, 629-634, (1993).
- [41] Erica Jen, "Scaling of preimages in cellular automata," *Complex Systems*, **1**, 1045-1062, (1987).
- [42] F. Jiménez Morales and J. J. Luque, "Collective behavior of a probabilistic cellular automaton with two absorbing phases," *Physics Letters A*, **181**, 33-38, (1993).
- [43] Kolmogorov A., "Foundation of the theory of probability," Chelsea Publishing Co, New York, N.Y., (1937).
- [44] Wentian Li, "Power spectra of regular languages and cellular automata," *Complex Systems*, **1**, 107-130, (1984).
- [45] Douglas Lind, Brian Marcus, "An introduction to symbolic dynamics and coding," Cambridge University Press, (1995).
- [46] Edward F. Moore, "Machine models of self reproduction," *American Mathematical Society Proceedings of Symposia in Applied Mathematics*, **14**, 17-33, (1962).
- [47] Harold V. McIntosh, "Linear cellular automata", *Reporte interno*, Departamento de Aplicación de Microcomputadoras, Instituto de Ciencias, Universidad Autónoma de Puebla, (1990). "<http://delta.cs.cinvestav.mx/~mcintosh/newweb/marcolcau.html>".
- [48] Harold V. McIntosh, "Linear cellular automata via *de Bruijn* diagrams", *Reporte interno*, Departamento de Aplicación de Microcomputadoras, Instituto de Ciencias, Universidad Autónoma de Puebla, (1991). "<http://delta.cs.cinvestav.mx/~mcintosh/newweb/marcodebruijn.html>".

- [49] Harold V. McIntosh, "Rule 110 as it rules relates to the presence of gliders", *Reporte interno*, Departamento de Aplicación de Microcomputadoras, Instituto de Ciencias, Universidad Autónoma de Puebla, (1999). "[http://delta.cs.cinvestav.mx/~mcintosh/newweb/marco\\_rule\\_110.html](http://delta.cs.cinvestav.mx/~mcintosh/newweb/marco_rule_110.html)".
- [50] Masakazu Nasu, "Local maps inducing surjective global maps of one dimensional tessellation automata," *Mathematical System Theory*, **11**, 327-351, (1978).
- [51] Pikovsky Arkady S. and Jürgen Kurts, "Do globally coupled maps really violate the law of large numbers," *Physical Review Letters*, **72**, 1644-1646, (1994).
- [52] Henri Poincaré, "New Methods of celestial mechanics," (editado por Daniel L. Goroff," New York, N.Y., American Institute of Physics, (1993).
- [53] Y. Pomeau, "Periodic behaviour of cellular automata," *Journal of Statistical Physics*, **70**, 1379-1382, (1992).
- [54] L.S. Schulman and P.E. Seiden , "Statistical mechanics of a dynamical system based on Conway's game of Life," *Journal of Statistical Physics* **19**, 293-314, (1978).
- [55] Sarkovskii, A. N., "Coexistence of cycles of a continuous map of a line into itself," *Ukrain . Mat. Z.* , **16**, **61-71**, (1964).
- [56] Turing, Alan M., "On computable numbers, with an application to the Entscheidungsproblem," *Proceedings of the London Mathematical Society*, **2-42**, 230-265 (1937).
- [57] John von Neumann, "Theory of self-reproducing automata," (Editado y terminado por A. W. Burks), University of Illinois Press, (1966).
- [58] W. John Wilbur, David J. Lipman y Shihab A. Shamma, "On the prediction of local patterns in cellular automata," *Physica D*, **19** 397-410, (1986).
- [59] Wiener, M., "Cybernetics: Or control and communications in the animals and the machine," Cambridge, MA, Technology Press, (1948).
- [60] Wolfram Stephen. "Universality and complexity in cellular automata," *Physica D*, **10**, 1-35, (1984).
- [61] Stephen Wolfram, "Computation theory of cellular automata," *Communications in Mathematical Physics*, **96**, 15-57, (1984).

- [62] Stephen Wolfram (Ed.) "Theory and applications of cellular automata," World Scientific Press, Singapore, ISBN 9971-50-124-4 pbk, (1986)