



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:

Doctor en Ciencias con especialidad en Ingeniería Eléctrica

DIRECTORES DE TESIS:

Dr. Harold V. McIntosh

Dr. Sergio V. Chapa Vergara

Marzo del 2007

Contenido

1	Introducción	1
1.1	Motivación	1
1.2	Objetivo	2
1.3	Planteamiento del problema	2
1.3.1	Autómatas celulares	3
1.3.2	Estudio estadístico en autómatas celulares	4
1.3.3	La teoría del campo medio	5
1.3.4	La teoría de la estructura local	9
1.3.5	El comportamiento colectivo no trivial en autómatas celulares	15
1.4	Descripción de la tesis	20
2	Estructura y enfoque axiomático de los autómatas celulares	23
2.1	Introducción	24
2.2	Espacio de configuraciones de un autómata celular	25
2.2.1	Espacio de configuraciones $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$	25
2.3	Espacios métricos $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d})$	26
2.3.1	Topología de conjuntos de cilindros	29
2.4	Espacio compacto $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathcal{C})$	31
2.4.1	El espacio de un autómata celular es compacto	31
2.5	Espacio medible de configuraciones de un autómata celular	33
2.5.1	σ -campo	34
2.5.2	Espacios de probabilidad $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \sigma, \mu)$	35
2.6	Comentarios finales	36
3	Traslape de vecindades y la predicción de la teoría del campo medio	39
3.1	El índice de traslape	40

3.1.1	Traslape en la vecindad de von Neumann en d dimensiones.	41
3.1.2	El índice de traslape de la vecindad de von Neumann	44
3.1.3	Traslape en la vecindad de la Célula Central en d dimensiones.	44
3.1.4	El índice de traslape en la vecindad de la Célula Central	47
3.1.5	Traslape en la vecindad de Moore en d dimensiones	47
3.1.6	El índice de traslape en una vecindad de Moore	49
3.2	Comentarios finales	50
4	Cálculo de preimágenes en Autómatas Celulares	53
4.1	Introducción	54
4.2	Diagramas de <i>de Bruijn</i>	54
4.3	Cálculo de ancestros mediante diagramas de <i>de Bruijn</i>	59
4.4	Casos de estudio	61
4.4.1	Autómatas celulares binarios de radio 1.	61
4.4.2	Autómatas celulares de 3 estados de radio 1.	63
4.4.3	Autómatas celulares de 2 estados de radio 3.	66
4.5	Comentarios finales	68
5	Caracterización de la densidad en los Autómatas Celulares	71
5.1	Polinomios de densidad	72
5.2	Caracterización del comportamiento de las densidades.	75
5.3	Secuencia de los polinomios de densidad y convergencia	76
5.4	Árboles de preimágenes y análisis de convergencia.	76
5.5	Patrones en los coeficientes de los polinomios de densidad.	82
5.5.1	Convergencia y el triángulo de Pascal	88
5.5.2	Tipos de convergencia alternativos	95
5.6	Comentarios finales.	107
6	Comportamiento Colectivo no Trivial en Autómatas Celulares	115
6.1	Cálculo de los polinomios de densidad en los autómatas con CCNT	116
6.2	Aproximación mediante el método de Monte Carlo	122
6.2.1	Variable aleatoria en autómatas celulares.	122
6.2.2	Desigualdad de Chevyshev.	124
6.2.3	El método de Monte Carlo.	125
6.3	El método de Monte Carlo y el fenómeno de Chaté y Manneville	125
6.3.1	Error en la estimación.	127

6.3.2	Análisis de varianza	128
6.3.3	Aplicación del análisis de varianza.	129
6.3.4	Segunda aplicación del análisis de varianza.	130
6.3.5	Aproximaciones en autómatas celulares en 1D	131
6.4	Aproximación de los polinomios de densidad de la regla de Hemmingsson (3D)	134
6.5	Aproximación de los polinomios de densidad de la regla 385 (4D)	134
6.6	El fenómeno de Chaté y Manneville en 1 y 2 dimensiones	136
6.7	Proyección de largo alcance	137
6.7.1	De ND a 1D	137
6.7.2	De nD a 2D	139
6.8	Estructura de las vecindades en bajas dimensiones	140
6.9	Comentarios finales	142
Conclusiones		145
Trabajos futuros		148
	El fenómeno de comportamiento colectivo no trivial y el fenómeno de “Small World”.	149
	La tarea de clasificación de densidades (TDC).	153
	Diseño de autómatas celulares que conservan sus densidades.	155
A Atlas de polinomios de densidad en autómatas celulares unidimensionales		157
Bibliografía		252

Capítulo 1

Introducción

1.1 Motivación

En 1991, Hughes Chaté y Paul Manneville encontraron una serie de autómatas celulares (AC)¹ cuyas densidades oscilaban en tres puntos de manera periódica y cuasiperiódica [20]. Este hecho causó polémica en el área de autómatas celulares debido a que estudios previos afirmaban la imposibilidad de que sucedieran fenómenos de este tipo [14], [44] y [5]². Al comportamiento de las densidades en los autómatas celulares de Chaté-Manneville se le llamó *Comportamiento Colectivo no-Trivial* (CCNT) y a pesar de 16 años de investigaciones sigue aún sin explicación.

El fenómeno del CCNT se ubica dentro de los problemas en autómatas celulares que buscan predecir su comportamiento colectivo a partir de la regla de evolución local; de manera similar a la mecánica estadística clásica que busca derivar propiedades globales a partir de las leyes mecánicas locales. De esta forma los fenómenos de agregados de partículas, se pueden asociar a modelos de comportamiento colectivo donde los conceptos como: entropía, fluctuación, estabilidad, densidad, meta-estabilidad y cambios de fase, permiten profundizar en el conocimiento del fenómeno y las interrelaciones entre micro y macro estructuras. El concepto de entropía dado por Boltzmann-Gibbs, por ejemplo, determina una medida global (el desorden) de un sistema físico a partir del número de todas las alternativas posibles que puede tener dicho sistema³. La

¹En español se usará “automata celular” para el singular y “autómatas celulares” para el plural, en inglés “cellular automata” se refiere al plural y “cellular automaton” al singular.

²Estos estudios prevén que la densidad de las células activas converga a un solo punto en el límite.

³Como alternativas posibles se considera a los posibles estados microscópicos que pueda tener el sistema.

densidad, es un segundo concepto que sirve para establecer el estado estacionario promedio de un sistema a partir de la probabilidad de los elementos microscópicos del mismo⁴, siendo la teoría del campo medio el instrumento fundamental para su estudio. En el problema de comportamiento de las densidades de un autómata celular, la aplicación de la teoría del campo medio resultó natural. Sin embargo, la hipótesis de independencia de los eventos microscópicos, contrario al de los autómatas celulares ha resultado el principal obstáculo.

Para retener dicha hipótesis Chaté y Manneville propusieron aumentar el número de células y las dimensiones en los autómatas celulares bajo estudio esperando aumentar la precisión de la teoría del campo medio. El resultado en general fue una mayor precisión con respecto a las bajas dimensiones, sin embargo se encontraron con un fenómeno que no fue detectado por la teoría del campo medio: la fluctuación de las densidades en tres puntos de manera periódica.

Entender la razón por la que ocurre este fenómeno, se posicionó como un problema abierto en el campo de los autómatas celulares y explicarlo es la principal motivación de esta tesis. Dado que los autómatas celulares no cumplen con la condición de independencia se podría plantear que cualquier opción es posible en el comportamiento de las densidades, sin embargo a partir de resultados estadísticos, se espera tiendan a un valor estacionario. Más allá de estos supuestos y experiencias experimentales es necesario realizar un estudio avanzado que de lugar a varias interrogantes cuyas respuestas pueden ser encontradas mediante la interrelación de la fenomenología de la mecánica estadística y los modelos de autómatas celulares.

1.2 Objetivo

El objetivo de la tesis es generar nuevos conocimientos que ayuden a explicar el Comportamiento Colectivo no Trivial. Determinar si el fenómeno es genuino o es artificial y establecer bajo que condiciones iniciales llega a darse.

1.3 Planteamiento del problema

Los autómatas celulares fueron creados por Margittai Neumann Janos (John von Neumann) a mediados de los 50's para demostrar que no existía ninguna contradicción lógica en la idea de la autorreproducción de máquinas [88]. En la actualidad se han utilizado en distintas aplicaciones que van desde la modelación de problemas de dinámica de fluidos [33], [79], en el estudio de materiales magnéticos [87], [75], en el procesamiento de imágenes [77], en el estudio de sistemas

⁴La ocurrencia de algún estado en la célula.

ecológicos [85], [60], en robótica [15], en modelos de crecimiento mediante agregación por difusión limitada [82], en encriptamiento de información [39], en la propagación de virus o epidemias [34], en medios excitables [99], hasta la modelación de tráfico [12] y el crecimiento de las manchas urbanas [72]. De la misma manera, y dado que es uno de los sistemas más sencillos capaz de manifestar comportamiento complejo, se ha utilizado en el área de Sistemas Complejos⁵ como uno de los principales medios para entender conceptos como la auto-organización.

1.3.1 Autómatas celulares

Un autómata celular es un *sistema dinámico discreto*. El *espacio o estado global* de un AC consiste en una malla discreta $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, de cierta dimensión. En una dimensión, cada elemento de la malla es una célula x_i que puede contener un valor (o estado) de un conjunto finito $\mathcal{A} = \{0, 1, 2, 3, 4, \dots\}$.⁶ Mediante la asignación de valores para cada una de las células se obtiene la *configuración inicial*, $w_0 : \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \mapsto \mathcal{A}$ a partir de la cual el autómata celular cambia sus estados globales en intervalos de tiempo discreto. La aplicación que cambia las configuraciones globales en tiempos discretos está determinada por Φ .

$$\Phi : \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \mapsto \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$$

Para realizar lo anterior Φ se auxilia de una función $\varphi : \mathcal{A}^{|\mathcal{V}|} \mapsto \mathcal{A}$ que asigna un nuevo valor a cada una de las células del espacio considerando a la célula en cuestión y a un número de células que la rodean llamado vecindad \mathcal{V} .

De manera que la *regla de evolución local* φ ,

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

asigna un estado por cada vecindad. Donde r es el número de células a la izquierda y derecha de la célula central conocido como el radio de la vecindad.

Entonces el autómata celular evoluciona cambiando sus estados globales a partir de una configuración inicial w_0 como lo denota la secuencia:

$$\begin{aligned} \Omega^n(w_0) &= \Omega(w_0) & \text{si, } n = 1 \\ \Omega^n(w_0) &= \Omega(\Phi^{n-1}(w_0)) & \text{si, } n > 1 \end{aligned} \tag{1.1}$$

⁵El concepto de complejidad no está definido formalmente, de manera que existen muchas interpretaciones y debates sobre el mismo. En nuestro caso llamaremos comportamiento complejo en autómatas celulares a su capacidad de hacer computación universal.

⁶En dos dimensiones, la célula es $x_{i,j}$; en tres dimensiones, $x_{i,j,k}$, etc.

Esta secuencia conocida también como *evolución* o espacio fase, es objeto de estudio de los autómatas celulares (ver figura 1.1). Sin embargo, dentro del análisis de la evolución son varias las características que pueden abordarse. Una de ellas consiste en el estudio estadístico del espacio fase. Dada la secuencia $w_0, \Phi(w_0), \Phi^2(w_0), \Phi^3(w_0), \dots, \Phi^n(w_0)$. El estudio estadístico está dado por el cálculo de las densidades de las células en un estado dado, para cada estado global o configuración del autómata celular:

$$\Omega(w_0), \Omega(\Phi(w_0)), \Omega(\Phi^2(w_0)), \Omega(\Phi^3(w_0)), \dots, \Omega(\Phi^n(w_0))$$

donde

$$\begin{aligned} \Omega^t &: w_0 \mapsto \mathbb{R}, \\ \Omega^t &: \frac{1}{N} \sum_i x_i^t. \end{aligned}$$

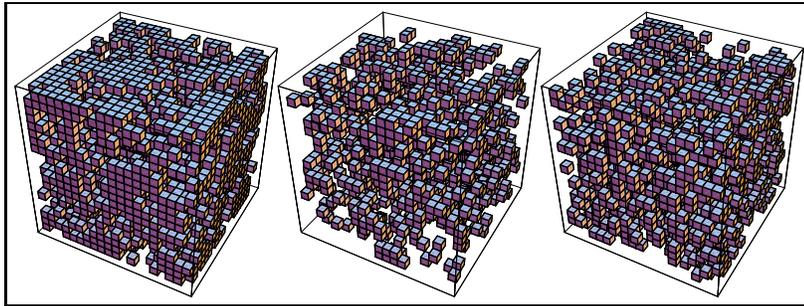


Figura 1.1: Secuencia de estados globales (evolución) en un AC binario en 3D. $w_0, \Phi(w_0)$ y $\Phi^2(w_0)$.

1.3.2 Estudio estadístico en autómatas celulares

La publicación de Dresden y Wong [29] puede considerarse como el inicio del estudio estadístico sobre autómatas celulares ya que en ésta se propone una forma de calcular la probabilidad de que ocurra un estado durante la evolución del autómata celular. Los resultados de este primer artículo dieron origen a que en 1978 Schulman y Seiden [80] presenten las primeras comparaciones entre la definición local del cálculo probabilístico contra su estimación experimental estadística. Estas propuestas llevaron el cálculo de las probabilidades en AC a utilizar una herramienta de la mecánica estadística llamada la teoría del campo medio [92].

1.3.3 La teoría del campo medio

En autómatas celulares la teoría del campo medio obtiene una función de densidad a partir de la dinámica microscópica; es decir a partir de su regla de evolución. Para realizarlo suma el producto del valor esperado de los estados de la vecindad de la regla, para aquellas vecindades que mapean a un estado en particular.

$$x_j(t+1) = \sum_{(c_1, \dots, c_m) \in \mathcal{A}^m} W((c_1, \dots, c_m) \rightarrow c^j) \prod_{i=1}^m \sum_{k=1}^{|\mathcal{A}|} (\delta_{c_i, c_k}) x_k(t) \quad (1.2)$$

donde $x_j(t+1)$ es la variable aleatoria del estado j , c_1, \dots, c_m son las células de la vecindad, c^j el estado en que mapean las vecindades, $\delta_{u,v}$ es la delta de Kronecker, es decir, $\delta_{u,v} = 1$ si $u = v$ y $\delta_{u,v} = 0$ si $u \neq v$ y $W((c_1, \dots, c_m) \rightarrow c^j)$ son todas las vecindades que mapean en un estado en particular c^j y \mathcal{A} es el conjunto de estados del autómata celular.

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

$$\begin{array}{rcccccccc} \text{Vecindades} & \rightarrow & 111 & 110 & 101 & 100 & 011 & 010 & 001 & 000 \\ \text{mapeo} & \rightarrow & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 \end{array} \quad (1.3)$$

conocida en la notación de Wolfram como la regla 110⁷.

En este caso $x_0(t)$ denota la densidad esperada de las células en el estado 0, y $x_1(t)$ la densidad esperada del estado 1. Entonces de acuerdo con 1.2, para $\mathcal{A} = \{0, 1\}$ y $x_0(t) + x_1(t) = 1$.

$$\begin{aligned} x_j(t+1) &= \sum_{(c_1, c_2, c_3) \in \{0,1\}^3} W((c_1, c_2, c_3) \rightarrow 1) \prod_{i=1}^3 (\delta_{c_i, 0}) x_0(t) + (\delta_{c_i, 1}) x_1(t) \\ &= x_1(t)x_1(t)x_0(t) + x_1(t)x_0(t)x_1(t) + x_0(t)x_1(t)x_1(t) + \\ &\quad x_0(t)x_1(t)x_0(t) + x_0(t)x_0(t)x_1(t) \\ &= 2x_0(t)^2x_1(t) + 3x_1(t)^2x_0(t) \end{aligned}$$

Si se considera $x_0(t) = p$ y $x_1(t) = p$ entonces la función de densidad asociada con esta regla es

⁷El número 110 corresponde a la asignación decimal del mapeo de la regla de evolución. $000 \rightarrow 2^0, 001 \rightarrow 2^1, \dots, 111 \rightarrow 2^7$. (Ver Apéndice)

$$f(p) = 2q^2p + 3qp^2 \quad (1.4)$$

Si graficamos esta función (considerando que $q = (1 - p)$) junto con la función identidad $f(p) = p$ tenemos que el eje x de la figura 1.2 representa los valores de la densidad actual, y el eje y nos otorga la densidad en la siguiente generación.

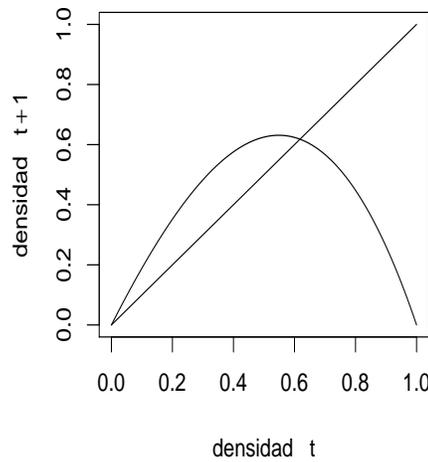


Figura 1.2: Función de densidad de la regla 110: $f(p) = 2q^2p + 3qp^2$

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:

$$(x_0, f(x_0), f(f(x_0)), f(f(f(x_0))), \dots) \quad (1.5)$$

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. Esto se puede analizar mediante una gráfica “cobweb”⁸. Los resultados sucesivos de la gráfica “cobweb” son equivalentes a las densidades de las configuraciones que evolucionan en un autómata celular. Los autómatas celulares evolucionan a partir de ciertas configuraciones

⁸O función escalera.

iniciales. De esta manera, diferentes densidades iniciales producen diferentes patrones de densidades en su evolución.

En el contexto de sistemas dinámicos a los resultados de la iteración de la función de densidad que parten de un punto x_0 , se les conoce como la órbita de x_0 [28]. Esta serie de datos representan las densidades que tendrá el autómata celular a través de su evolución.

El valor de la densidad en que se estabilizan las evoluciones del autómata celular es la probabilidad del estado cuya densidad se está calculando. El cálculo de este valor en términos de la función escalera consiste en encontrar los puntos fijos (atractores) como lo ilustra la figura 1.3.

Si calculamos el valor a que tiende a estabilizarse la función escalera (ver figura 1.3) a partir de la función de densidad presentada en 1.4 puede apreciarse que el valor de la densidad tiende a 0.618 a partir de dos densidades iniciales distintas⁹.

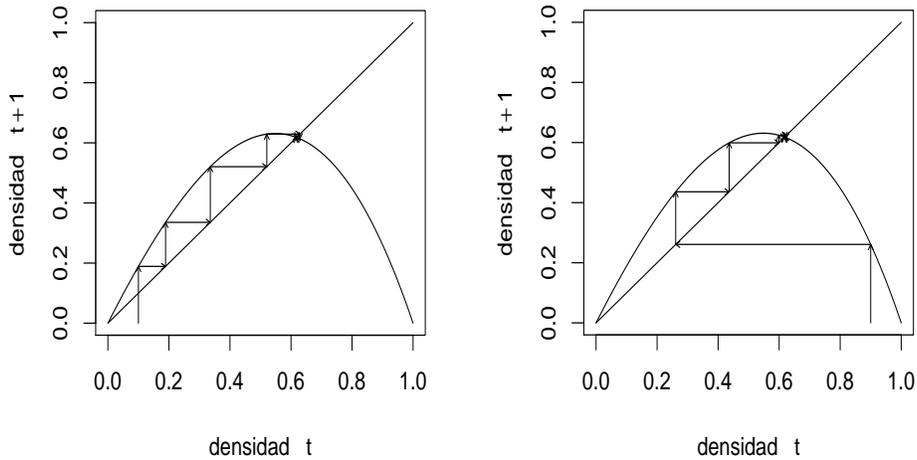


Figura 1.3: Análisis del punto fijo a partir de dos densidades iniciales: 0.1 y 0.9

Se puede realizar otro análisis a partir de la función de densidad de la teoría del campo medio (TCM), a saber, el estudio de los distintos valores de densidad en que se estabiliza el sistema

⁹Debido al poder que otorga este tipo de análisis, Chaté y Manneville deseaban mantener el estudio de las densidades de los autómatas celulares en términos de la TCM.

para distintas reglas de evolución. Esto es posible utilizando los diagramas de bifurcación donde el parámetro λ nos indica cuántas vecindades están mapeando a 1. Dado que $f(p) = 2q^2p + 3qp^2$ nos indica que tres vecindades están formadas con dos 1's y un 0 y que dos vecindades formadas con dos 0's y un 1; entonces $f(p) = \lambda 2q^2p + 3qp^2$ formará una familia de funciones de densidad variando $2q^2p$. Este análisis se puede realizar en el esquema general de la teoría del campo medio para todos los autómatas celulares con 2 estados y radio 1, en cualquiera de sus variantes: $f(p) = \lambda p^3 + 3q^2p + 3qp^2 + q^3$, $f(p) = p^3 + \lambda 3q^2p + 3qp^2 + q^3$, $f(p) = p^3 + 3q^2p + \lambda 3qp^2 + q^3$, $f(p) = p^3 + 3q^2p + 3qp^2 + \lambda q^3$ y $f(p) = \lambda(p^3 + 3q^2p + 3qp^2 + q^3)$.

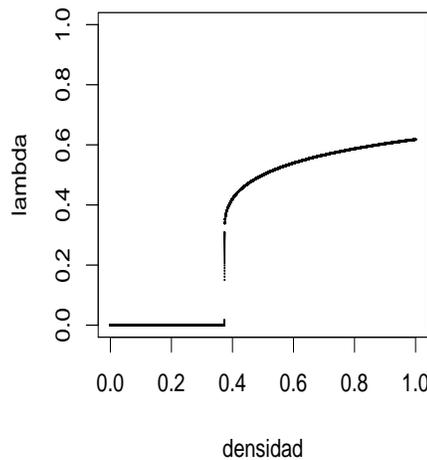


Figura 1.4: Diagrama de bifurcación de la función de densidad $f(p) = \lambda 2q^2p + 3qp^2$ donde la variación de λ va formando una familia de funciones de densidad y la respectiva densidad en que se estabilizan.

Note que la expresión 1.2 solamente codifica la información combinatoria contenida en la regla de evolución local, la cual mapea la configuración de una vecindad en un estado, por lo que no refleja la estructura del espacio en donde opera el autómata celular. Por lo tanto la teoría del campo medio no distingue entre modelos de autómatas celulares que tengan reglas cuyas vecindades tengan el mismo número de 0's y 1's¹⁰ [40]. La ecuación 1.2 es llamada una ecuación

¹⁰Por ejemplo, la regla $\{001, 010\} \mapsto 1$ y la regla $\{100, 010\} \mapsto 1$ tienen la misma expresión: $f(p) = 2q^2p$.

de *campo medio* debido a que cada célula sólo depende del promedio de las otras células de la vecindad; y ésta es exacta cuando:

- el espacio es infinitamente grande y
- los estados de las células son reasignados aleatoriamente después de la actualización.

Aunque la TCM ofrece las ventajas de utilizar la teoría de los sistemas dinámicos discretos en su análisis experimental se ha encontrado que es mejor para algunas reglas de evolución que para otras. Utilizando el método de Monte Carlo, Stephen Wolfram [92] se dio cuenta que la TCM predice de manera aceptable algunas reglas¹¹, sin embargo ya Schulman y Seiden [80] habían mostrado que la TCM realiza aproximaciones poco precisas para reglas complejas¹². La causa de este problema es que la TCM no considera la dependencia que existe entre las células de un autómata celular.

Para resolver el margen de error de la TCM, Gutowitz [40] propone otra forma de predecir las densidades conocida como la teoría de la estructura local. Esta teoría tiene como antecedentes procedimientos más refinados, como el cálculo de la probabilidad de un bloque, utilizados por Lipman y Shamma [100]. Y mejora la precisión del cálculo de densidades tomando en cuenta las correlaciones entre las células del AC.

1.3.4 La teoría de la estructura local

La teoría de la estructura local (TEL) 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 exista 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.

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 , que otorgan como imagen a b bajo la regla de evolución.

¹¹Para la regla 60, por ejemplo, la TCM predice exactamente la densidad límite de 0.5

¹²Por ejemplo, para la regla 22, la TCM predice como densidad a 0.42 cuando el valor de una mejor estimación es de 0.35.

$$P_b^{t+1} = \sum_{B|\varphi(B)\mapsto b} (P_B^t), \quad (1.6)$$

Si en un autómata celular consideramos un bloque de tamaño $n+2r$ donde $\Phi(B_{n+2r}) \mapsto B_n$ la ecuación 1.7 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 $n-1$.

$$P_n^{t+1}(B') = \sum_{B \in B_{n+2r}} \delta(\tau(B), B') \frac{P_n^t(\mathbf{R}^2 B) P_n^t(\mathbf{R} L B) P_n^t(\mathbf{L}^2 B)}{P_n^t(\mathbf{R}^2 L B) P_n^t(\mathbf{L}^2 R B)} \quad (1.7)$$

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. L y R son operadores que truncan a los bloques quitando el elemento de la izquierda o derecha respectivamente.

Como puede verse, la TEL representa 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 es bajo este contexto un caso especial de la teoría de estructura local, 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 $n+1$ está dada por el producto de eventos entre la intersección de ellos como lo muestra la figura 1.5.¹³

La segunda corresponde a las condiciones de Kolmogorov que se fundamentan en el uso de una medida llamada probabilidad. Dada una transformación P_n de $(B_n, B_{n-1}, \dots, B_0) \mapsto \mathbb{R}$, se considera una *Función de Probabilidad de Bloques de orden n* si satisface las *Condiciones de Consistencia de Kolmogorov*.

¹³La idea detrás de esto es que la probabilidad de eventos que se intersectan, es el producto de las probabilidades individuales entre la probabilidad de su intersección. En términos de bloques la probabilidad de un bloque de tamaño $n+1$ (bloque ancestro) está dada por el producto de las probabilidades de los bloques de tamaño n (hijos) que contienen, entre los bloques de tamaño $(n-1)$ formados por las intersecciones de los bloques de tamaño n .

$$P(\text{[blue|green|yellow]}) = \frac{P(\text{[blue]}) P(\text{[yellow]})}{P(\text{[green]})}$$

Figura 1.5: Extensión de Bayes

$$P_n(B) \geq 0 \quad \text{para } |B| = 0, 1, \dots, n. \quad (1.8)$$

$$\sum_{B \in B_m} P_n(B) = 1 \quad \text{para } m = 0, 1, \dots, n. \quad (1.9)$$

$$P_n(B') = \sum_{B|RB=B'} P_n(B) \quad \text{para } |B'| < n, \quad (1.10)$$

$$P_n(B') = \sum_{B|LB=B'} P_n(B) \quad \text{para } |B'| < n, \quad (1.11)$$

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, por sus dos últimas condiciones (1.10) y (1.11), permite reducir el cálculo de la probabilidad de un bloque de tamaño mayor a 1 en un bloque de tamaño igual a 1. Esto último nos va a permitir obtener la estimación de la probabilidad de la ocurrencia de un estado.

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 está definido en términos del cálculo de sus ancestros. Si se desean calcular bloques de cierto tamaño se tendrá que calcular los ancestros de éstos, de manera que los pasos a seguir son:

1. Encontrar la contraimagen bajo φ de cada bloque de longitud n . Para cada bloque de tamaño n , se tienen $(n + 2r)$ ancestros.
2. Calcular la probabilidad de cada $(n + 2r)$ bloques usando la extensión bayesiana (ver ecuación 1.7) donde dado un bloque $B_n = (b_1, b_2, b_3, b_4, \dots, b_n)$ de tamaño n :
 - (a) $LB_n = (b_2, b_3, b_4, \dots, b_n)$ y

$$(b) RB_n = (b_1, b_2, b_3, b_4, \dots, b_{n-1}).$$

3. 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.
4. Repetir estos pasos hasta la localización de una densidad estable.

Para ilustrar la TEL calculamos la probabilidad de que ocurra el estado 1 en la regla 22 ($\{001, 100, 010\} \mapsto 1$ y $\{011, 101, 110, 111, 000\} \mapsto 0$), 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:

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

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:

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

o

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

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:

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

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

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

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

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

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

por lo tanto $P(1) = 0.3585$.

1.3.5 El comportamiento colectivo no trivial en autómatas celulares

Aunque TEL predice mejor que la TCM la densidad en los AC unidimensionales, la expresión matemática que obtiene para realizar este cálculo no permite el uso de la teoría de los sistemas dinámicos discretos [40] por lo que varios investigadores [10], [20], [51] decidieron continuar el análisis con TCM esperando obtener mejores aproximaciones mediante el aumento del espacio y las dimensiones de los AC estudiados.

En esa dirección, Chaté y Manneville publicaron un artículo en 1991 con el nombre de “*Evidence of collective behaviour in cellular automata*” en *Europhysics Letters* [20]¹⁴. Sin embargo, la utilización de TCM mediante el aumento de dimensión y espacio, en lugar de mostrar que la densidad convergía en un solo punto, mostraba su estabilidad de manera periódica y cuasiperiódica sobre tres puntos (ver figura 1.6).

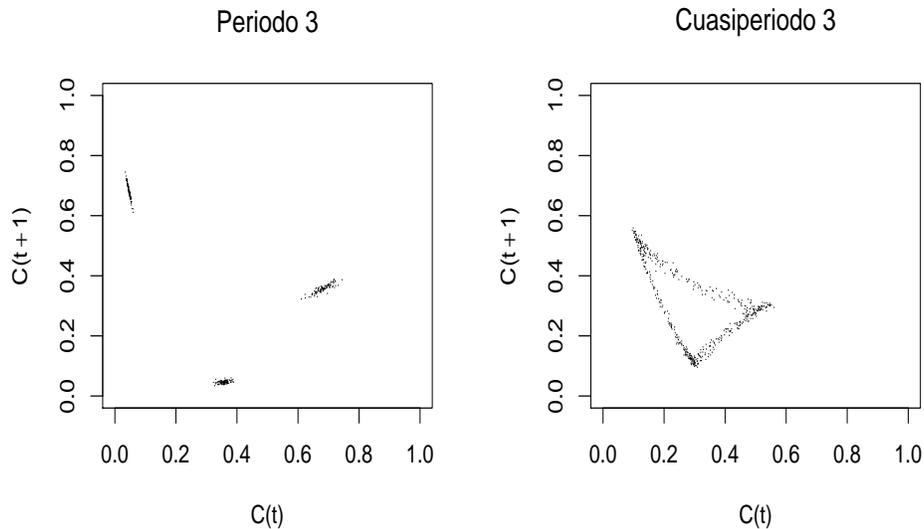


Figura 1.6: Mapa de retorno que muestra un comportamiento cuasiperiódico y periódico de ciclo 3

La importancia de estos resultados es que no coinciden con las predicciones hechas por la teoría del campo medio y contradicen las aseveraciones realizadas en dos artículos publicados

¹⁴Poco después estos mismos resultados se presentarían con más detalle en *Progress of Theoretical Physics* [21].

por Tomas Bohr y G. Grinstein en 1987 [14] y 1988 [44], respectivamente. En particular, el segundo, argumenta la gran dificultad que existe para que un sistema se estabilice con periodicidad colectiva, y lo complicado de establecer las condiciones para que fuese posible. Sin embargo, los autómatas celulares descubiertos por Chaté y Manneville muestran periodicidad colectiva y gran estabilidad en presencia de ruido¹⁵.

El conjunto de artículos que se generaron a partir del resultado de Chaté y Manneville se pueden clasificar en tres grandes grupos:

- Aquellos que niegan la posibilidad de que exista un fenómeno de estabilidad colectiva,
- los que apoyan el CCNT con más evidencias y, finalmente,
- los que han tratado de explicar el fenómeno.

En el primer grupo podemos considerar a lo publicado por Jens M. Houlrik, Itzhak Webman y Mogen H. Jensen [51], quienes realizan el estudio mediante mapeos acoplados¹⁶ declarando que nunca se detecta CCNT. Sin embargo, el estudio se realizó en una dimensión y el fenómeno de periodicidad colectiva solo se da de 3 dimensiones en adelante. Otro artículo que negaba que lo encontrado por Chaté y Manneville fuera verídico fue escrito por Charles H. Bennet, G. Grinstein, Yu He, C. Jayaprakash y David Mukamel en [5], quienes exponían que era imposible dado que la varianza discreta del tiempo de traslación se rompe espontáneamente. Dicho argumento es respaldado con el estudio de la estabilidad en sistemas dinámicos discretos.

En el segundo grupo se encuentra la publicación de J.A.C. Gallas, P. Grassberger, H.J. Herrman y P. Ueberholz [35], que confirmaría el hallazgo en 4 y 5 dimensiones sobre grandes espacios y tiempos muy largos. Estos sostienen que el fenómeno es metaestable; es decir que el valor de la densidad finalmente cae en un solo valor. Aunque para algunos investigadores este dato demostraba la concepción artificial del fenómeno, para otros investigadores la observación de que el fenómeno duraba tanto tiempo daba un motivo valioso para tratar de explicarlo.

En 1992, Y. Pomeau en [76] 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, éste mostrará un comportamiento periódico en el tiempo, sucediendo fluctuaciones Gaussianas aleatorias con una amplitud de \sqrt{N} .

Poco después se encontró que realmente no eran necesarias dimensiones tan altas para que el fenómeno de Chaté Manneville se presentara. Jan Hemmingsson en [50] descubrió un autómata

¹⁵En términos de autómatas celulares el “ruido” significa modificar de manera arbitraria las configuraciones durante la evolución.

¹⁶Sistemas dinámicos discretos en el tiempo pero con variables continuas.

celular en tres dimensiones que mostraba el comportamiento cuasiperiódico 3. En el mismo artículo aborda la rotación de las densidades que forman el **cuasiperiodo** para este autómata celular.

El mismo año de 1992, el propio Chaté y Manneville volvieron a confirmar el CCNT pero utilizando mapeos acoplados [22].

En 1993 se sigue confirmando la existencia de comportamiento colectivo, pero esta vez con un autómata celular probabilístico con la incorporación de 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 [54], 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.

Finalmente, se tiene al grupo de publicaciones que intenta dar una explicación al fenómeno. Dentro de este último grupo quizás la línea que causó más impacto tiene que ver con el concepto de sincronización, de membranas y microcélulas. La sincronización se sostiene 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 éstas actúan al unísono. 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 en nuestro caso es 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. Aunque se considerara posible lo anterior, falta dar respuesta a la pregunta ¿Porqué la sincronía iba a lograr un ciclo 3?.

Lo que acabó con la idea de la sincronización en todo el espacio del autómata celular fue el artículo titulado “*What Synchronization*”, escrito por Hemmingsson, A. Sørensen, H. Flyvbjerg y H.J. Herrmann [49]; donde se argumenta que la sincronización no es el fenómeno que causa el periodo o cuasiperiodo 3. Exponen que el espacio se divide en regiones, algo parecido a las microcélulas y membranas de Wolfram (ver figura 1.7) donde es posible que las células se comuniquen en espacios de tiempo cortos. Para que ocurra este fenómeno, el autómata celular 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. Este artículo abre otra línea de investigación que intenta explicar el fenómeno del CCNT en términos de membranas y microcélulas.

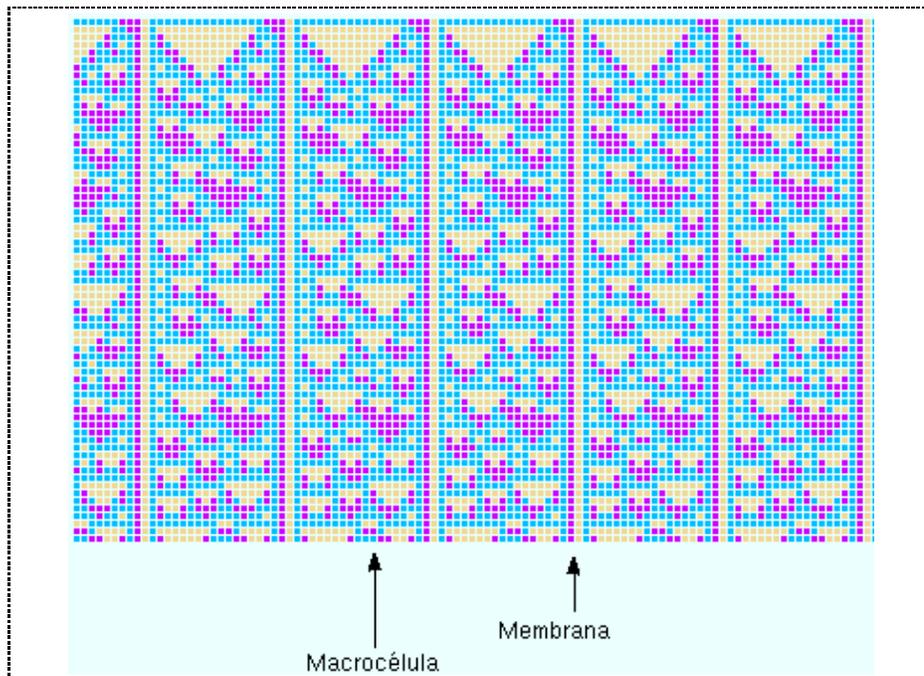


Figura 1.7: Membranas y macrocélulas en un autómata celular unidimensional. Las membranas son regiones aisladas, las macrocélulas evitan que éstas interactúen con el resto de las células en el autómata celular.

En otro escrito posterior en la misma línea de investigación se aclaran algunos detalles acerca de los subsistemas en que se divide el espacio del autómatas celular. Hemmingsson y Herrmann en [48] 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.

Sin embargo, esta línea tuvo la misma suerte que la de la sincronización cuando aparece el artículo escrito por P.M. Binder [11], en donde se refuta la teoría de la división del espacio del autómatas celular en subsistemas de ciclos independientes, propuesta hecha anteriormente por Hemmingsson y otros en [48] y [49]. La contribución fundamental de Binder demuestra que la existencia de las microcélulas es imposible.

En 1994 se publicó un artículo titulado “Do Globally Coupled Maps Really Violate the law of Large Numbers?” [74], 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 Perron-Frobenius, 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.

A pesar de que hay plena evidencia de la existencia del ciclo tres, no existe aún una explicación de qué lo genera. En respuesta a esto, en 1995 Chaté publica en *Physica D* [19], un resumen sobre las investigaciones realizadas hasta la fecha y analiza el estado del arte de éstas. 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. 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.

En 1996, Anaël Lemaître, Chaté y Manneville [57], 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 su existencia no se ha resuelto aún.

Otro artículo titulado “*Non-Trivial collective behaviour in extensively-chaotic dynamical systems: an update*” [23], salió el mismo año casi simultáneamente al artículo [57]. En él, Chaté, Lemaître, Marcq y Manneville exponen sus ideas actuales acerca del fenómeno colectivo no trivial, tal como lo están abordando ahora. El tema central es la discusión de la naturaleza del fenómeno colectivo no trivial en donde se plantea:

- La incapacidad de la aproximación del campo medio para explicar el fenómeno.
- Un modelo que proporciona un mejor entendimiento de cuáles son las correlaciones importantes en el origen del comportamiento colectivo.
- Las propiedades de las fases de transición de los puntos de bifurcación globales entre dos tipos de fenómenos colectivos.

Resumiendo estas últimas alternativas podemos decir que el intento más reciente de explicar CCNT viene del estudio de mapeos acoplados, llegando a la ecuación Kardar-Parisi-Zhang [24] y al operador de Perron-Frobenius [25], sin embargo los modelos matemáticos resultantes no son integrables y por lo tanto este fenómeno sigue sin una explicación.

1.4 Descripción de la tesis

La tesis esta organizada de la siguiente manera. En el primer capítulo se dan algunas definiciones y nociones fundamentales. Se da una introducción al comportamiento colectivo no trivial, la motivación por tratar este tema y el objetivo de la tesis. Se presenta un recuento histórico de las principales publicaciones que han abordado al CCNT así como las principales líneas de investigación en torno a ésta. Durante este recuento y de manera cronológica se abordan las dos principales formas de calcular el comportamiento de las densidades en autómatas celulares, a saber, la teoría del campo medio y la teoría de la estructura local. Esto permite dejar un antecedente para que el lector aborde en el tercer capítulo de esta tesis la nueva forma que proponemos para caracterizar el comportamiento de las densidades. Finalmente, se expone la organización del trabajo donde se muestra de una manera concreta el propósito de cada una de las partes, el entretendido en todo el trabajo así como los resultados obtenidos.

A partir de la fundamentación matemática realizada por Hedlund de los autómatas celulares, en el capítulo II se desarrollan los detalles que permiten establecer la definición de un espacio de probabilidad en los autómatas celulares y por lo tanto la validez de realizar el cálculo de probabilidades sobre los mismos.

En el tercer capítulo se determinan las condiciones bajo las cuales la teoría del campo medio puede ser un método preciso en la predicción de las densidades de los autómatas celulares.

En el cuarto capítulo se aborda el problema de calcular preimágenes en autómatas celulares en términos de la “busqueda de caminos” del álgebra regular. Esto permite simplificar dicho cálculo en términos de operaciones sobre matrices de preimágenes y operadores especiales.

Una vez que se tiene el cálculo de las preimágenes, en el quinto capítulo se describe el cálculo de los polinomios que caracterizan la densidad de los autómatas celulares. En este capítulo se definen también los criterios de convergencia de la sucesión de estos polinomios de densidad; como casos de estudio se caracteriza el comportamiento de las densidades de todos los autómatas celulares unidimensionales $(2,1)$, y se propone un nuevo esquema de clasificación de los mismos.

Finalmente en el capítulo VI se aborda el fenómeno del CCNT calculando sus polinomios de densidad mediante el Método de Monte Carlo. Como casos de estudio se estudia el autómata celular de Hemmingsson en 3D y la regla 385 en 4D. En este capítulo se presenta también la simulación del fenómeno del comportamiento colectivo no trivial en 1D y 2D.

Después del capítulo VI se presentan las conclusiones del trabajo y como apartados anexos a la tesis se plantean las líneas de investigación que se derivan de esta tesis, así como un Atlas de la aplicación de las funciones de densidad a todos los autómatas celulares unidimensionales de 2 estados y radio 1.

Capítulo 2

Estructura y enfoque axiomático de los autómatas celulares

El objetivo de este capítulo es definir la estructura formal de los autómatas celulares con el fin de construir sus espacios de probabilidad. Para llevar a cabo esto, hemos organizado el capítulo de la siguiente manera.

Primero se describen la problemática y la importancia de construir los espacios de probabilidad en autómatas celulares. Después se define de manera formal el espacio y la dinámica de un autómata celular, esto consiste en definir el espacio de configuraciones (sección 2.2) y la función local y global, lo que nos lleva a la definición de autómata celular como un sistema dinámico simbólico, tal como lo define Hedlund [47]. Posteriormente en la sección 2.3 se presenta el concepto de métrica lo cual permitirá encontrar una serie de propiedades y la construcción de una topología en los autómatas celulares. De lo anterior se desprende la construcción de una topología para los autómatas celulares. Basándonos en el concepto de conjuntos de cilindros en la subsección 2.3.1 se define un espacio compacto en la sección 2.4. A partir de él se determina el espacio de medida en la sección 2.5 y finalmente el espacio de probabilidad en la subsección 2.5.2.

La necesidad de clarificar bajo qué condiciones los autómatas celulares hacen uso de los conceptos de la teoría de la probabilidad, nos lleva a la aplicación del enfoque axiomático de Kolmogorov. La conceptualización del espacio de configuraciones $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ con la definición de conjuntos de cilindros se ajusta muy bien dentro de la teoría de conjuntos la cual es la base de la teoría de la medida relativa a funciones de una variable real.

El tratamiento axiomático para fundamentar las propiedades probabilísticas de los autómatas celulares tienen como finalidad clarificar la definición clásica y el surgimiento estadístico el cual

aparece como una controversia en el tipo de autómatas celulares de Chaté y Manneville.

2.1 Introducción

El espacio de los autómatas celulares consiste en mallas discretas compuestas por células. Si se asignan los estados de un conjunto finito \mathcal{A} , a cada una de las células, convertimos las mallas en configuraciones. Al conjunto de todas estas posibles configuraciones se le conoce como el espacio de configuraciones $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ de un autómata celular. Si a este espacio se le proporciona una métrica que permita determinar la distancia entre sus configuraciones, se obtienen conjuntos de cilindros como conjuntos básicos de la topología inducida por esta métrica. Al fijar el tamaño de estos conjuntos de cilindros se obtiene una partición finita del espacio de configuraciones, una partición de conjuntos abiertos que pueden ser provistos de una medida μ , que cumple con:

1. Si A_i , para $i = 1, 2, 3, \dots$, donde $A_i \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ son ajenos, entonces $\mu(\bigcup_{i=1}^{\infty} A_i) = \sum_{i=1}^{\infty} \mu A_i$.
2. Para toda $A_i \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, $\mu(A) \leq 0$.
3. $\mu(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}) = 1$.

obteniendo las condiciones para un espacio de probabilidad. Es decir, el uso de la Teoría de la Probabilidad en el espacio de configuraciones de los autómatas celulares.

Este esquema ha sido señalado por Gutowitz en [40] y Lind en [61], ambos basándose en el planteamiento axiomático de Kolmogorov de la probabilidad [38], en la teoría ergódica y en la teoría de la medida [4] y en desarrollo topológico que realizó Hedlund de los autómatas celulares [47]. Sin embargo, ninguno de los dos deja claro cómo los conjuntos de cilindros formados por la métrica que ellos proponen, pueden ser provistos con una medida de probabilidad. El problema aquí, como veremos más tarde, es que no todas las métricas permiten asignar una medida de probabilidad. El objetivo de este capítulo es retomar el planteamiento axiomático del cálculo de probabilidades en autómatas celulares proponiendo una métrica que permita establecer una medida de probabilidad en los conjuntos de cilindros y por lo tanto mostrar de manera explícita por qué es posible realizar cálculos de probabilidades en los autómatas celulares.

2.2 Espacio de configuraciones de un autómata celular

2.2.1 Espacio de configuraciones $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$

El concepto estructural del espacio de configuraciones $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ se basa en la definición de sus objetos como elementos \mathbf{x} de corrimiento total sobre el cual opera un autómata celular.

Definición 2.1 (Corrimiento total). *Sea \mathcal{A} un conjunto finito de símbolos llamado alfabeto, entonces definimos el **Corrimiento Total** $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ como:*

$$\mathcal{A}^{\mathbb{Z}} = \{\dots, x_{-2}, x_{-1}, x_0, x_1, x_2, \dots \mid x_i \in \mathcal{A}, i \in \mathbb{Z}\} \quad (2.1)$$

Si \mathcal{A} es un alfabeto de símbolos una palabra $w \in \mathcal{A}^*$, se define como una secuencia finita de símbolos de \mathcal{A} , con λ como la palabra vacía. Un bloque \mathbf{b} es una secuencia finita de símbolos tal que $\mathbf{b} \in \mathcal{A}^*$. El número de elementos define la longitud de \mathbf{b} . Si $\mathbf{b} = x_1 \dots x_k$ entonces la longitud de \mathbf{b} , denotada por $long(\mathbf{b}) \cong |\mathbf{b}| = k$, de tal forma que $long(\mathbf{b}) \cong |\mathbf{b}| : \mathcal{A}^* \mapsto \mathbb{N}$.

Un subbloque o subpalabra de $\mathbf{b} = b_1 b_2 \dots b_k$ es un bloque de la forma $b_i b_{i+1} \dots b_j$, donde $1 \leq i \leq j \leq k$.

Definición 2.2 (Bloque y Bloque Central). *Dado $x \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, un bloque $\mathbf{x}_{[i,j]}$ de coordenadas i, j en \mathbf{x} es una secuencia de símbolos definida como:*

$$\mathbf{x}_{[i,j]} = \begin{cases} x_i x_{i+1} \dots x_j & \text{si, } i \leq j \\ \lambda & \text{en cualquier otro caso} \end{cases} \quad (2.2)$$

Dado lo anterior podemos considerar un bloque central de tamaño $(2k + 1)$ como $\mathbf{x}_{[-k,k]} = x_{-k} x_{-k+1} \dots x_{k-1} x_k$.

Definición 2.3 (Sistema dinámico de corrimiento). *Dado el conjunto $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ de configuraciones de un autómata celular, la función $\sigma : \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \rightarrow \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ que lleva a cabo la transformación $y_i = x_{i+1}$ es conocida como función de corrimiento (ver Fig. 2.1). Entonces el par ordenado $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \sigma)$ formado por el espacio de configuraciones y la función de corrimiento se le conoce como un **Sistema Dinámico de Corrimiento** sobre \mathcal{A} .*

Existe también la función inversa σ^{-1} que da el corrimiento de un lugar hacia la derecha. La composición de σ $k > 0$ veces (σ^k), considera una secuencia de corrimientos de k lugares a la izquierda y (σ^{-k}) considera una secuencia de corrimiento de k lugares hacia la derecha.

Un autómata celular es una función que opera sobre el espacio de configuraciones $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$. El autómata celular realiza transformaciones sobre el espacio de configuraciones mediante $\Phi : \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \mapsto$

$$\begin{array}{cccccccccccc}
 x & = & \dots & x_{-3} & x_{-2} & x_{-1} & x_0 & x_1 & x_2 & x_3 & \dots \\
 \downarrow \sigma & & & \swarrow & \\
 y = \sigma(x) & = & \dots & x_{-2} & x_{-1} & x_0 & x_1 & x_2 & x_3 & x_4 & \dots
 \end{array}$$

Figura 2.1: Función de corrimiento

$\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$; función que a su vez se auxilia de una función que transforma $\Phi : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}$. Hedlund demostró en [47] que Φ es continua y conmuta con la función de corrimiento σ .

Podemos definir entonces, a un autómata celular como:

Definición 2.4 (Autómata celular). *Un autómata celular es una función continua Φ , que conmuta con σ , ($\Phi \circ \sigma = \sigma \circ \Phi$). Las transformaciones que realiza Φ están dadas a partir de una función local φ que va de un conjunto de secuencias finitas de n símbolos conocido como bloques de tamaño n a un solo símbolo: $\varphi : \mathcal{A}^n \mapsto \mathcal{A}$.*

El punto importante en términos de la topología del espacio de configuraciones es que el autómata celular realiza transformaciones del espacio de configuraciones sobre sí mismo $\Phi : \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \mapsto \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$. Es decir es cerrado bajo la transformación o en otros términos se mantienen los objetos de estudio, es decir las configuraciones a través de estos mapeos.

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

Introducir el concepto de distancia sobre el espacio de configuraciones de corrimiento $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, representa uno de los mejores resultados para encontrar propiedades topológicas del espacio métrico $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d})$. El espacio de corrimientos $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ es un conjunto de configuraciones $\{\mathbf{x}_i\}$ donde es posible definir distancias entre los elementos $d(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j)$. De acuerdo a los objetivos de construcción topológica, se pueden definir varias distancias que a su vez forman una métrica. Hedlund [47], Kitchens [55] y Lind-Marcus [62] muestran varias formas de hacerlo.

Sin embargo, desde nuestro punto de vista, a partir de ninguna de las definiciones que ellos presentan sobre distancia y su métrica, puede establecerse de manera clara la definición de medida de probabilidad sobre los conjuntos que se forman bajo dichas métricas.

De manera que aquí se propone una forma de definir una distancia que cumple con las propiedades de una métrica y que permite de manera natural llegar a la definición de medida de probabilidad.

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 2.5 (Distancia entre bisecuencias 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:

$$\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \left| \sum_{i=-m}^m x_i - \sum_{i=-m}^m y_i \right| \quad (2.3)$$

Una vez definida una distancia se tiene que verificar si ésta cumple con las propiedades de una métrica a fin de tener un espacio métrico.¹

Definición 2.6 (Espacio métrico). Sea $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ un conjunto de configuraciones de un autómata celular, 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. $\forall \mathbf{x}, \mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} : \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \geq 0$
2. $\forall \mathbf{x}, \mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} : \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = 0 \Leftrightarrow \mathbf{x} = \mathbf{y}$
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**.

Teorema 2.1. $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$ es un espacio métrico.

Demostración. Sean \mathbf{x} y $\mathbf{y} \in (\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ y la distancia $d(\mathbf{x}, \mathbf{y})$ definida en (2.3), entonces $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$ es un espacio métrico si :

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

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

Si $\mathbf{x} = \mathbf{y}$, implica que todos los símbolos de ambas bisecuencias son iguales y por lo tanto de acuerdo a la definición de distancia 2.3, la suma de los símbolos es la misma por lo que su resta en valor absoluto dará 0, es decir $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = 0$.

¹Note que para la definición de la distancia en este caso sólo se consideran como símbolos a los enteros positivos de manera que se pueden sumar.

Si $\mathbf{x} \neq \mathbf{y}$, implica que al menos un símbolo de ambas bisecuencias difiere. Si al menos un símbolo difiere, digamos $x_i > y_i$ entonces $\mathbf{x} > \mathbf{y}$ y $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \geq 0$. Si varios símbolos de las bisecuencias difieren, las siguientes situaciones pueden ocurrir:

- (a) $(\sum_{i=-m}^m x_i) > (\sum_{i=-m}^m y_i)$ implica $\mathbf{x} > \mathbf{y}$ y $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) > 0$.
- (b) $(\sum_{i=-m}^m x_i) < (\sum_{i=-m}^m y_i)$ implica $\mathbf{x} < \mathbf{y}$ pero como se tiene el valor absoluto de la resta entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) > 0$.
- (c) $(\sum_{i=-m}^m x_i) = (\sum_{i=-m}^m y_i)$ entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = 0$.

por lo tanto para cualquier \mathbf{x} y $\mathbf{y} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \geq 0$ se cumple.

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

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

Si $\mathbf{x} = \mathbf{y}$, entonces, $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = 0$ y $d(\mathbf{y}, \mathbf{x}) = 0$ por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = d(\mathbf{y}, \mathbf{x})$.

Si $\mathbf{x} \neq \mathbf{y}$, entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = 0$ o $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) > 0$ o $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) < 0$. De manera que si:

- (a) $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = 0$, entonces $d(\mathbf{y}, \mathbf{x}) = 0$, por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = d(\mathbf{y}, \mathbf{x})$
- (b) Si $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) > 0$, entonces $|\sum_{i=-m}^m x_i - \sum_{i=-m}^m y_i| = k$.
- (c) Si $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) < 0$, entonces $|\sum_{i=-m}^m x_i - \sum_{i=-m}^m y_i| = k$, por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = d(\mathbf{y}, \mathbf{x})$.

3. $\mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{z})$. Dadas las bisecuencias \mathbf{x} y \mathbf{y} y $\mathbf{z} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$. Podemos tener las siguientes situaciones:

- (a) Si $\mathbf{x} = \mathbf{y} = \mathbf{z}$, entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) = \mathbf{0}$, $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{0}$ y $d(\mathbf{y}, \mathbf{z}) = \mathbf{0}$, por lo que $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) = d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$, por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$.
- (b) Si $\mathbf{x} = \mathbf{y} \neq \mathbf{z}$, entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \mathbf{0}$, por lo que $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq \mathbf{d}(\mathbf{y}, \mathbf{z})$, pero como $\mathbf{x} = \mathbf{y}$ entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{z})$ y por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$
- (c) Si $\mathbf{x} \neq \mathbf{y} = \mathbf{z}$, entonces $d(\mathbf{y}, \mathbf{z}) = \mathbf{0}$, por lo que $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$, pero como $\mathbf{y} = \mathbf{z}$ entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{z})$ y por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$
- (d) Si $\mathbf{x} \neq \mathbf{y} \neq \mathbf{z}$. En este caso podemos tener las siguientes posibilidades:
 - i. $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = 0, d(\mathbf{y}, \mathbf{x}) = 0$ y $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) = 0$ entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) = d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$ y por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$
 - ii. $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = 0, d(\mathbf{y}, \mathbf{x}) > 0$ y $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) > 0$ entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) = d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$ y por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$

- iii. $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) > 0, d(\mathbf{y}, \mathbf{x}) = 0$ y $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) > 0$ entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) = d(\mathbf{x}, \mathbf{y})$ y por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$
- iv. $d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) > 0, d(\mathbf{y}, \mathbf{x}) > 0$ y $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) = 0$ entonces $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) < d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$ y por lo tanto $d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{y}) + d(\mathbf{y}, \mathbf{z})$

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

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. Ahora, debido a que con la distancia sabemos qué tan lejos o cerca están entre sí las configuraciones, podemos agruparlas en subconjuntos de acuerdo a su cercanía. Si estos nuevos subconjuntos contemplan a todas las configuraciones posibles y son ajenos entre sí entonces se tiene lo que se conoce como conjuntos de cilindros. Es decir una partición finita del espacio de configuraciones en subconjuntos que son abiertos.

2.3.1 Topología de conjuntos de cilindros

Definición 2.7 (Conjuntos abiertos). *Sea $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$ un espacio métrico, se dice que $\mathbf{B} \subset \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, es un subconjunto abierto si para cualquier $\mathbf{x} \in \mathbf{B}$, es un punto interior de \mathbf{B} .*

Definición 2.8 (Punto interior). *Se dice que $\mathbf{x} \in \mathbf{B}$ es un punto interior de \mathbf{B} , si existe un número real $\rho > 0$ tal que:*

$$\mathbf{V}(c; \rho) \subset \mathbf{B}$$

$\mathbf{V}(c; \rho)$ se determina como una esfera abierta de radio ρ con centro c y se define como el conjunto de todos los puntos interiores que difieren de \mathbf{B} en menos de una distancia ρ .

$$\mathbf{V}(c; \rho) = \{\mathbf{x} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} \mid \mathbf{d}(c, \mathbf{x}) < \rho\}$$

Definición 2.9 (Esfera abierta de configuraciones). *Sea $\mathbf{x} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ una configuración, definimos una esfera abierta $E_{\rho}(c; \rho)$, de radio ρ y centro c , como el subconjunto \mathcal{X} de todas las configuraciones \mathbf{x}_i que difieren de \mathbf{x} en menos de $\rho = 1$. Es decir*

$$E(\mathbf{x}; \rho) = \{\mathbf{x}_j \in \mathcal{X} \mid \mathbf{d}(\mathbf{x}, \mathbf{x}_j) < \rho\}$$

con la definición de distancia (2.5).

En nuestro caso estamos interesado en $\rho = 1$ entonces las esferas abiertas del espacio métrico $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$ son el conjunto de configuraciones que se determina de acuerdo a la suma de un bloque central $c_{[-k,k]}$. El resultado de 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 2.10 (Conjuntos de Cilindros). *El conjunto $C(\mathbf{x}_{[-k,k];\rho}) = C(x_{-k} \dots x_k; \rho)$ 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:*

$$C_\rho(\mathbf{x}_{[-k,k]}) = \{\mathbf{x}_j \in \mathcal{X} \mid d(\mathbf{x}, \mathbf{x}_j) < \rho\}$$

Es decir, la agrupación en subconjuntos de aquellas configuraciones que coinciden con la suma de su bloque central de tamaño $2k + 1$ (ver Figura 2.2).

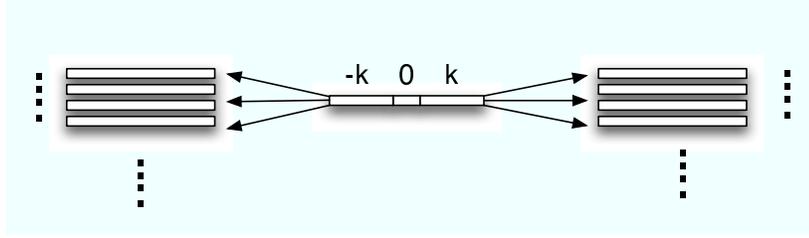


Figura 2.2: Formación de los conjuntos de cilindros

Teorema 2.2. *Los conjuntos de cilindros son conjuntos abiertos.*

Demostración. Sea $C(\mathbf{x}_{[-k,k];\rho})$ un conjunto de cilindros, este conjunto es abierto si existe una configuración \mathbf{y}_j en $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ tal que \mathbf{y}_j es un punto interior de $\mathbf{V}(\mathbf{x}_{[-k,k]; \rho})$.

Consideremos que existe un punto $\mathbf{y} \in \mathbf{V}(\mathbf{x}_{[-k,k]; \rho})$ que es un punto interior de $\mathbf{V}(\mathbf{x}_{[-k,k]; r})$. Esto implica que existe un número real $r_1 = \rho - d(\mathbf{x}_{[-k,k]}, \mathbf{y}) > 0$ y por lo tanto deberá existir otro conjunto de cilindros $\mathbf{V}(\mathbf{y}_{[-k,k]; r_1})$. Hay que demostrar entonces que el nuevo conjunto de cilindros está contenido en el conjunto de cilindros original es decir $\mathbf{V}(\mathbf{y}_{[-k,k]; r_1}) \subset \mathbf{V}(\mathbf{x}_{[-k,k]; r})$ y por lo tanto y es un punto interior de $\mathbf{V}(\mathbf{x}_{[-k,k]; \rho})$.

$$\forall \mathbf{z} \in \mathbf{V}(\mathbf{y}_{[-k,k]; r_1}) : d(\mathbf{y}, \mathbf{z}) < r_1$$

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

Pero dado que el espacio a que pertenecen las biseuencias \mathbf{x} y \mathbf{y} es un espacio métrico $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, d)$, entonces:

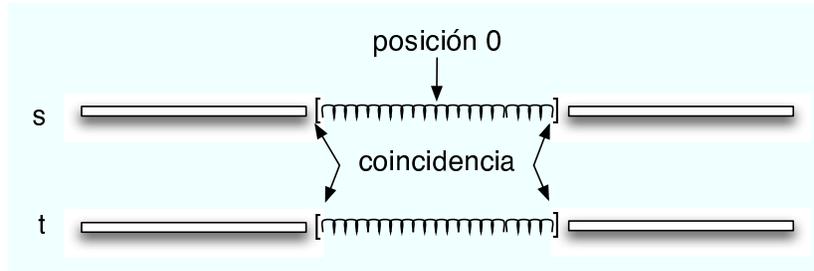


Figura 2.3: Cercanía entre dos secuencias

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

por lo que

$$d(\mathbf{x}, \mathbf{z}) < r$$

lo que implica que

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

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

De esta manera los conjuntos abiertos que forman la partición finita en el espacio de configuraciones $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ está construido a partir de la colección de configuraciones cuya cercanía está dada por la suma de un bloque central (ver figura 2.2). Como adelante veremos, es de gran importancia la partición finita de subconjuntos abiertos en el espacio de configuraciones ya que se puede asignar una medida única y sin ambigüedades a la colección de configuraciones que forman cada subconjunto abierto. La finitud de la partición y los subconjuntos abiertos nos llevan a otras dos propiedades importantes: la compacidad del espacio y que los subconjuntos de la partición sean disjuntos.

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

2.4.1 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 en el espacio de un autómata celular una medida y posteriormente una medida de probabilidad.

Antes de demostrar que el espacio de configuraciones es compacto y está formado de subconjuntos disjuntos, se define primero lo que es un espacio compacto y una cobertura abierta. En [46] Halmos define la compacidad de un espacio de la siguiente manera:

Definición 2.11 (Espacios compactos). *Sea $\mathbf{A} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ un conjunto en un espacio métrico $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d})$. Se dice que \mathbf{A} es compacto si toda la cobertura abierta de \mathbf{A} admite una subcubierta finita.*

Definición 2.12 (cobertura-abierta). *Sea \mathbf{A} un conjunto del espacio métrico $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d})$. Una familia \mathcal{F} de conjuntos de $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d})$ tales que*

$$\mathbf{A} \subset \cup_{i \in I} \mathbf{B}_i \text{ tal que } \mathbf{B}_i \in \mathcal{F}$$

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

Teorema 2.3. *El espacio de un autómata celular es compacto.*

Demostración. Sea \mathbf{B}_m el conjunto de todos los bloques de tamaño $m = 2k + 1$, y \mathbf{F} el conjunto de cilindros que conforman el espacio métrico de un autómata celular con elementos $\mathbf{x}_{[-k, k]}$. Dado que los elementos de \mathbf{F} son bisecuencias infinitas formadas por un alfabeto finito de símbolos Σ y por lo tanto de cardinalidad Σ^{2k+1} , entonces se tendrá que la cardinalidad de $|\mathbf{F}| = |\mathbf{B}_m|$. Dado el teorema que establece que los conjuntos de cilindros son conjuntos abiertos, entonces \mathbf{F} es una cubrimiento abierto de $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ y como la cardinalidad de \mathbf{F} es igual Σ^{2k+1} entonces \mathbf{F} es una cubierta abierta y finita. Por lo tanto $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d})$ es un espacio compacto. \square

Proposición 2.1. *Dada la métrica definida por la ecuación 2.3 y la definición de los conjuntos de cilindros definidos como conjuntos abiertos por la definición 2.10. Los conjuntos de cilindros son disjuntos, es decir para cualquier cilindro $C_i, C_j \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, $C_i \cap C_j = \emptyset$.*

Demostración. Sean $\mathbf{x}, \mathbf{y} \in (\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \mathbf{d})$ dos bisecuencias del espacio de un autómata celular. Para que \mathbf{x} y \mathbf{y} tengan un punto en común en que puedan intersectarse dos conjuntos $C_i \cap C_j \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, entonces $\mathbf{x} = \mathbf{y}$. Si $\mathbf{x} = \mathbf{y}$, entonces $\sum_{i=-m}^m x_i = \sum_{i=-m}^m y_i$ por lo que $\mathbf{x} - \mathbf{y} < 1$ (ver la definición de distancia en 2.3) es decir \mathbf{x} y \mathbf{y} pertenecen al mismo conjunto de cilindros, $\mathbf{x}, \mathbf{y} \in C_i[-m, m]$. 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 $(\mathbf{x} \in C_i \text{ y } \mathbf{y} \in C_j)$ (no puede haber dos configuraciones iguales que pertenezcan a diferentes conjuntos), por lo tanto $C_i \cap C_j = \emptyset$. \square

Hasta aquí se tiene entonces que el espacio de configuraciones $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ de un autómata celular es un espacio compacto, compuesto por una cubierta abierta y finita. A partir de esto se puede definir el espacio de un autómata celular como un espacio de medida.

2.5 Espacio medible de configuraciones de un autómata celular

La manera en que vamos a construir la medida va a ser a través de una función aplicada a un conjunto. Una función sobre los conjuntos μ está definida a partir de una clase no vacía \mathbf{F} de conjuntos en un espacio $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, donde la función μ le asigna cualquier conjunto $C \in \mathbf{F}$ un simple número $\mu(C)$, finito o infinito.

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

Definición 2.13. μ se dice aditiva si

$$\mu\left(\bigcup C_j\right) = \sum \mu(C_j) \quad (2.4)$$

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

Para que la suma $\sum \mu(C_j)$ tenga significado asumimos un solo valor para $\mu(C) : \mu(C) = +\infty$ por lo que la función aditiva de conjuntos no-negativos es llamada una medida siempre que ésta sea finitamente aditiva o σ -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

$$C_i(w) = \{x \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}} : x_{[i, i+|w|]} = w\}$$

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

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

Para cualquier conjunto $\mathcal{A}_N^{\mathbb{Z}}$, el cual está 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 asignación 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 están definidos a partir de un bloque central, entonces el cálculo de μ sobre un conjunto se resume al cálculo de μ sobre un bloque central. Para que el cálculo de μ 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 μ que asigna una medida a los conjuntos de cilindros. Ahora veremos qué 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 σ -campo; entonces, la función μ describe a la “masa” de cada elemento del σ -campo.

En términos de autómatas celulares los σ -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.

2.5.1 σ -campo

Un campo cumple con siguientes propiedades: la cerradura bajo la unión y la cerradura del complemento. De manera formal:

Definición 2.14 (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 $\mathbf{A}^c \in \mathcal{F}$ (Cerradura del complemento)*

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

Definición 2.15 (σ -campo). Se define un σ -campo en $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ si se tiene una colección $\mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$ con $i \in 1, 2, 3, \dots$, tal que $\cup_{i=1}^{\infty} \mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$

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

Teorema 2.4. El espacio de un autómata celular forma un σ -campo.

Demostración. 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 2.4.1).

Cerradura del complemento: Dado que \mathcal{F} es el cubrimiento total del espacio de un autómata celular, 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.

σ -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 $\mathcal{F} \in \mathcal{F}$. □

2.5.2 Espacios de probabilidad $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \sigma, \mu)$

Una vez definida nuestra medida μ vamos a normalizarla, es decir μ hará transformaciones de las clases de subconjuntos 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 $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \sigma, \mu)$ donde μ es la medida de probabilidad y σ es el σ -campo.

Finalmente, teniendo como antecedente la definición de una medida:

Definición 2.16 (Medida). Una medida μ , 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 $\cup_{i=1}^{\infty} \mathbf{A}_i \in \mathcal{F}$, se tiene que

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

Definimos a un espacio de probabilidad como:

Definición 2.17 (Espacios de probabilidad $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \sigma, \mu)$). *Un espacio de probabilidad $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \sigma, \mu)$ consiste de un evento seguro $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$, y σ el σ -campo (no vacío) de eventos y la probabilidad de μ sobre σ . De manera que:*

- σ es σ -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 , $\liminf \mathbf{A}_n$, $\limsup \mathbf{A}_n$ y $\text{Lim } \mathbf{A}_n$ (si existen) son eventos
- μ es una función no negativa definida sobre σ 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 $\mathbf{A}_i \in \sigma$
- $\mu(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}) = 1$

y para cualquier σ 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 μ es una medida de probabilidad, y la terna $(\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}, \sigma, \mu)$ es un espacio de probabilidad.

2.6 Comentarios finales

No todas las distancias que forman una métrica pueden formar subconjuntos adecuados para asignar una medida de probabilidad. Si analizamos los subconjuntos que forma la distancia propuesta por Hedlund podremos ilustrar esto. Hedlund propone como distancia de dos bisecuencias lo siguiente:

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:

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

Es decir, que dos bisecuencias son cercanas si éstas coinciden en sus células centrales y son lejanas si difieren en las células centrales. Entre más lejos del centro se den las diferencias más cercanas serán las bisecuencias y entre más cerca del centro, las bisecuencias serán más lejanas.

Esta distancia también forma una métrica (ver [47]) sin embargo la agrupación de bisecuencias en los subconjuntos de cilindros, deja en subconjuntos distintos a bisecuencias con la misma densidad de 1's lo que no nos permite considerar a la densidad de 1's como la medida de los subconjuntos de cilindros.

Por lo anterior podemos ver que es posible utilizar la teoría de la Probabilidad en el estudio de las densidades en AC. Sin embargo, para hacer realidad esto, dos puntos tienen que establecerse:

1. El primero tiene que ver con definir una distancia que forme conjuntos de cilindros compatibles con la medida de la probabilidad.
2. El segundo es determinar la medida μ para cada uno de subconjuntos de cilindros.

Dada la naturaleza de los AC encontrar una medida de probabilidad válida es el mayor reto en la caracterización de las densidades del AC. Una solución a este problema es propuesto en el capítulo 5. Esta propuesta es útil además para determinar si el CCNT es artificial o no. Es decir si el CCNT se está dando a causa de la finitud de los recursos computacionales en donde se están llevan a cabo las simulaciones o en otros términos si es metaestable, o si este fenómeno se presenta para configuraciones infinitas.

Capítulo 3

Traslape de vecindades y la predicción de la teoría del campo medio

El objetivo de este capítulo es detectar la existencia de vecindades para las cuales la teoría del campo medio pueda lograr buenas estimaciones. La motivación de esto es poder usar la TCM en dichos casos y obtener la gran ventaja que esta teoría ofrece: predecir el comportamiento colectivo llamado densidad a partir de la regla de evolución local. El problema de la TCM en realizar buenas estimaciones se deriva del traslape que existe entre las células¹ en los autómatas celulares. Dicho traslape tiene como consecuencia que el valor de una célula dependa del valor de las células vecinas (ver [37]). Gutowitz abordó este problema considerando el traslape dentro de sus cálculos y realizó una nueva propuesta llamada la teoría de la estructura local [40]². La manera en que aquí se aborda el problema, es mantener la formulación de la TCM y buscar condiciones favorables en la topología de la vecindad vs la dimensión de manera que disminuyan el traslape.

Dada la relación directa entre el traslape y la dependencia de los estados de las células en un autómata celular, buscar condiciones favorables significa identificar aquellos casos en que el traslape tiende a disminuir. Para lograr esto se realiza un análisis matemático del comportamiento del traslape de las vecindades en cada dimensión. Este análisis consiste en definir una forma de medir el *índice de traslape* y calcularlo para distintas topologías de vecindades en n dimensiones. Las topologías en que se realiza el estudio son la vecindad de von Neumann, la vecindad de Moore y la vecindad de la Célula Central.

La organización del capítulo es la siguiente: primero se define el índice de traslape que es

¹También se hace referencia a ellas como celdas.

²Ver también la subsección 1.3.4.

un concepto general en el análisis del traslape en todas las vecindades. Después se lleva a cabo el estudio para la vecindad de von Neumann, la vecindad de la Célula Central y la de vecindad de Moore, respectivamente. La lógica en cada uno de estos análisis es la siguiente: primero se presenta la vecindad en n dimensiones, después se identifican las células vecinas de esta vecindad en un radio de dos células y dado que existen células vecinas que son equivalentes a otras, únicamente se considera el mínimo número representativo. Una vez que se tiene estas células vecinas, para cada una de ellas se calcula la vecindad en n dimensiones y se determina cuantas vecindades se traslapan o son comunes con respecto a la vecindad original. El caso que presente el mayor número de células comunes se considera como el número de células que se traslapan³. Este número y el total de células de la vecindad en n dimensiones son las variables de nuestro índice de traslape, por lo que con ellas podemos calcular el índice de traslape correspondiente. Finalmente calculamos el límite al índice de traslape cuando la dimensión tiende a infinito y analizamos las tendencias.

3.1 El índice de traslape

Nuestra demostración se basa en el análisis de la dependencia (traslape) en las vecindades (células) de un autómata celular en d dimensiones. Para realizar esto se define una medida que representa la proporción de las células que son comunes (o se traslapan) entre dos vecindades contiguas. Dados dos vecindades \mathbf{v} , \mathbf{w} de tamaño n , el índice de traslape se define como:

$$\tau(\mathbf{v}, \mathbf{w}) = \frac{\eta(\mathbf{v} \cap \mathbf{w})}{n} \tag{3.1}$$

donde η calcula el total de células y el operador \cap determina las células comunes entre dos vecindades.

Una vez definido el índice de traslape se procede a calcularlo para las vecindades de von Neumann, Moore y Célula Central (ver figura 3.2 inciso a,b,c respectivamente) en d dimensiones. La figura 3.2 inciso d, muestra este cálculo en 2 dimensiones. En esta figura se puede ver por ejemplo que para la vecindad de von Neumann el índice de traslape es de $2/5$, ya que tiene dos células en común sobre un total de 5 células que es el total de células de esta vecindad en 2 dimensiones.

Para calcular el número de células que se traslapan en n dimensiones, se consideran las células que se encuentran a un radio de dos células. Para cada célula contigua se calcula su vecindad y

³Otra opción es tomar el promedio como traslape pero nosotros decidimos tomar el peor de los casos, es decir el máximo traslape.

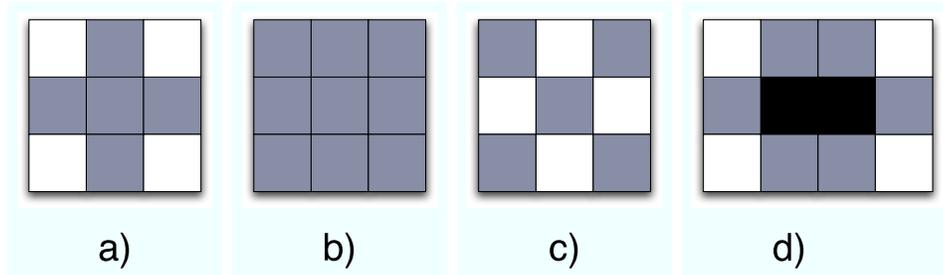


Figura 3.1: a) Vecindad de von Neumann, b) Vecindad de Moore y c) Vecindad de la Célula Central en dos dimensiones. d) Traslape entre dos vecindades de von Neumann contiguas en 2 dimensiones.

se cuentan las células que tiene en común con la vecindad original. De esta análisis se toma el máximo número de células que traslapan y su índice de traslape.

3.1.1 Traslape en la vecindad de von Neumann en d dimensiones.

La vecindad de von Neumann en d dimensiones consiste en el siguiente conjunto de células:

$$\begin{array}{l} \overline{(\mathbf{i}_1 + \mathbf{1}, \mathbf{i}_2, \dots, \mathbf{i}_d),} \\ \overline{(i_1 - 1, i_2, \dots, d), \quad (i_1, i_2 + 1, \dots, x_d),} \\ \overline{(i_1, i_2 - 1, \dots, d), \quad (i_1, i_2, \dots, i_d + 1),} \\ \overline{(i_1, i_2, \dots, i_d - 1).} \end{array}$$

Dada la vecindad de von Neumann en d dimensiones, estamos interesados en calcular su traslape con todas las posibles vecindades contiguas, en un radio de dos células⁴ (ver cuadro 3.1)⁵. A partir de la vecindad de von Neumann en d dimensiones y de todas las posibles vecindades contiguas procedemos a calcular el traslape de estas vecindades con respecto a la vecindad de von Neumann. Para llevar a cabo esto calculamos las células de las vecindades contiguas considerando la forma de la vecindad de von Neumann y analizamos cuantas de estas células coinciden con

⁴Radio mayor a dos no tienen traslapes.

⁵Como se aprecia en la figura 3.1 inciso b, no es necesario tomar todas las vecindades contiguas ya que existen equivalencias por simetría.

Cuadro 3.1: Células contiguas en un radio de 2 células considerando equivalencias por simetría.

(1) $(i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_d)$	(2) $(i_1 + 2, i_2, i_3, \dots, i_d)$
(3) $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_d)$	(4) $(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3, \dots, i_d)$
(5) $(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3, \dots, i_d)$	(6) $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3, \dots, i_d)$
(7) $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_d)$	(8) $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 2, \dots, i_d)$
(9) $(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_d)$	(10) $(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d)$
(11) $(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_d)$	(12) $(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 2, \dots, i_d)$
(13) $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_d)$	(14) $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d)$
⋮	⋮
(n) $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d + 1)$	(n) $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d + 2)$

las células de la vecindad de von Neumann original. De esta forma, el cálculo de las células contiguas⁶ que se traslapan entre la célula central da el siguiente resultado⁷:

La vecindad de von Neumann de la primer célula contigua $(i_1 + 1, i_2, i_3, i_4, \dots, i_d)$ es:

$$\begin{array}{cc}
 \overline{(\mathbf{i}_1 + \mathbf{1}, \mathbf{i}_2, \mathbf{i}_3, \dots, \mathbf{i}_d)}, & \\
 (i_1 + 2, i_2, i_3, \dots, i_d), & (i_1, i_2, i_3, \dots, i_d), \\
 (i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_d), & (i_1 + 1, i_2 - 1, i_3, \dots, i_d), \\
 (i_1 + 1, i_2, i_3 + 1, \dots, i_d), & (i_1 + 1, i_2, i_3 - 1, \dots, i_d) \\
 \vdots & \vdots \\
 (i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_d + 1), & (i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_d - 1)
 \end{array}$$

la cual tiene como células comunes a $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_d)$ y $(i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_d)$, con respecto a la vecindad $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_d)$; por lo que se tienen dos células que se traslapan.

La vecindad de von Neumann de la segunda célula contigua $(i_1 + 2, i_2, \dots, i_d)$ es:

$$\begin{array}{cc}
 \overline{(\mathbf{i}_1 + \mathbf{2}, \mathbf{i}_2, \mathbf{i}_3, \dots, \mathbf{i}_d)}, & \\
 (i_1 + 3, i_2, i_3, \dots, i_d), & (i_1 + 1, i_2, i_3, \dots, i_d), \\
 (i_1 + 2, i_2 + 1, i_3, \dots, i_d), & (i_1 + 2, i_2 - 1, i_3, \dots, i_d), \\
 (i_1 + 2, i_2, i_3 + 1, \dots, i_d), & (i_1 + 2, i_2, i_3 - 1, \dots, i_d), \\
 \vdots & \vdots \\
 (i_1 + 2, i_2, i_3, \dots, i_d + 1), & (i_1 + 2, i_2, i_3, \dots, i_d - 1)
 \end{array}$$

⁶Se utiliza el nombre de célula contigua a las células vecinas de la célula central.

⁷Cada célula contigua que se analiza puede consultarse en el cuadro 3.1.

3.1.2 El índice de traslape de la vecindad de von Neumann

Para medir la cantidad de traslape en varias dimensiones como se mencionó, se define un índice de traslape. Este índice determina la proporción de células en común entre dos vecindades contiguas en n dimensiones. La vecindad de von Neumann sabemos ahora, tiene a dos como el máximo número de células en común. Pero para determinar cuánto representa esta cantidad de acuerdo al número de células involucradas en n dimensiones, se divide al número máximo de células en común entre las células en una vecindad de von Neumann en n dimensiones (ver fórmula 3.1).

Entonces como el total de células en una vecindad de von Neumann en d dimensiones es $2d + 1$, tenemos que su índice de traslape es:

$$\tau(\mathbf{v}, \mathbf{w}) = \frac{2}{2d + 1}$$

por lo tanto el límite de este índice cuando d tiende a infinito es: $\lim_{d \rightarrow \infty} 2/(2d + 1) = 0$.

Por lo tanto en la vecindad de von Neumann, entre más dimensiones se consideren, el traslape de las vecindades tiende a disminuir.

3.1.3 Traslape en la vecindad de la Célula Central en d dimensiones.

Análogamente a lo que se hizo antes ahora realizaremos el análisis con la vecindad de la célula Central, misma que en n dimensiones está definida como:

$$\begin{array}{c} \hline (\mathbf{i}_1, \mathbf{i}_2, \dots, \mathbf{i}_{d-1}, \mathbf{i}_d), \\ (i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1), \\ (i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1), \\ (i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1), \\ (i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1) \\ \vdots \\ (i_1 + 1, i_2 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1) \\ \vdots \\ (i_1 - 1, i_2 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1), \\ (i_1 - 1, i_2 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1), \\ (i_1 - 1, i_2 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1), \\ (i_1 - 1, i_2 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1) \\ \vdots \\ (i_1 - 1, i_2 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1). \\ \hline \end{array}$$

Al igual que en la vecindad de von Neumann para la vecindad de la Célula Central estamos interesados en calcular los traslapes con todas las vecindades contiguas en un radio de dos células. De manera que en este caso las células contiguas son las mismas que las de la vecindad de von Neumann (ver cuadro 3.1). Dadas estas células contiguas entonces se calcula la vecindad de la Célula Central para cada una de ellas:

La vecindad de la Célula Central de la primer célula contigua $(i_1 + 1, i_2, i_3, i_4, \dots, i_d)$ es:

	$(\mathbf{i}_1 + \mathbf{1}, \mathbf{i}_2, \mathbf{i}_3, \dots, \mathbf{i}_{d-1}, \mathbf{i}_d),$
$(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
, ... ,	$(i_1 + 2, i_2 - 1, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
:	
$(i_1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
, ... ,	$(i_1, i_2 - 1, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1).$

la cual no tiene traslapes con respecto a la vecindad de la célula $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_d)$. Nótese que debido a que todas las células tienen un componente cuyo índice es $i_i + 2$ o i_i , esto implica que no existen células en común entre ambas vecindades.

La vecindad de la Célula Central de la segunda célula contigua $(i_1 + 2, i_2, \dots, i_d)$ es:

	$(\mathbf{i}_1 + \mathbf{2}, \mathbf{i}_2, \mathbf{i}_3, \dots, \mathbf{i}_{d-1}, \mathbf{i}_d),$
$(i_1 + 3, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 3, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 3, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 3, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
, ... ,	$(i_1 + 3, i_2 - 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
:	
$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
, ... ,	$(i_1 + 1, i_2 - 1, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1).$

Esta vecindad tiene traslapes en las células: $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1)$, $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1)$, $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1)$, $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1)$, \dots , $(i_1 + 1, i_2 - 1, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1)$, es decir en 2^{d-1} células.

La vecindad de la Célula Central de la tercer célula contigua $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3, \dots, i_d)$ es:

	$(\mathbf{i}_1 + \mathbf{1}, \mathbf{i}_2 + \mathbf{1}, \mathbf{i}_3, \dots, \mathbf{i}_{d-1}, \mathbf{i}_d),$
$(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
...	$(i_1 + 2, i_2, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
...	
$(i_1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
...	$(i_1, i_2, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1).$

la cual no tiene traslapes. Nótese que al menos un componente tiene índice $i_i + 2$ o i_i , lo que implica que no existen células en común con la vecindad de $(i_1, i_2, i_3, \dots, i_{d-1}, i_d)$.

La vecindad de la Célula Central de la cuarta célula contigua $(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3, \dots, i_d)$ es:

	$(\mathbf{i}_1 + \mathbf{1}, \mathbf{i}_2 + \mathbf{2}, \mathbf{i}_3, \dots, \mathbf{i}_{d-1}, \mathbf{i}_d),$
$(i_1 + 2, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 2, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 2, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$	$(i_1 + 2, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
...	$(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
$(i_1, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1)$
...	$(i_1, i_2 + 1, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1).$

Con esta vecindad, no se tienen traslapes tampoco, ya que al menos uno de sus componentes tiene el índice $i_i + 2$ o i_i ; lo que implica que no existen células en común entre ambas vecindades.

La vecindad de la Célula Central de la quinta célula contigua $(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3, \dots, i_d)$ es:

	$(\mathbf{i}_1 + \mathbf{2}, \mathbf{i}_2 + \mathbf{1}, \mathbf{i}_3, \dots, \mathbf{i}_{d-1}, \mathbf{i}_d),$
$(i_1 + 3, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 3, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 3, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$	$(i_1 + 3, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
...	$(i_1 + 3, i_2, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1)$
...	$(i_1 + 1, i_2, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1).$

Esta vecindad tampoco tiene traslapes, ya que el menos uno de sus elementos tiene el índice $i_i + 2$ or i_i .

La vecindad de la Célula Central de la sexta célula contigua $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3, \dots, i_d)$ es:

	$(\mathbf{i}_1 + 2, \mathbf{i}_2 + 2, \mathbf{i}_3, \dots, \mathbf{i}_{d-1}, \mathbf{i}_d),$
$(i_1 + 3, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 3, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 3, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$	$(i_1 + 3, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
$\dots,$	$(i_1 + 3, i_2 + 1, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 1, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} + 1, i_d - 1),$
$(i_1 + 1, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2 + 3, i_3 + 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1)$
\dots	$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1).$

Esta vecindad tiene traslapes en $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 - 1, \dots, i_{d-1} - 1, i_d - 1)$, es decir en 2^{d-2} células.

Calculando la vecindad de la Célula Central de las células contiguas $(i_1+1, i_2+1, i_3+1, \dots, i_d)$, $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 2, \dots, i_d)$, $(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_d)$, $(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d)$, $(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_d)$, $(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 2, \dots, i_d)$, $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_d)$, no se tienen traslapes debido a que todos estos casos tienen el elemento $i_i + 2$ o i_i que impide traslapes. Únicamente cuando se calcula la vecindad de la Célula Central de $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d)$, se tienen traslapes en $(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_d + 1)$ es decir en 2^{d-3} células.

Al considerar el resto de células contiguas se puede observar que únicamente las células que se traslapan son las vecindades de las células $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, i_4 + 2, \dots, i_d)$, $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, i_4 + 2, \dots, i_d + 1)$, $(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, i_4 + 2, \dots, i_d + 2)$.

Sin embargo, para estas vecindades el número de células que se traslapan es menor a 2^{d-1} ; de manera que el máximo número de traslapes en d dimensiones es 2^{d-1} .

3.1.4 El índice de traslape en la vecindad de la Célula Central

En este caso se tiene como índice de traslape a: $\tau(\mathbf{v}, \mathbf{w}) = \frac{2^{d-1}}{2^{d+1}}$ y el límite cuando d tiende a infinito es: $\lim_{d \rightarrow \infty} \frac{2^{d-1}}{2^{d+1}} \simeq 1/2$, por lo tanto en la vecindad de la Célula Central tiende a $1/2$ conforme la dimensión tiende a ∞ .

3.1.5 Traslape en la vecindad de Moore en d dimensiones

La vecindad de Moore en d dimensiones se presenta en:

$(i_1, i_2, \dots, i_d),$	$(i_1 + 1, i_2, \dots, i_d),$	$(i_1 - 1, i_2, \dots, i_d),$
$(i_1, i_2 + 1, \dots, i_d),$	$(i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_d),$	$(i_1 - 1, i_2 + 1, \dots, i_d),$
$(i_1, i_2 - 1, \dots, i_d),$	$(i_1 + 1, i_2 - 1, \dots, i_d),$	$(i_1 - 1, i_2 - 1, \dots, i_d),$
$\dots,$	$(i_1, i_2, \dots, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2, \dots, i_d + 1),$
$(i_1 - 1, i_2, \dots, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 + 1, \dots, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_d + 1),$
$(i_1 - 1, i_2 + 1, \dots, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 - 1, \dots, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2 - 1, \dots, i_d + 1),$
$(i_1 - 1, i_2 - 1, \dots, i_d + 1),$	$\dots,$	$(i_1, i_2, \dots, i_d - 1),$
$(i_1 + 1, i_2, \dots, i_d - 1),$	$(i_1 - 1, i_2, \dots, i_d - 1),$	$(i_1, i_2 + 1, \dots, i_d - 1),$
$(i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_d - 1),$	$(i_1 - 1, i_2 + 1, \dots, i_d - 1),$	$(i_1, i_2 - 1, \dots, i_d - 1),$
$(i_1 + 1, i_2 - 1, \dots, i_d - 1),$	$(i_1 - 1, i_2 - 1, \dots, i_d - 1),$	

Una vez más se van a considerar las células contiguas en un radio de dos células del cuadro 3.1. De esta manera, analizando los traslapes de las vecindades contiguas con respecto a una vecindad de Moore, se puede calcular el máximo traslaje.

La vecindad de Moore de la célula contigua $(i_1 + 1, i_2, i_d)$ es:

$(i_1 + 2, i_2, \dots, i_d),$	$(\mathbf{i}_1 + \mathbf{1}, \mathbf{i}_2, \dots, \mathbf{i}_d),$
$(i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_d),$	$(i_1, i_2, \dots, i_d),$
$(i_1, i_2 + 1, \dots, i_d),$	$(i_1 + 2, i_2 + 1, \dots, i_d),$
$(i_1 + 2, i_2 - 1, \dots, i_d),$	$(i_1 + 1, i_2 - 1, \dots, i_d),$
$(i_1 + 1, i_2, \dots, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 - 1, \dots, i_d),$
$(i_1, i_2, \dots, i_d + 1),$	$(i_1 + 2, i_2, \dots, i_d + 1),$
$(i_1 + 2, i_2 + 1, \dots, i_d + 1),$	$(i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_d + 1),$
$(i_1 + 1, i_2 - 1, \dots, i_d + 1),$	$(i_1, i_2 + 1, \dots, i_d + 1),$
$(i_1, i_2 - 1, \dots, i_d + 1),$	$(i_1 + 2, i_2 - 1, \dots, i_d + 1),$
$(i_1 + 2, i_2, \dots, i_d - 1),$	$(i_1 + 1, i_2, \dots, i_d - 1),$
$(i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_d - 1),$	$(i_1, i_2, \dots, i_d - 1),$
$(i_1, i_2 + 1, \dots, i_d - 1),$	$(i_1 + 2, i_2 + 1, \dots, i_d - 1),$
$(i_1 + 2, i_2 - 1, \dots, i_d - 1),$	$(i_1 + 1, i_2 - 1, \dots, i_d - 1),$
$(i_1, i_2 - 1, \dots, i_d - 1),$	$(i_1, i_2 - 1, \dots, i_d - 1),$

Como se puede notar todos los posibles traslapes a excepción de las células de las vecindades cuyo primero elemento tiene un índice +1, lo que implica que el número de células en la vecindad de $(i_1 + 1, i_2, \dots, i_d)$ son $2 \times 3 \times \dots \times 3 = 2 \times 3^{d-1}$.

También podemos observar en la definición de la vecindad de Moore en d dimensiones, que sus células se forman de todas las posibles combinaciones considerando tres operadores en cada célula (+, -, *identidad*), es decir $3 \times 3 \times \dots \times 3$ células o 3^d . De esta manera el total de células

Cuadro 3.2: El resto de las vecindades contiguas y sus traslapes

(4)	$(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3, \dots, i_d)$	$2 \times 1 \times 3 \times \dots \times 3$	or	$2 \times 3^{d-2}$
(5)	$(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3, \dots, i_d)$	$1 \times 2 \times 3 \times \dots \times 3$	or	$2 \times 3^{d-2}$
(6)	$(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3, \dots, i_d)$	$1 \times 1 \times 3 \times \dots \times 3$	or	$2 \times 3^{d-2}$
(7)	$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_d)$	$2 \times 2 \times 2 \times 3 \dots \times 3$	or	$8 \times 3^{d-3}$
(8)	$(i_1 + 1, i_2 + 1, i_3 + 2, \dots, i_d)$	$2 \times 2 \times 1 \times 3 \dots \times 3$	or	$4 \times 3^{d-3}$
(9)	$(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_d)$	$2 \times 1 \times 2 \times 3 \dots \times 3$	or	$4 \times 3^{d-3}$
(10)	$(i_1 + 1, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d)$	$2 \times 1 \times 1 \times 3 \dots \times 3$	or	$2 \times 3^{d-3}$
(11)	$(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 1, \dots, i_d)$	$1 \times 2 \times 2 \times 3 \dots \times 3$	or	$4 \times 3^{d-3}$
(12)	$(i_1 + 2, i_2 + 1, i_3 + 2, \dots, i_d)$	$2 \times 1 \times 2 \times 3 \dots \times 3$	or	$4 \times 3^{d-3}$
(13)	$(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 1, \dots, i_d)$	$1 \times 1 \times 2 \times 3 \dots \times 3$	or	$2 \times 3^{d-3}$
(14)	$(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d)$	$1 \times 1 \times 1 \times 3 \dots \times 3$	or	$1 \times 3^{d-3}$
...				
(...)	$(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d + 1)$	$1 \times 1 \times 1 \times 1 \dots \times 2$	or	2
(...)	$(i_1 + 2, i_2 + 2, i_3 + 2, \dots, i_d + 2)$	$1 \times 1 \times 1 \times 1 \dots \times 1$	or	1

que se traslapan con $(i_1 + 2, i_2, \dots, i_d)$ son todas las posibles combinaciones excepto las células de la vecindad cuyo primer elemento se le agrega un 1 o se deja igual, es decir $1 \times 3 \times \dots \times 3 = 3^{d-1}$.

Los traslapes con la vecindad de $(i_1 + 1, i_2 + 1, \dots, i_d)$ sobre las células de la vecindad de Moore con la excepción de las células cuyo primer y del segundo elemento al que se suma un 1 da un traslape de : $2 \times 2 \times 3 \times 3 \dots \times 3 = 4 \times 3^{d-2}$.

El resto de las células contiguas (o vecindades) tienen menos traslapes debido a que ellos consideran más elementos de sus células con sumas de 1 o 2 (ver cuadro 3.2). De manera que el peor traslape en la vecindad de Moore es $2 \times 3^{d-1}$.

Por lo tanto, en d dimensiones el máximo traslape es $2(3^{d-1})$.

3.1.6 El índice de traslape en una vecindad de Moore

Para este caso el índice de traslape es:

$$\begin{aligned}
\tau(\mathbf{v}, \mathbf{w}) &= \frac{3^{d-1} + 3^{d-1}}{3^d} \\
&= \frac{2(3^{d-1})}{3^d} \\
&= \frac{2(3^{d-1}) \left(\frac{1}{3^{d-1}}\right)}{3^d \left(\frac{1}{3^{d-1}}\right)} \\
&= 2/3
\end{aligned}$$

Por lo tanto, el traslape entre dos vecindades de Moore contiguas en d dimensiones es igual a $2/3$.

Conclusiones

Para que la teoría del campo medio pueda realizar predicciones precisas en el comportamiento de las densidades en los autómatas celulares, requiere que exista independencia en la ocurrencia de un estado en las celdas de un autómata celular. Para medir este grado de independencia se ha propuesto un índice de traslape entre las células de un autómata celular. A menor traslape mayor independencia y viceversa. Como se pudo observar el resultado del índice de traslape para la vecindad de von Neumann, la vecindad de la célula central y la vecindad de Moore fue, $\lim_{d \rightarrow \infty} 2/(2d + 1) = 0$, $\lim_{d \rightarrow \infty} 2^{d-1}/(2^d + 1) = 1/2$ y $\lim_{d \rightarrow \infty} 2/3 = 2/3$ respectivamente, por lo tanto la única condición en que la teoría del campo medio puede tener precisión en la predicción de las densidades en los autómatas celulares es considerando la vecindad de von Neumann y grandes dimensiones. Entre más precisión se busque mayor será la dimensión a considerar. La gráfica 3.2 muestra cómo baja el índice de traslape conforme se consideran dimensiones mayores y nos sugiere qué dimensión se debe tomar para un índice de traslape deseado, o en otros términos para una aproximación aceptable de la teoría del campo medio.

3.2 Comentarios finales

Aunque Bideaux, Boccara y Chaté [10] encontraron experimentalmente que la teoría del campo medio es más precisa cuando se consideran mayores dimensiones en una vecindad de von Neumann, no existía en la literatura una prueba matemática al respecto. En este capítulo se ofrece

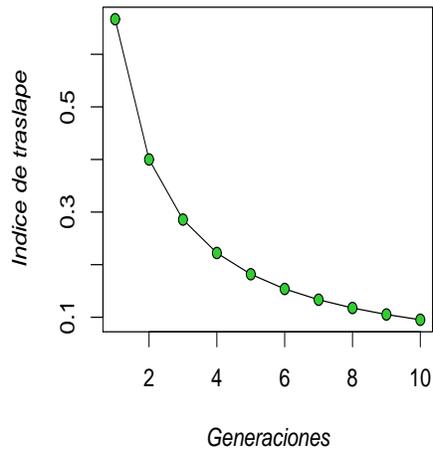


Figura 3.2: Índice de traslape para la vecindad de von Neumann durante 10 dimensiones.

esta demostración mediante un análisis geométrico del traslape en d dimensiones entre las vecindades contiguas para las tres principales topologías; la vecindad de von Neumann, la vecindad de la Célula Central y la vecindad de Moore.

Capítulo 4

Cálculo de preimágenes en Autómatas Celulares

En este capítulo se presenta el cálculo de las preimágenes para autómatas celulares unidimensionales de cualquier radio de vecindad y número de estados. Este es un paso básico para la propuesta que presentamos sobre la caracterización de la densidad de los autómatas celulares, ya que a partir de las preimágenes se generan los polinomios de densidad, herramienta que utilizamos para caracterizar las densidades.

El cálculo de preimágenes que se presenta es una nueva propuesta a los métodos de cálculo de preimágenes que existen. Nuestro método está basado en los diagramas de *de Bruijn* y produce resultados para el cálculo de preimágenes de cualquier radio de vecindad y número de estados en una dimensión. Para calcular las preimágenes se construyen matrices de preimágenes a partir del diagrama de *de Bruijn* y un operador sobre dichas matrices. De esta manera el problema de calcular preimágenes se reduce a resolver el problema clásico de *la búsqueda de rutas* en teoría de gráficas, donde todas las posibles rutas, son las preimágenes del autómata celular.

El desarrollo de este capítulo se basa en el siguiente esquema. Primero se dan los antecedentes en el cálculo de preimágenes en autómatas celulares, del uso de los diagramas de *de Bruijn* en la teoría de autómatas celulares, en particular con los temas relacionados con preimágenes. Después se definen las matrices fragmentadas de preimágenes y el operador de concatenación extendida que hace posible el cálculo de las preimágenes de cualquier secuencia. Finalmente se muestra cómo se calculan las preimágenes mediante tres casos de estudio. El primero es el cálculo de preimágenes en un autómata binario de radio 1. En el segundo caso se aborda un autómata celular de 3 estados y radio 1 y, finalmente se calculan los ancestros para un autómata de 2 estados y radio 3.

4.1 Introducción

Dada una configuración w_1 diremos que ésta es ancestro o preimagen de la configuración w_2 si aplicando la regla de evolución φ a w_1 obtenemos w_2 . Dada la vecindad $V = (x_1, \dots, x_m)$, el nuevo estado está determinado por una función φ de m variables

$$x_i^{t+1} = \varphi(x_i^t, \dots, x_m^t)$$

El cálculo de preimágenes y su enumeración es un tema que ha sido abordado varias veces en el área de autómatas celulares. En la mayoría de estas propuestas los diagramas de *de Bruijn* han jugado el papel principal. Jen utilizó diagramas de *de Bruijn* para calcular ancestros y enumerarlos mediante relaciones recursivas [53], McIntosh utiliza la misma herramienta para enumerar *still life* y ancestros periódicos en [70] y para estudiar cómo proliferan las preimágenes en relación con el crecimiento del espacio en [71], recientemente, Deqin y Qinghu los aplicaron también para enumerar preimágenes [102]. Otros enfoques han sido utilizados en el cálculo de las preimágenes, uno de ellos es el algoritmo propuesto por Wuenche en [101], otro procedimiento fue dado por Voorhees en [89] basado en la llamada matriz de reglas. En ese mismo trabajo en la página 226 Voorhees sugiere la posibilidad del calcular las preimágenes mediante los diagramas de *de Bruijn*, pero no otorga ningún mecanismo explícito para encontrar dichas preimágenes¹ y finalmente McIntosh en [81] lleva a cabo el cálculo de las preimágenes basado en los diagramas de subconjuntos.

La propuesta que aquí se plantea usa también los diagramas de *de Bruijn* como herramienta esencial en el cálculo de las preimágenes, pero bajo un enfoque que simplifica el cálculo de las mismas: mediante la operación sistemática sobre las matrices de preimágenes obtenidas de los diagramas *de Bruijn*. Esta perspectiva es la solución matricial al problema de búsqueda de rutas en teoría de gráficas. Lo que facilita el cálculo en esta nueva propuesta es que éste se lleva a cabo sobre las matrices fragmentadas propuestas por McIntosh en [70] y [71], con una variante: en lugar de considerar a los elementos de dichas matrices como 0's y 1's que indican la inexistencia o existencia del ancestro respectivamente, se toman como elementos de tales matrices a las vecindades que mapean en el estado representado por la matriz.

4.2 Diagramas de *de Bruijn*

Los diagramas de *de Bruijn* utilizados principalmente en el estudio sistemático del traslape de una secuencia de símbolos [78] fueron creados por *A.N. de Bruijn* [27] y por I.J. Good[36] en

¹Correspondencia electrónica entre Burton Voorhees y el autor.

forma independiente, para resolver un problema combinatorio sobre la existencia de n -tuplas de k símbolos². En el área de los autómatas celulares los diagramas de *de Bruijn* han llegado a ser una herramienta muy útil. Además de su uso en el cálculo de las preimágenes mostrado arriba, los diagramas de *de Bruijn* se han utilizado para estudiar muchas otras propiedades de los autómatas celulares. Nasu los utilizó para estudiar propiedades inyectivas y suprayectivas en los mapeos entre las configuraciones [73]. Wolfram los usa para estudiar autómatas celulares desde el punto de vista de teoría de la computación [95]. Sutner los utiliza para determinar si un autómata celular es reversible [83] y para caracterizar propiedades de mapeos sobreyectivos [84]. Los diagramas de *de Bruijn* están definidos de la siguiente manera:

Definición 4.1 (Diagrama de *de Bruijn*). *Un diagrama de Bruijn para una secuencia n es una gráfica dirigida que consiste de un conjunto no vacío $V(G) = \{i_0 \dots i_{n-2} | i_s \in \{0, 1\}\}^3$ de vértices, un conjunto $V(E)$ de aristas y una función de incidencia ψ_G que asocia a cada arista de G vértices de G . La función ψ_G asocia a través de una arista direccionada a los vértices de $i_0 \dots i_{n-2}$ con los vértices $j_0 \dots j_{n-2}$ si y sólo si $i_s = j_{s-1}$, $1 \leq s \leq n-2$. Esto es, que los $n-1$ elementos de los vértices $i_0 \dots i_{n-2}$ y $j_0 \dots j_{n-2}$ se traslapan para formar una cadena de n dígitos iniciando en i_0 y terminando en i_{n-2} .*

En términos de autómatas celulares unidimensionales cada elemento de $V(G)$ es una secuencia de $\tau-1$ células donde cada elemento del conjunto $E(G)$ esta asociado con un par de elementos de $V(G)$, si el traslape de ese par forma una vecindad. Dos vértices traslapan si del primer vértice los últimos $s-1$ dígitos coinciden con los primeros $s-1$ dígitos del segundo vértice. De esta manera $E(G) = \Sigma^\tau$ representa el conjunto completo de vecindades del autómata celular. Se puede etiquetar a cada arista con el estado en el cual cada vecindad evoluciona de acuerdo a la regla local φ o se puede tomar a cada arista como la vecindad (ver figura 4.2).

De esta manera, lo que muestra un diagrama de *de Bruijn* es cómo se dan los traslapes en una secuencia de símbolos y de qué tipo son. 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.

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

²En esta tesis se maneja el nombre *de Bruijn* para estos diagramas ya que en la mayoría de la literatura son referidos de esta manera, aunque el nombre más adecuado debería de ser “diagramas *de Bruijn-Good*” o “diagramas *Good-de Bruijn*”.

³En la definición original se considera $i_s \in \{0, 1\}$, aunque nosotros tomamos la generalidad $i_s \in \mathcal{A}$.

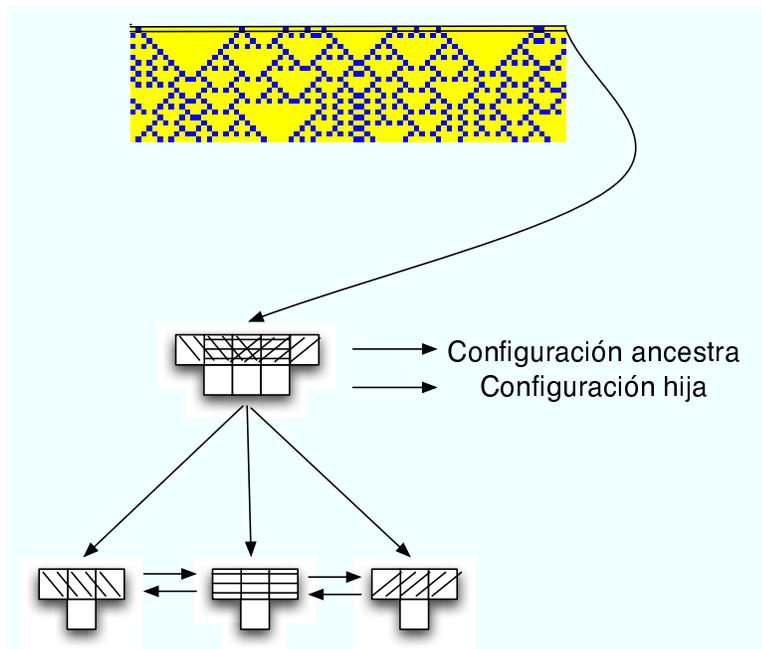


Figura 4.1: La configuración ancestral está formada por los traslapes de vecindades.

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 (ver figura 4.1).

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 éstos como la vecindad misma, la configuración ancestral del autómata estará representada por el traslape entre los nodos del 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 156, es decir:

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

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 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:

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

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 cómo puede llevarse a cabo el traslape. Si se desea indicar el traslape entre los nodos “01” con “11”, la arista tendrá la dirección desde el nodo “01” al nodo “11”: “01” \rightarrow “11” y así para el resto de las conexiones. De esta forma el diagrama de *de Bruijn* que representa a un autómata $(2,1)$ se muestra en la figura 4.2-a.

Dado que la arista representa a la vecindad, se puede representar una transformación sobre dicha vecindad. Y si dicha transformación es la regla de evolución del autómata celular, entonces

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

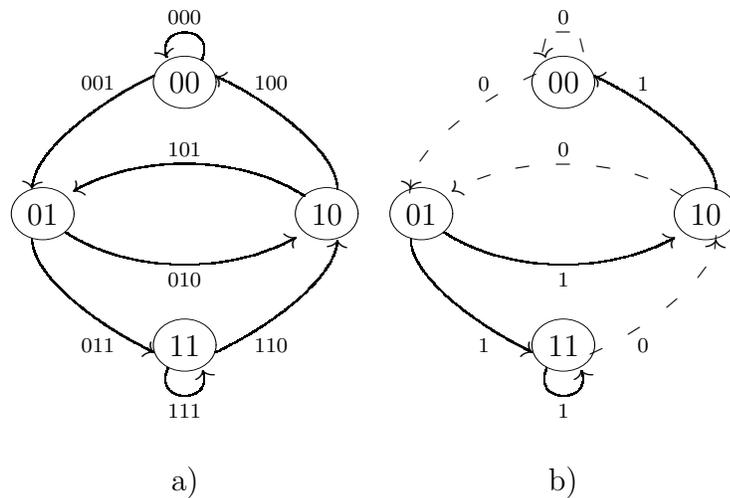


Figura 4.2: Diagrama de *de Bruijn*. a) Cada arista representa la vecindad de un autómata celular. b) Cada arista representa el resultado de evaluar la regla de evolución.

las aristas representan los estados de las células en la siguiente generación, como se muestra en la figura 4.2-b, 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 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 también determinar 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. A una cadena que no puede ser generada por la regla de evolución del autómata, se le da el nombre de *jardín de edén* [68]. 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.

4.3 Cálculo de ancestros mediante diagramas de *de Bruijn*

La importancia del diagrama de *de Bruijn* en términos de autómatas celulares se debe a que sus aristas pueden ser interpretadas de dos formas: como el mapeo de la regla local que describe la evolución del autómata celular y/o como la vecindad de ese mapeo. En este contexto las aristas representan traslapes con sus vértices asociados, los cuales constituyen parte de la vecindad. De esta manera los diagrama de *de Bruijn* pueden ser analizados usando conceptos de teoría de gráficas para deducir propiedades. Específicamente, la teoría de matrices puede ser una herramienta útil para realizar este análisis. En este contexto Jen [53], McIntosh [70] y Deqin-Qinghu [102] usan matrices de conectividad de los diagramas de *de Bruijn* para enumerar preimágenes. Estas matrices nos indican cuándo es posible tener preimágenes para cada estado $s \in \mathcal{A}$. Por lo tanto, como estos autores lo muestran, si se multiplica una secuencia de esas matrices se puede obtener la enumeración de las preimágenes de dicha secuencia.

Dado que en nuestro caso lo que se busca es calcular de manera explícita las preimágenes, se necesita otra característica del diagrama de *de Bruijn*. El principal objetivo es recorrer el diagrama de *de Bruijn* tomando en cuenta las preimágenes o vértices que se traslapan. De manera que cada arista se etiqueta $e_{i,j} = N(v_i, v_j) \in E(G)$ con la vecindad que representa el traslape entre los nodos v_i y v_j o $N(v_i, v_j)$. Una secuencia de h aristas es: $u_{i,k_1\dots j} = (v_i, v_{k_1}) (v_{k_1}, v_{k_2}), \dots, (v_{k_{h-1}}, v_j)$.

Se considera a los estados del autómata celular como el alfabeto \mathcal{A} . Una cadena o palabra w será una secuencia de símbolos de \mathcal{A} . Una cadena especial es la *cadena vacía*, la cual se denotará por λ . Si w_1 y w_2 son cadenas, entonces la concatenación extendida de w_1 y w_2 , escrita $w_1 \nabla w_2$, es la cadena formada por los símbolos de w_1 seguida por el último elemento de la cadena w_2 . Por ejemplo, “132” ∇ “321” = “1321”. La concatenación extendida con la cadena vacía no es válida⁵, pero λ puede surgir de una operación entre w_1 y w_2 . De esta manera, el problema de calcular las preimágenes es abordado como un *problema de búsqueda de rutas* [17], pero con una sutil diferencia: el operador de concatenación extendida.

La secuencia de las preimágenes de h aristas se forma tomando la arista (v_i, v_{k_1}) y concatenándola con el último elemento de la arista (v_{k_1}, v_{k_2}) , el resultado de esto a su vez se concatena con el último elemento de la arista (v_{k_2}, v_{k_3}) y así sucesivamente hasta llegar a la arista $(v_{k_{h-1}}, v_j)$. Entonces la palabra formada por la secuencia h es $u_{i,k_1\dots j} = (((v_i, v_{k_1}) \nabla (v_{k_1}, v_{k_2})) \nabla (v_{k_2}, v_{k_3})) \nabla \dots \nabla (v_{k_{h-1}}, v_j)$.

En resumen, cada palabra del lenguaje resultante se origina a través de la aplicación de la operación ∇ en las secuencias de aristas. Estas palabras son las secuencias de preimágenes y

⁵Esto se debe a que cuando el operando es vacío las imágenes no pueden existir.

el conjunto de todas estas palabras es un lenguaje que consiste en las secuencias de todas las preimágenes. Para considerar a todas las preimágenes de una secuencia en particular, se requiere una matriz que indique no solamente la posibilidad de que exista o no la preimagen, sino que contenga explícitamente la preimagen para cada uno de los estados del autómata celular. Las matrices que otorgan esta información se llamarán *matrices de preimágenes* y se definen de la siguiente manera:

Definición 4.2 (Matriz de preimágenes). *Sean v_i y $v_j \in V(G)$ los vértices del diagrama de de Bruijn para $i, j = 1, 2, 3, \dots, |V(G)|$. La matriz de preimágenes $M(s)_{i,j}$ del estado s se define como:*

$$M(s)_{i,j} = \begin{cases} \{N(v_i v_j)\} & \text{If } \phi(N(v_i, v_j)) = s \text{ donde } s \in \mathcal{A} \\ \emptyset & \text{otro caso.} \end{cases} \quad (4.1)$$

donde $N(v_i, v_j)$ es la vecindad representada por v_i y v_j para $i, j = 1 \dots |V(G)|$ con su correspondiente mapeo en $s \in \mathcal{A}$. Para simplificar la notación se denota a $M(s)_{i,j}$ como M_s .

Lo que resta es definir el operador \odot que calcula las preimágenes a partir de las matrices M_s del diagrama de de Bruijn.

Definición 4.3. *Sean $A = [a_{ik}]$ y $B = [b_{kj}]$ matrices de preimágenes $n \times n$. El operador \odot de A y B denotado por $A \odot B$ calcula una matriz de secuencias de preimágenes C , cuyos elementos $c_{i,j}$ se definen como:*

$$c_{i,j} = \bigcup_{k=1}^n a_{ik} \otimes b_{kj} \quad (4.2)$$

donde

$$a_{ik} \otimes b_{kj} = \begin{cases} \{a_{iku} \nabla b_{kj1}\} & \text{para } 1 \leq u \leq |a_{ik}| \text{ If } a_{ik} \neq \emptyset \text{ y } b_{kj} \neq \emptyset \\ \emptyset & \text{otro caso} \end{cases}$$

el operador ∇ es la concatenación extendida, y ésta concatena a a_{iku} con el último elemento de b_{kj1} .

Nótese que la operación \otimes está definida sobre conjuntos de preimágenes y ésta es válida solamente cuando a_{ik} tiene una o más preimágenes y cuando b_{kj} sólo contiene una. De esta manera cada preimagen de a_{ik} se concatena con el último dígito del único elemento de b_{kj} .

Para calcular las preimágenes de la configuración $a_1a_2a_3 \dots a_w$ de un autómata celular donde $a_i \in \Sigma$ para $i = 1 \dots w$, se requiere calcular la composición del operador \odot sobre las matrices $M_{a_1}M_{a_2}M_{a_3} \dots M_{a_k}$ las cuales representan la secuencia $a_1a_2a_3 \dots a_k$.

$$M_{a_1a_2a_3 \dots a_k} = (((M_{a_1} \odot M_{a_2}) \odot M_{a_3}) \odot \dots) \odot M_{a_k}.$$

El resultado de esta operación $M_{a_1a_2a_3 \dots a_k}$ contendrá todas las secuencias que son preimágenes de $a_1a_2a_3 \dots a_k$. Si los elementos de $M_{a_1a_2a_3 \dots a_k}$ son todos \emptyset entonces $a_1a_2a_3 \dots a_k$ es un Jardín del Edén⁶.

4.4 Casos de estudio

4.4.1 Autómatas celulares binarios de radio 1.

Consideremos la regla 110 cuya regla de evolución sabemos que es $\{111, 100, 000\} \mapsto 0$ y $\{110, 101, 011, 010, 001\} \mapsto 1$. La representación de esta regla mediante el diagrama de *de Bruijn* está dada por la la figura 4.3.

A partir de esta gráfica se obtienen las matrices de preimágenes. En este caso existen dos matrices de preimágenes, una para el estado 0 y otra para el estado 1. El contenido de estas matrices son las vecindades que mapean en el estado que representa cada matriz. La matriz de preimágenes para el estado 0 es:

$$M_0 = \begin{pmatrix} \{“000”\} & \emptyset & - & - \\ - & - & \emptyset & \emptyset \\ \{“100”\} & \emptyset & - & - \\ - & - & \emptyset & \{“111”\} \end{pmatrix}$$

y para el estado 1:

$$M_1 = \begin{pmatrix} \emptyset & \{“001”\} & - & - \\ - & - & \{“010”\} & \{“011”\} \\ \emptyset & \{“101”\} & - & - \\ - & - & \{“110”\} & \emptyset \end{pmatrix}$$

⁶Una configuración o secuencia es considerado jardín del edén si no es posible que ocurra como parte de la evolución del autómata celular. El único lugar en que pueda ocurrir es como parte de la configuración inicial.

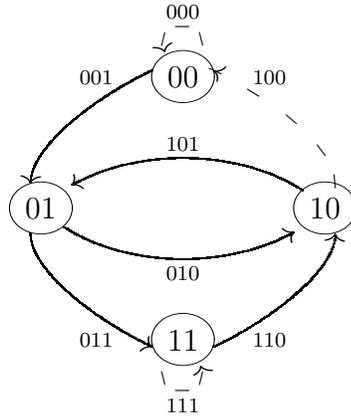


Figura 4.3: Diagrama de *de Bruijn* representando la regla de evolución de un autómata celular binario en una dimensión. La regla de evolución representada es la 110: $\{000, 100, 111\} \mapsto 0$ y $\{001, 010, 011, 101, 110\} \mapsto 1$. Las aristas punteadas representan el mapeo en el estado 0, y las aristas sólidas representan el mapeo en el estado 1.

Los guiones que aparecen como elementos de la matriz representan los traslapes no permitidos. Para efectos del cálculo, estos guiones se toman como vacíos al igual que las vecindades que no mapean en el estado en cuestión. Nótese además que podemos tener la matriz de preimágenes en general para cualquier autómata celular, a partir del cual se desprenden las matrices de preimágenes de cualquier regla de evolución.

	00	01	10	11
00	{“000”}	{“001”}	–	–
01	–	–	{“010”}	{“011”}
10	{“100”}	{“101”}	–	–
11	–	–	{“110”}	{“111”}

Entonces, si se desea conocer las preimágenes de “01001”, se tiene que calcular:

$$M_{01001} = (((M_0 \odot M_1) \odot M_0) \odot M_0) \odot M_1$$

Cuyo resultado es:

$$M_{01001} = \begin{pmatrix} \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\ \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\ \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\ \emptyset & \{\text{"1110001"}\} & \emptyset & \emptyset \end{pmatrix}$$

Es decir, el bloque "1110001" es la única preimágen de "01001".

Suponga ahora que se desea calcular las preimágenes del bloque "0100100110", se tiene que calcular:

$$M_{0100100110} = (((((((((M_0 \odot M_1) \odot M_0) \odot M_0) \odot M_1) \odot M_0) \odot M_0) \odot M_1) \odot M_1) \odot M_0)$$

Cuyo resultado es:

$$M_{0100100110} = \begin{pmatrix} \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\ \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\ \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\ \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \end{pmatrix}$$

Es decir el bloque "0100100110" es un bloque que pertenece al jardín del edén de la regla 110.

4.4.2 Autómatas celulares de 3 estados de radio 1.

Ahora se calculan las preimágenes de un autómata celular unidimensional de tres estados y una vecindad de 3 células. Consideremos un autómata celular con $\Sigma = \{0, 1, 2\}$, $\tau=3$, y la siguiente regla de evolución:

$$\begin{array}{llllll} \{0, 0, 0\} \rightarrow 1, & \{0, 0, 1\} \rightarrow 1, & \{0, 0, 2\} \rightarrow 0 & \{0, 1, 0\} \rightarrow 1, & \{0, 1, 1\} \rightarrow 2, & \{0, 1, 2\} \rightarrow 2 \\ \{0, 2, 0\} \rightarrow 0, & \{0, 2, 1\} \rightarrow 1, & \{0, 2, 2\} \rightarrow 0 & \{1, 0, 0\} \rightarrow 1, & \{1, 0, 1\} \rightarrow 1, & \{1, 0, 2\} \rightarrow 0 \\ \{1, 1, 0\} \rightarrow 0, & \{1, 1, 1\} \rightarrow 2, & \{1, 1, 2\} \rightarrow 1 & \{1, 2, 0\} \rightarrow 2, & \{1, 2, 1\} \rightarrow 2, & \{1, 2, 2\} \rightarrow 1 \\ \{2, 0, 0\} \rightarrow 1, & \{2, 0, 1\} \rightarrow 0, & \{2, 0, 2\} \rightarrow 2 & \{2, 1, 0\} \rightarrow 0, & \{2, 1, 1\} \rightarrow 1, & \{2, 1, 2\} \rightarrow 0 \\ \{2, 2, 0\} \rightarrow 0, & \{2, 2, 1\} \rightarrow 2, & \{2, 2, 2\} \rightarrow 2. \end{array}$$

Esta regla puede representarse gráficamente con un diagrama de *de Bruijn* (ver figura 4.4). En este ejemplo los vértices son "00", "01", "02", "10", "11", "12", "20", "21", "22". Las aristas asocian dos vértices para crear una vecindad mediante un traslape. El traslape consiste en sobreponer el último dígito de un vértice con el primer dígito de otro vértice siempre y cuando coincida el último dígito al primer nodo con el primer dígito del segundo nodo. Las vecindades o

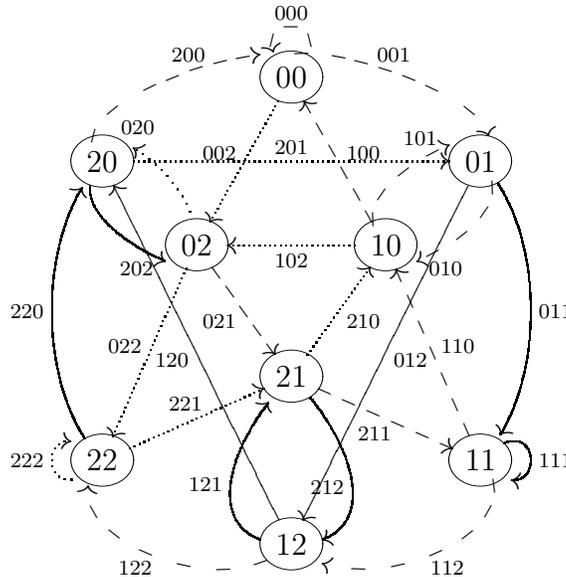


Figura 4.4: El diagrama de *de Bruijn* representa los mapeos a través de sus aristas. Las aristas punteadas corresponden al mapeo en 0, las aristas segmentadas con líneas más grandes corresponden al mapeo en 1 y las aristas sólidas son los mapeos en 2.

aristas que pueden formarse son “000”, “001”, “002”, “010”, “011”, “012”, “020”, “021”, “022”, “100”, “101”, “102”, “110”, “111”, “112”, “120”, “121”, “122”, “200”, “201”, “202”, “210”, “211”, “212”, “220”, “221”, “222”. Finalmente, la dirección de las aristas indican la manera en que el traslape es posible y el tipo de arista (sólido, punteado grueso y punteado fino) denota el mapeo de la vecindad.

A partir de esta gráfica se puede obtener las matrices de preimágenes. En esta caso se tienen tres matrices de preimágenes, una por cada estado. El contenido de estas matrices son las vecindades que mapean en el estado que representa cada matriz. Las matrices de preimágenes son las siguientes:

$$M_0 = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \{“002”\} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \{“020”\} & 0 & \{“022”\} \\ 0 & 0 & \{“102”\} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \{“110”\} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \{“201”\} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \{“210”\} & 0 & \{“212”\} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \{“220”\} & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

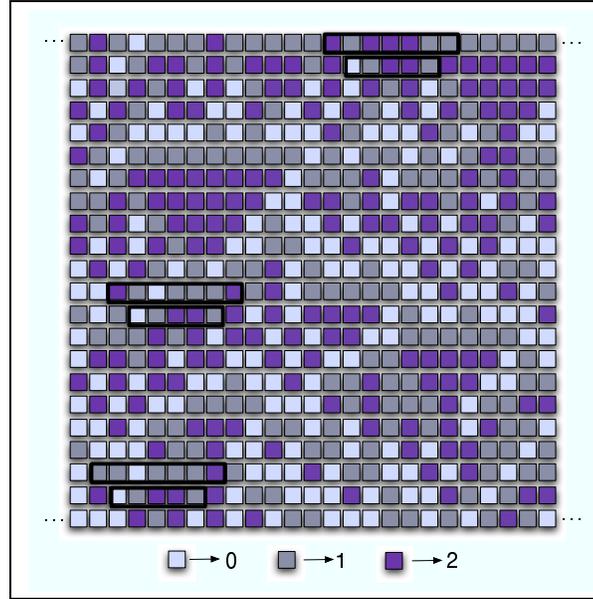


Figura 4.5: Un ejemplo del espacio fase del autómata celular descrito en esta sección. Aquí la preimagen y su imagen son marcadas en líneas negras. Los estados 0,1 y 2 son representados mediante niveles de gris desde el más claro hasta el más oscuro.

$$M_1 = \begin{pmatrix}
 \{ "000" \} & \{ "001" \} & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset & \emptyset & \{ "010" \} & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\
 \{ "100" \} & \{ "101" \} & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \{ "021" \} & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \{ "112" \} & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\
 \emptyset & \{ "122" \} \\
 \{ "200" \} & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \{ "211" \} & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset
 \end{pmatrix}$$

$$M_2 = \begin{pmatrix}
 \emptyset & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \{ "011" \} & \{ "012" \} & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \{ "111" \} & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \{ "120" \} & \{ "121" \} & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset & \{ "202" \} & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset & \emptyset \\
 \emptyset & \emptyset \\
 \emptyset & \{ "221" \} & \{ "222" \}
 \end{pmatrix}$$

Entonces, si se desean conocer las preimágenes de "01221", se tiene que calcular:

$$M_{01221} = (((M_0 \odot M_1) \odot M_2) \odot M_2) \odot M_1$$

Cuyo resultado es:

$$M_{01221} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \{ "1101200" \} & 0 & 0 & 0 & \{ "1101211" \} & \{ "1101112" \} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \{ "2101200" \} & 0 & 0 & 0 & \{ "2101211", "2122211" \} & \{ "2101112" \} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Las configuraciones “1101200”, “1101211”, “1101112”, “2101200”, “2101211”, “2122211” y “2101112” of M_{01221} son las preimágenes de “01221”. Algunas de estas preimágenes se ilustran en la evolución (ver figura 4.5) de este autómata celular.

4.4.3 Autómatas celulares de 2 estados de radio 3.

Finalmente, calculamos preimágenes para un autómata celular unidimensional de 2 estados, $\Sigma = \{0, 1\}$ y un radio de 3, ($\tau=7$), con la siguiente regla de evolución:

$$x_i^{t+1} = \begin{cases} 1 & \text{Si } \sum(\tau) = 0 \text{ o } \sum(\tau) = 5 \\ 0 & \text{otro caso} \end{cases} \tag{4.3}$$

En este caso, el diagrama de *de Bruijn* (ver figura ??) consiste en 64 nodos cuyos enlaces forman las 128 vecindades de 0's y 1's.

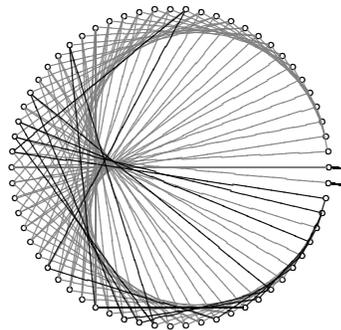


Figura 4.6: The *De Bruijn* diagram corresponding to evolution rule 4.3.

Dado el número de nodos y aristas involucrados en la gráfica es difícil analizarla visualmente. Sin embargo, debido a la representación matricial que se tiene del diagrama en sus matrices

de preimágenes podemos calcular las preimágenes, sin ver el detalle visual del diagrama. Las matrices de preimágenes consisten de 64 renglones \times 64 columnas. La matriz de preimágenes del estado 0 es:

$$M_0 = \left(\begin{array}{llll} (1, 2) & \rightarrow & \{ "0000001" \}, & (22, 43) & \rightarrow & \{ "0101010" \}, & (45, 26) & \rightarrow & \{ "1011001" \} \\ (2, 3) & \rightarrow & \{ "0000010" \}, & (22, 44) & \rightarrow & \{ "0101011" \}, & (46, 27) & \rightarrow & \{ "1011010" \} \\ (2, 4) & \rightarrow & \{ "0000011" \}, & (23, 45) & \rightarrow & \{ "0101100" \}, & (47, 29) & \rightarrow & \{ "1011100" \} \\ (3, 5) & \rightarrow & \{ "0000100" \}, & (23, 46) & \rightarrow & \{ "0101101" \}, & (48, 32) & \rightarrow & \{ "1011111" \} \\ (3, 6) & \rightarrow & \{ "0000101" \}, & (24, 47) & \rightarrow & \{ "0101110" \}, & (49, 33) & \rightarrow & \{ "1100000" \} \\ (4, 7) & \rightarrow & \{ "0000110" \}, & (25, 49) & \rightarrow & \{ "0110000" \}, & (49, 34) & \rightarrow & \{ "1100001" \} \\ (4, 8) & \rightarrow & \{ "0000111" \}, & (25, 50) & \rightarrow & \{ "0110001" \}, & (50, 35) & \rightarrow & \{ "1100010" \} \\ (5, 9) & \rightarrow & \{ "0001000" \}, & (26, 51) & \rightarrow & \{ "0110010" \}, & (50, 36) & \rightarrow & \{ "1100011" \} \\ (5, 10) & \rightarrow & \{ "0001001" \}, & (26, 52) & \rightarrow & \{ "0110011" \}, & (51, 37) & \rightarrow & \{ "1100100" \} \\ (6, 11) & \rightarrow & \{ "0001010" \}, & (27, 53) & \rightarrow & \{ "0110100" \}, & (51, 38) & \rightarrow & \{ "1100101" \} \\ (6, 12) & \rightarrow & \{ "0001011" \}, & (27, 54) & \rightarrow & \{ "0110101" \}, & (52, 39) & \rightarrow & \{ "1100110" \} \\ (7, 13) & \rightarrow & \{ "0001100" \}, & (28, 55) & \rightarrow & \{ "0110110" \}, & (53, 41) & \rightarrow & \{ "1101000" \} \\ (7, 14) & \rightarrow & \{ "0001101" \}, & (29, 57) & \rightarrow & \{ "0111000" \}, & (53, 42) & \rightarrow & \{ "1101001" \} \\ (8, 15) & \rightarrow & \{ "0001110" \}, & (29, 58) & \rightarrow & \{ "0111001" \}, & (54, 43) & \rightarrow & \{ "1101010" \} \\ (8, 16) & \rightarrow & \{ "0001111" \}, & (30, 59) & \rightarrow & \{ "0111010" \}, & (55, 45) & \rightarrow & \{ "1101100" \} \\ (9, 17) & \rightarrow & \{ "0010000" \}, & (31, 61) & \rightarrow & \{ "0111100" \}, & (56, 48) & \rightarrow & \{ "1101111" \} \\ (9, 18) & \rightarrow & \{ "0010001" \}, & (32, 64) & \rightarrow & \{ "0111111" \}, & (57, 49) & \rightarrow & \{ "1110000" \} \\ (10, 19) & \rightarrow & \{ "0010010" \}, & (33, 1) & \rightarrow & \{ "1000000" \}, & (57, 50) & \rightarrow & \{ "1110001" \} \\ (10, 20) & \rightarrow & \{ "0010011" \}, & (33, 2) & \rightarrow & \{ "1000001" \}, & (58, 51) & \rightarrow & \{ "1110010" \} \\ (11, 21) & \rightarrow & \{ "0010100" \}, & (34, 3) & \rightarrow & \{ "1000010" \}, & (59, 53) & \rightarrow & \{ "1110100" \} \\ (11, 22) & \rightarrow & \{ "0010101" \}, & (34, 4) & \rightarrow & \{ "1000011" \}, & (60, 56) & \rightarrow & \{ "1110111" \} \\ (12, 23) & \rightarrow & \{ "0010110" \}, & (35, 5) & \rightarrow & \{ "1000100" \}, & (61, 57) & \rightarrow & \{ "1111000" \} \\ (12, 24) & \rightarrow & \{ "0010111" \}, & (35, 6) & \rightarrow & \{ "1000101" \}, & (62, 60) & \rightarrow & \{ "1111011" \} \\ (13, 25) & \rightarrow & \{ "0011000" \}, & (36, 7) & \rightarrow & \{ "1000110" \}, & (63, 62) & \rightarrow & \{ "1111101" \} \\ (13, 26) & \rightarrow & \{ "0011001" \}, & (36, 8) & \rightarrow & \{ "1000111" \}, & (64, 63) & \rightarrow & \{ "1111110" \} \\ (14, 27) & \rightarrow & \{ "0011010" \}, & (37, 9) & \rightarrow & \{ "1001000" \}, & (64, 64) & \rightarrow & \{ "1111111" \} \\ (14, 28) & \rightarrow & \{ "0011011" \}, & (37, 10) & \rightarrow & \{ "1001001" \}, & & & \\ (15, 29) & \rightarrow & \{ "0011100" \}, & (38, 11) & \rightarrow & \{ "1001010" \}, & & & \\ (15, 30) & \rightarrow & \{ "0011101" \}, & (38, 12) & \rightarrow & \{ "1001011" \}, & & & \\ (16, 31) & \rightarrow & \{ "0011110" \}, & (39, 13) & \rightarrow & \{ "1001100" \}, & & & \\ (17, 33) & \rightarrow & \{ "0100000" \}, & (39, 14) & \rightarrow & \{ "1001101" \}, & & & \\ (17, 34) & \rightarrow & \{ "0100001" \}, & (40, 15) & \rightarrow & \{ "1001110" \}, & & & \\ (18, 35) & \rightarrow & \{ "0100010" \}, & (41, 17) & \rightarrow & \{ "1010000" \}, & & & \\ (18, 36) & \rightarrow & \{ "0100011" \}, & (41, 18) & \rightarrow & \{ "1010001" \}, & & & \\ (19, 37) & \rightarrow & \{ "0100100" \}, & (42, 19) & \rightarrow & \{ "1010010" \}, & & & \\ (19, 38) & \rightarrow & \{ "0100101" \}, & (42, 20) & \rightarrow & \{ "1010011" \}, & & & \\ (20, 39) & \rightarrow & \{ "0100110" \}, & (43, 21) & \rightarrow & \{ "1010100" \}, & & & \\ (20, 40) & \rightarrow & \{ "0100111" \}, & (43, 22) & \rightarrow & \{ "1010101" \}, & & & \\ (21, 41) & \rightarrow & \{ "0101000" \}, & (44, 23) & \rightarrow & \{ "1010110" \}, & & & \\ (21, 42) & \rightarrow & \{ "0101001" \}, & (45, 25) & \rightarrow & \{ "1011000" \}, & & & \end{array} \right)$$

Esta matriz es una síntesis de la matriz original donde se muestra la posición donde se encuentra cada una de las preimágenes del estado 0. La matriz de preimágenes del estado 1 es la siguiente:

$$M_1 = \left(\begin{array}{llll} (1, 1) & \rightarrow & \{ "0000000" \} & (44, 24) & \rightarrow & \{ "1010111" \} & (58, 52) & \rightarrow & \{ "1110011" \} \\ (16, 32) & \rightarrow & \{ "0011111" \} & (46, 28) & \rightarrow & \{ "1011011" \} & (59, 54) & \rightarrow & \{ "1110101" \} \\ (24, 48) & \rightarrow & \{ "0101111" \} & (47, 30) & \rightarrow & \{ "1011101" \} & (60, 55) & \rightarrow & \{ "1110110" \} \\ (28, 56) & \rightarrow & \{ "0110111" \} & (48, 31) & \rightarrow & \{ "1011110" \} & (61, 58) & \rightarrow & \{ "1111001" \} \\ (30, 60) & \rightarrow & \{ "0111011" \} & (52, 40) & \rightarrow & \{ "1100111" \} & (62, 59) & \rightarrow & \{ "1111010" \} \\ (31, 62) & \rightarrow & \{ "0111101" \} & (54, 44) & \rightarrow & \{ "1101011" \} & (63, 61) & \rightarrow & \{ "1111100" \} \\ (32, 63) & \rightarrow & \{ "0111110" \} & (55, 46) & \rightarrow & \{ "1101101" \} & & & \\ (40, 16) & \rightarrow & \{ "1001111" \} & (56, 47) & \rightarrow & \{ "1101110" \} & & & \end{array} \right)$$

Supongamos entonces que se desean conocer las preimágenes de la cadena “1001”. Esto implica calcular

$$M_{1001} = (((M_1 \odot M_0) \odot M_0) \odot M_1)$$

lo que nos da como resultado 10 preimágenes.

$$M_{1001} = \left(\begin{array}{l} (16, 61) \rightarrow \{“0011111100”\} \\ (28, 63) \rightarrow \{“0110111110”\} \\ (30, 31) \rightarrow \{“0111011110”\} \\ (31, 47) \rightarrow \{“0111101110”\} \\ (32, 55) \rightarrow \{“0111110110”\} \\ (40, 58) \rightarrow \{“1001111001”\} \\ (52, 60) \rightarrow \{“1100111011”\} \\ (54, 28) \rightarrow \{“1101011011”\} \\ (55, 44) \rightarrow \{“1101101011”\} \\ (56, 52) \rightarrow \{“1101110011”\} \end{array} \right)$$

Algunas de las cuales se pueden identificar en el espacio fase (ver figura 4.7) del autómata celular.

Conclusiones

El método aquí propuesto puede calcular las preimágenes para cualquier número de estados y tamaño de la vecindad en autómatas celulares unidimensionales. Para lograr esto se redefine el operador de la multiplicación de matrices en términos de uniones y concatenaciones de la misma forma en que se lleva a cabo en las álgebras regulares [17], pero con una sutil diferencia: la definición del operador de concatenación. De esta manera el enfoque de *búsqueda de rutas* en los diagramas de *de Bruijn* reduce el problema de calcular preimágenes al de realizar operaciones sobre matrices. Este enfoque otorga una herramienta nueva para calcular preimágenes en autómatas celulares. Con esto se tiene entonces un instrumento para generar los polinomios con los que se caracteriza el comportamiento de las densidades en los autómatas celulares en general y en particular las densidades del comportamiento colectivo no trivial.

4.5 Comentarios finales

La diferencia entre el método expuesto aquí y las propuestas del cálculo de preimágenes en la literatura de autómatas celulares radica en que este método, además de simplificar el cálculo de

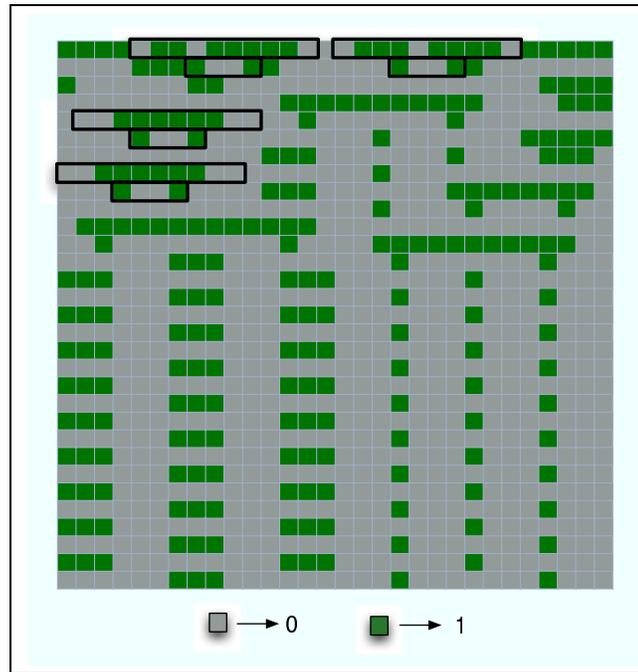


Figura 4.7: Espacio fase del autómata celular con regla de evolución 4.3. En esta evolución se detecta la cadena “1001” con algunas de sus preimágenes.

las preimágenes, redirecciona el problema a una operación matemática sobre matrices en lugar de los enfoques algorítmicos presentados en [89], [101] y [81]. Esto es importante en dos sentidos:

1. Se tiene una solución elegante del problema, es decir una solución matemática en términos de operaciones entre matrices y no una solución algorítmica.
2. Abre la posibilidad de realizar un análisis sobre la estructura algebraica que respresenta la operación de concatenación extendida y las matrices de preimágenes. Y por lo tanto la de encontrar propiedades más generales.

Capítulo 5

Caracterización de la densidad en los Autómatas Celulares

En este capítulo se propone una generalización sobre la caracterización de la densidad en los autómatas celulares. Este resultado es importante ya que permite conocer analíticamente el comportamiento de las densidades de los autómatas celulares en general y en particular aquellos con comportamiento colectivo no trivial. Los métodos propuestos hasta ahora como la Teoría del campo medio [80] y la Teoría de la estructura local [40] son casos particulares de esta nueva propuesta. Lo que aquí se plantea como esquema fundamental en la caracterización, se basa en la iteración de las funciones de densidad de preimágenes de los autómatas celulares. Dada $f(\mathbf{x})$ la función de densidad de preimágenes para cualquier conjunto de bloques de células, el comportamiento de la densidad del estado s se obtiene de manera iterativa mediante la órbita de \mathbf{x} : $\mathbf{x}, f(\mathbf{x}), f^2(\mathbf{x}), f^3(\mathbf{x}) \dots$ donde \mathbf{x} está dada por las vecindades que mapean en el estado s . La convergencia de la densidad de esta serie de polinomios determina el polinomio que caracteriza el comportamiento de la densidad del autómata celular.

El capítulo está organizado de la siguiente manera. Primero se presenta el esquema general de la caracterización de la densidad ilustrado con el autómata celular en 1D con regla de evolución 110. Una vez que se tiene la idea del proceso se caracterizan los 88 autómatas celulares $(2, 1)$ fundamentalmente equivalentes en una dimensión. Para cada uno de estos autómatas celulares se obtienen los polinomios que nos permiten saber la estabilización de la densidad promedio, a partir de cualquier configuración inicial. Durante este análisis se plantean y aplican las alternativas para demostrar la convergencia. En esta caso, para determinar la convergencia de los polinomios de densidad se toman los dos esquemas siguientes:

1. Una construcción gráfica llamada “árbol de preimágenes”.

2. La relación entre los coeficientes de los polinomios de densidad de las distintas generaciones y el triángulo de Pascal.

Cuando las herramientas anteriores no logran determinar la convergencia se analiza la tendencia numérica de los polinomios de densidad aproximados mediante el método de Monte-Carlo.

Finalmente, una vez que se tiene la caracterización de las densidades, es casi imposible no caer en la tentación de abordar el problema de la clasificación en autómatas celulares, de manera que se realiza un estudio de este problema donde se propone una clasificación basada en la agrupación de las reglas por los coeficientes de los polinomios de densidad. Es decir, se reestructura la propuesta de Wentian Li [91] considerando los coeficientes de los polinomios donde se estabiliza su densidad, o en su defecto, se procede a la estimación de estos polinomios por el método de Monte Carlo realizando la estimación hasta la generación 50.

5.1 Polinomios de densidad

La propuesta del cálculo del polinomio que caracteriza la densidad de un autómata celular está basado en la composición de funciones de densidad hasta llegar a una función que representa dicho comportamiento. Calcular la probabilidad de un evento en un tiempo dado implica el cálculo de probabilidad de la secuencia de eventos que le anteceden. Así, la probabilidad de que ocurra el estado 1 en la configuración de un autómata celular, depende de la probabilidad de que ocurran las vecindades que mapean en ese estado, vecindades que a su vez dependen de la probabilidad de que ocurran los bloques de células que las hacen posible y así sucesivamente (ver figura 5.1).

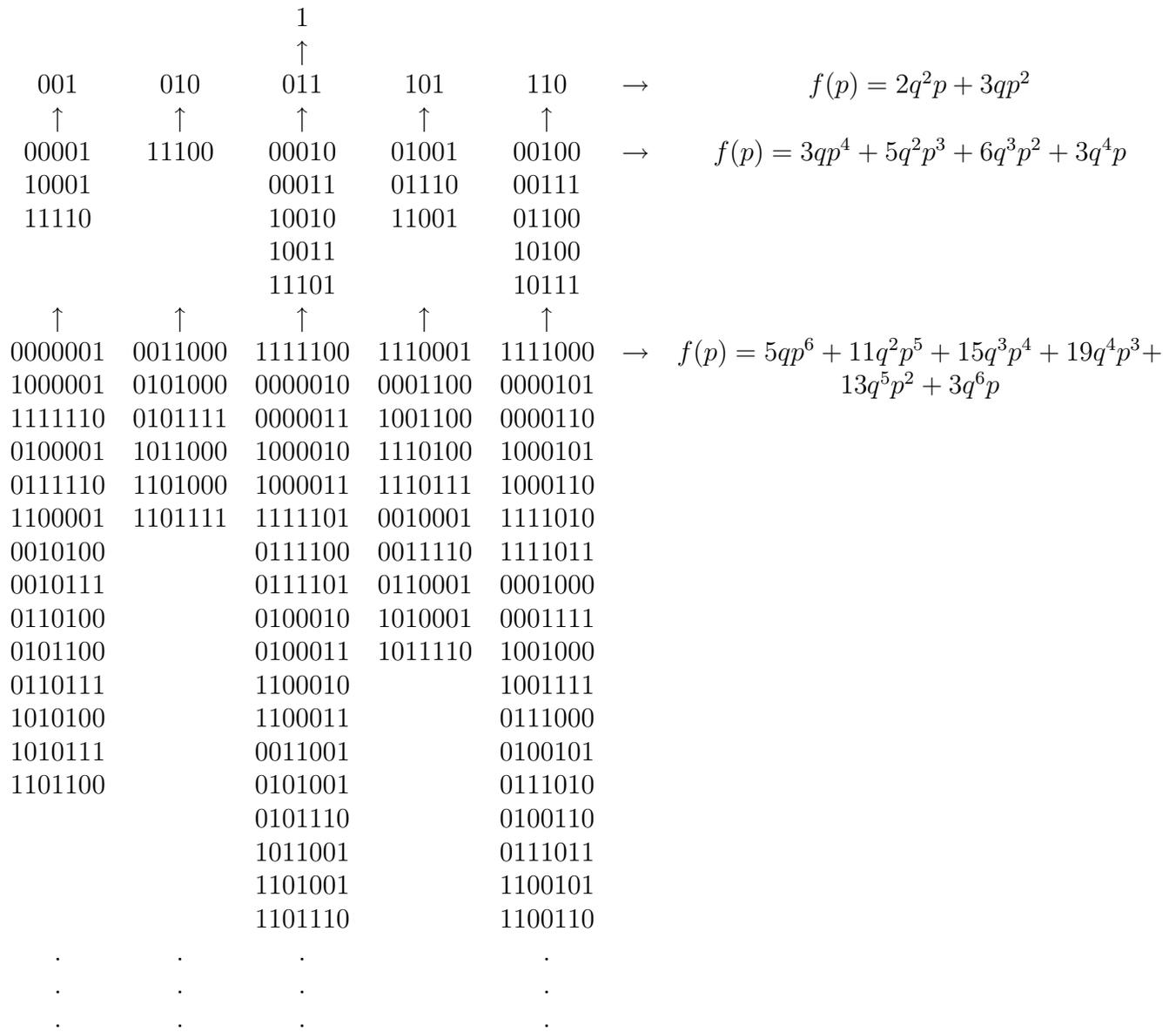


Figura 5.1: En esta gráfica se muestra tres generaciones de preimágenes a partir del estado 1 y sus respectivos polinomios de densidad asociados.

Como puede verse en la figura 5.1 el cálculo de las distintas funciones de densidad está dado básicamente por el cálculo de las preimágenes o cadenas ancestras¹. Una vez que se tiene una manera de calcular las preimágenes de cualquier cadena, podemos comenzar a calcular los polinomios de densidad para cualquier autómata celular unidimensional. Esto se ilustra calculando los polinomios de densidad de la regla 110.

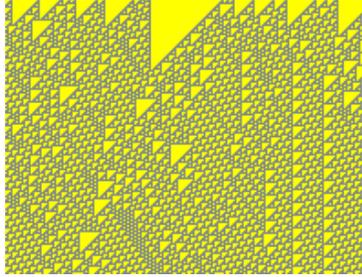


Figura 5.2: Espacio fase de la regla 110, a partir de una condición inicial aleatoria.

Polinomios de densidad del autómata celular unidimensional regla 110

El autómata celular unidimensional cuya regla de evolución corresponde a:

$$\varphi := \begin{cases} \{000, 100, 111\} & \rightarrow 0, \\ \{001, 010, 011, 101, 110, 100\} & \rightarrow 1. \end{cases} \quad (5.1)$$

conocida en la notación de Wolfram como regla 110 (ver evolución en la figura 5.2); tiene como ancestros del estado 1 a las vecindades $\{001, 010, 011, 101, 110, 100\}$ por lo que la función de densidad de la primer generación² es $f(p) = 2q^2p + 3qp^2$. Ahora, los ancestros de las vecindades $\{001, 010, 011, 101, 110, 100\}$ que mapean en 1 son: $\{00001, 10001, 11110, 11100, 00010, 00011, 10010, 10011, 11101, 01001, 01110, 11001, 00100, 00111, 01100, 10100, 10111\}$. Por tanto, su función de densidad asociada es $f(p) = 3qp^4 + 5q^2p^3 + 6q^3p^2 + 3q^4p$. A su vez, las preimágenes de estos últimos ancestros son: $\{0000001, 1000001, 1111110, 0100001, 0111110, 1100001, 0010100, 0010111, 0110100, 0101100, 0110111, 1010100, 1010111, 1101100, 0011000, 0101000, 0101111, 1011000, 1101000, 1101111, 1111100, 0000010, 0000011, 1000010, 1000011, 1111101, 0111100,$

¹Este cálculo fue tratado en el capítulo 4.

²Nótese que esto es equivalente a la teoría del campo medio.

Cuadro 5.1: Polinomios de densidad hasta la séptima generación de la regla 110.

1	$3qp^2 + 2q^2p$
2	$3qp^4 + 5q^2p^3 + 6q^3p^2 + 3q^4p$
3	$5qp^6 + 11q^2p^5 + 15q^3p^4 + 19q^4p^3 + 13q^5p^2 + 3q^6p$
4	$3qp^8 + 20q^2p^7 + 45q^3p^6 + 64q^4p^5 + 67q^5p^4 + 48q^6p^3 + 22q^7p^2 + 5q^8p$
5	$5qp^{10} + 33q^2p^9 + 94q^3p^8 + 165q^4p^7 + 216q^5p^6 + 233q^6p^5 + 188q^7p^4 + 95q^8p^3 + 26q^9p^2 + 3q^{10}p$
6	$6qp^{12} + 44q^2p^{11} + 163q^3p^{10} + 388q^4p^9 + 670q^5p^8 + 899q^6p^7 + 929q^7p^6 + 710q^8p^5 + 394q^9p^4 + 156q^{10}p^3 + 40q^{11}p^2 + 5q^{12}p$
7	$8qp^{14} + 56q^2p^{13} + 244q^3p^{12} + 754q^4p^{11} + 1651q^5p^{10} + 2713q^6p^9 + 3506q^7p^8 + 3523q^8p^7 + 2679q^9p^6 + 1562q^{10}p^5 + 725q^{11}p^4 + 258q^{12}p^3 + 59q^{13}p^2 + 6q^{14}p$
...	

0111101, 0100010, 0100011, 1100010, 1100011, 0011001, 0101001, 0101110, 1011001, 1101001, 1101110, 1110001, 0001100, 1001100, 1110100, 1110111, 0010001, 0011110, 0110001, 1010001, 1011110, 1111000, 0000101, 0000110, 1000101, 1000110, 1111010, 1111011, 0001000, 0001111, 1001000, 1001111, 0111000, 0100101, 0111010, 0100110, 0111011, 1100101, 1100110}. Lo que otorga el siguiente polinomio de densidad : $f(p) = 5qp^6 + 11q^2p^5 + 15q^3p^4 + 19q^4p^3 + 13q^5p^2 + 3q^6p$.

Si se continúa con este cálculo hasta la generación 7, se obtienen los polinomios de densidad mostrados en el cuadro 5.1. Nótese que se pueden calcular estas funciones de densidad de manera indefinida, pero el problema aquí es determinar cuándo detener el proceso, o en otros términos cómo detectar la función o polinomio de densidad que caracteriza el comportamiento de las densidades del autómata celular en esta familia de polinomios.

5.2 Caracterización del comportamiento de las densidades.

El mecanismo para el cálculo de preimágenes puede ser considerado como una función que tiene como argumentos a bloques de células y que obtiene como resultado cadenas ancestras de dichos bloques, $f : A \mapsto B$ donde A es un conjunto cadenas o bloques de células de un autómata celular y B es el conjunto de ancestros de los bloques del dominio.

La aplicación iterativa de esta función obtendrá sucesivamente generaciones de preimágenes de cada argumento, misma que a su vez es preimagen del argumento anterior. De manera que en realidad estamos proponiendo la composición sucesiva de funciones que calculan ancestros.

Si se desea calcular el polinomio de densidad que caracteriza el comportamiento de un autómata celular se debe comenzar a realizar la iteración de la órbita \mathbf{x} . Esta órbita es el estado al que se desea calcular el polinomio de densidad. Si \mathbf{x} es el estado 1 entonces $f(\mathbf{x})$ son las vecindades que mapean en el estado 1, $f(f(\mathbf{x}))$ son las preimágenes de las vecindades, $f(f(f(\mathbf{x})))$ son las preimágenes de las preimágenes de las vecindades y así sucesivamente.

Entonces, la función que caracteriza el comportamiento de la densidad del autómata celular está dada por el elemento de la órbita

$$\mathbf{x}, f(\mathbf{x}), f^2(\mathbf{x}), f^3(\mathbf{x}) \dots \quad (5.2)$$

que cumpla con la propiedad

$$\int_0^1 f^i(\mathbf{x})d(x) = \lim_{n \rightarrow \infty} \int_0^1 f^n \quad \text{para } i \geq 1. \quad (5.3)$$

A la sucesión de polinomios de densidad de los autómatas celulares se les puede considerar como secuencias a las cuales se les debe probar la convergencia para determinar la caracterización matemática del comportamiento de las densidades.

5.3 Secuencia de los polinomios de densidad y convergencia

Para determinar de manera formal la convergencia de los polinomios de densidad, se necesita obtener la expresión matemática de la secuencia que caracteriza el comportamiento dinámico de los polinomios. Una vez que se obtiene esta expresión, se calcula su límite cuando la secuencia tiende al infinito. Una forma de obtener esta expresión matemática es estableciendo una relación entre el número total de ancestros y el total de posibles ancestros de cada generación. Esta relación se obtiene a partir del árbol de preimágenes, el cual se describe a continuación.

5.4 Árboles de preimágenes y análisis de convergencia.

Arbol de preimágenes

Un árbol es una gráfica conexa acíclica. La gráfica es un triplete ordenado $(V(E), E(G), \psi_G)$ que consiste de un conjunto no vacío $V(G)$ de vértices, un conjunto $V(E)$ de aristas y una función

de incidencia ψ_G que asocia a cada arista de G un par ordenado³ (distinto) de vértices de G . Si e es una arista y u y v son vértices tales que $\psi_G(E) = uv$, entonces se dice que e une a u y v ; los vértices u y v son llamados las terminaciones de e .⁴

Dado que el árbol es una gráfica conexa entonces existe una ruta desde cualquiera dos nodos de la gráfica; la ruta es una secuencia finita no nula $v_0e_1v_1e_2v_2e_3 \dots v_ke_k$ donde no hay repetición de vértices ni de aristas. Ahora, un ciclo es un sendero cerrado cuyo origen y vértices internos son distintos. Sabemos que un sendero es una secuencia finita no nula $v_0e_1v_1e_2v_2e_3 \dots v_ke_k$ cuyas aristas son distintas. En ambos casos los vértices v_0 y v_k son llamados el origen y término respectivamente, y a v_1v_2, \dots, v_{k-1} sus vértices internos.

Los vértices de nuestros árboles de preimágenes representan las distintas preimágenes y la función de incidencia $\psi_G(E) = uv$ conecta los nodos u y v en ese orden⁵ sí y sólo sí v es una preimagen de u . La gráfica tiene el vértice raíz, nodo cuya $\psi_G = \emptyset$, es decir que no es preimagen de ningún vértice.

A partir del cálculo de los ancestros se construye un árbol de preimágenes que determina la relación y distribución de las preimágenes a través de las generaciones. En resumen, el árbol de preimágenes es una gráfica conectada sin ciclos donde los nodos representan las preimágenes y las aristas la relación de descendencia entre dichas preimágenes. Las distintas preimágenes son los nodos y la relación de descendencia entre ellas son las aristas de la gráfica. Esto da pie a un árbol donde la raíz es el estado cuya probabilidad estamos calculando⁶ y sus ramas las ascendencias de las preimágenes en las distintas generaciones de dicho estado. Los vértices que se encuentren a una misma distancia de la raíz son considerados preimágenes de la misma generación. La distancia es el número de aristas n de la ruta entre la raíz y cualquier nodo de la generación n .

Arbol de preimágenes de la regla 110.

Para ilustrar las definiciones anteriores se toma como ejemplo la regla 110. En esta regla el árbol de preimágenes (ver regla 110 en figura 5.3) tiene como raíz el estado 1 (al centro) y en el siguiente nivel los cinco nodos que representan las vecindades que mapean en el estado 1. A su vez, en el siguiente nivel se tienen las preimágenes de estas vecindades y así hasta la cuarta generación.

³Es decir que la arista tiene una sola dirección.

⁴Nodo y vértice son sinónimos.

⁵Nuestra función de incidencia sólo conecta pares ordenados por lo que nuestra gráfica es dirigida.

⁶El evento del que queremos saber su probabilidad.

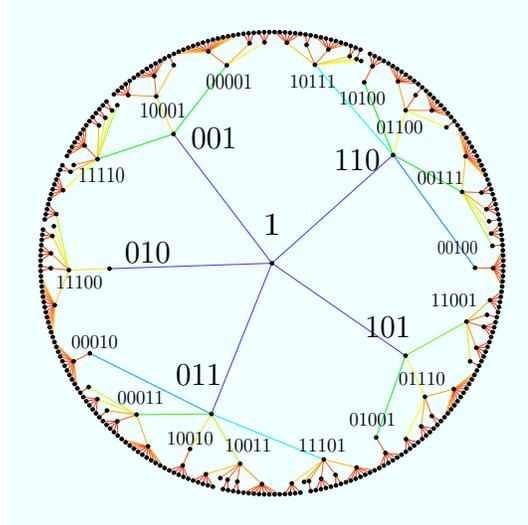


Figura 5.3: Árbol de preimágenes de la regla 110.

Lo importante de esta estructura es que muestra la distribución de las preimágenes en las distintas generaciones, lo que puede dar elementos para encontrar la expresión matemática que determine si existe o no convergencia en una secuencia de polinomios de densidad. Esta expresión está dada por la razón entre el número de preimágenes Δ_g y los posibles ancestros ∇_g en cada generación.

$$\lim_{g \rightarrow \infty} \frac{\Delta_g}{\nabla_g} \quad (5.4)$$

El número total de posibles preimágenes $\nabla_g = 2^{2g+1}$, es el número de estados elevado al tamaño de la vecindad en cada generación g , cantidad que se mantiene invariante con respecto a su generación. Lo que cambia es el número de preimágenes reales de cada regla de evolución Δ_g , la cual depende de cada regla de evolución.

Convergencia de C_g a cero

Tomemos ahora la regla 40. El árbol de preimágenes de esta regla (ver figura 5.4) muestra en 7 generaciones la siguiente secuencia de ancestros:

gen1	gen2	gen3	gen4	gen5	gen6	gen7
2	4	8	16	32	64	128

De lo anterior se desprende la expresión 2^g como los ancestros reales en cada generación por lo tanto por 5.4 se establece la relación entre los ancestros reales y los ancestros posibles:

$$C_g = \frac{2^g}{2^{2g+1}} = \frac{1}{2^{g+1}}$$

cuyo límite es:

$$\lim_{g \rightarrow \infty} \frac{1}{2^{g+1}} = 0.$$

por lo cual se concluye que la función de densidad de la regla 40 converge.

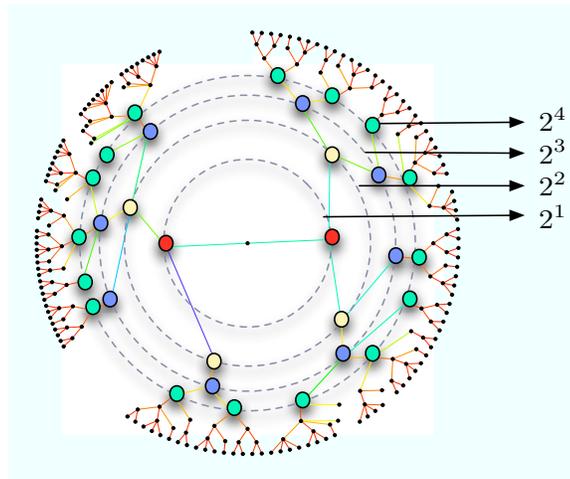


Figura 5.4: Árbol de preimágenes de la regla 40.

Otras reglas que muestran convergencia bajo este enfoque son las reglas 0, 8, 32, 128, 136, 160, y 168. El cuadro 5.2 muestra el límite de la razón 5.4 de cada una de ellas.

Bajo este enfoque lo que determina la convergencia es la tendencia que tiene la proporción de preimágenes a desaparecer. Si el número de preimágenes tiende a ser insignificante en el espacio de posibilidades, la probabilidad de que estas ocurran tiende a ser 0. Con esto se sabe que convergen y el valor al que convergen. Por lo tanto el polinomio que las caracteriza es $f(p) = 0$.

Aunque sabemos ya el comportamiento final en el que estabilizan estas reglas, podemos observar que convergen a distintas velocidades a 0. La regla 0 no tiene ninguna preimágen por lo

Cuadro 5.2: C_g para las reglas 8, 32, 40, 128, 136, 160 y 168.

expresión	reglas
$\lim_{g \rightarrow \infty} 0/2^{2g+1} = 0$	0
$\lim_{g \rightarrow \infty} 0/2^{2g+1} = 0$	8
$\lim_{g \rightarrow \infty} 1/2^{2g+1} = 0$	32, 128
$\lim_{g \rightarrow \infty} 2^g/2^{2g+1} = 0$	40, 136, 160
$\lim_{g \rightarrow \infty} 3^g/2^{2g+1} = 0$	168

tanto su densidad final es 0. La regla 8 converge muy rápidamente, las reglas 32, 40 convergen lentamente, la regla 128, 136 y 160 convergen muy lentamente, pero la regla que converge más lentamente de este grupo es la regla 168.

regla	gen	polinomio	densidad
8	4	$f(p) = 0$	0
32	11	$f(p) = 0$	0
40	11	$f(p) = 0$	0
128	40	$f(p) = 0$	0
136	20	$f(p) = 0$	0
160	20	$f(p) = 0$	0
168	50	$f(p) = 0$	0

Convergencia de C_g diferente de cero

Sin embargo, existen reglas cuya relación entre el número de preimágenes reales y el total de preimágenes posibles tiene un límite distinto de 0. Estas reglas se presentan en el cuadro 5.3. Si se toma una de ellas, por ejemplo la regla 170, se puede ver que tiene un árbol de preimágenes (ver la figura 5.6) que deriva en potencias de base cuatro 4^g , obteniendo a C_g con el cociente $4^g/2^{2g+1}$, por lo que converge a 0.5

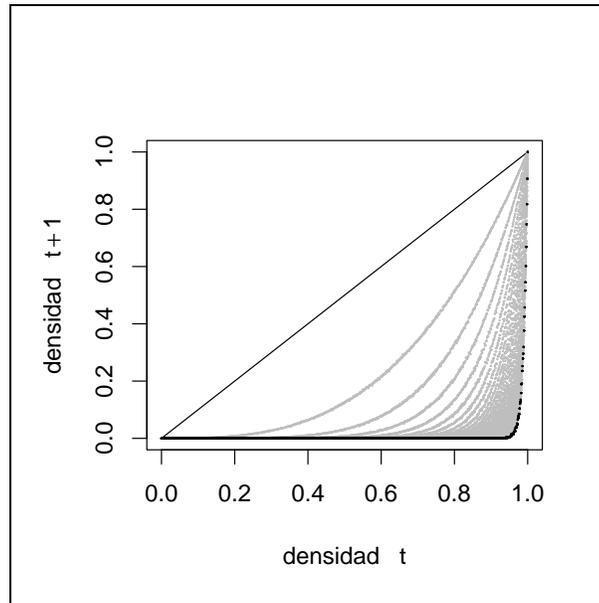


Figura 5.5: Polinomios de densidad de 50 generaciones en la regla 128. Puede notarse la convergencia a 0.

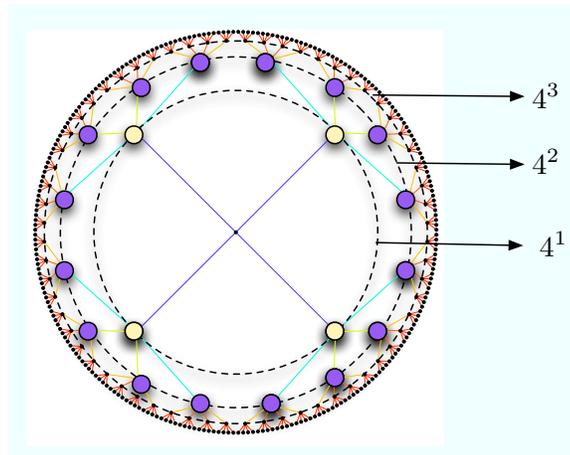


Figura 5.6: Arbol de preimágenes de la regla 170.

Cuadro 5.3: Reglas con convergencia de $C_g > 0$.

Regla	expresión	proporción
2,4	$4^{g-1}/2^{2g+1}$	0.215336
10,12,34	$2^{2(g-1)+1}/2^{2g+1}$	0.25
15,23,29,30,43,45,51,57,60,77,90,105,106,142 150,154,156,170,178,184,204,232	$4^g/2^{2g+1}$	0.5
255	1	1

En estos casos aunque se sabe que existe un límite en la relación C_g , ésto no es suficiente para determinar la densidad final del autómata celular. La única conjetura que podría establecerse con este hecho es la existencia de la convergencia a dicha densidad. Es decir:

Si se mantiene la proporción de las preimágenes en cada generación, esto implica que la probabilidad de ocurrencia de todas ellas debe mantenerse también.

Aunque esto fuese verdad, no es suficiente para nuestro propósito, ya que no sólo se busca saber si converge, sino el valor al que converge. Para determinar el valor de la densidad de convergencia es necesario realizar un mayor análisis.

5.5 Patrones en los coeficientes de los polinomios de densidad.

Para determinar la existencia de la convergencia y el valor de dicha convergencia cuando la proporción de preimágenes tiende a 0, puede utilizarse el criterio establecido anteriormente⁷. Pero determinar la densidad en que se estabilizará el autómata celular donde la proporción tiende a una constante distinta de 0, requiere de un criterio más sutil. Esta se establece a partir del comportamiento de las integrales (las integrales calculan la densidad) de los polinomios de densidad. Si estos polinomios se interpretan en términos de las preimágenes del árbol genealógico, entonces representan a las preimágenes por cada generación pero agrupadas por la densidad de 1's. La agrupación propuesta anteriormente para determinar la convergencia fue a partir de la suma de todas las preimágenes por generación. En cambio, para determinar la densidad en que convergen los polinomios se analizan las preimágenes en cada generación a partir de los grupos que forman los ancestros considerando la frecuencia de 1's en su constitución, o en otras

⁷Recordemos que este criterio se basa en la suma de las preimágenes por cada generación.

palabras a partir de los coeficientes de los polinomios de densidad. Esto nos lleva al análisis de los polinomios de densidad a partir del triángulo de Pascal y a establecer la relación entre los polinomios de densidad y los polinomios de Bernstein.

Supongamos que se agrupan las preimágenes de tamaño tres por la densidad de unos. Bajo este procedimiento se tiene una preimagen sin ningún uno (000), tres preimágenes con un uno (001,010,100), tres preimágenes con dos unos (011,101,110) y una preimagen con tres unos (111). Es decir, se obtienen cuatro grupos con 1, 3, 3 y 1 elementos. El número de elementos de cada grupo son los coeficientes del triángulo de Pascal de la cuarta línea (ver figura 5.7). Esta agrupación contiene a todos los posibles ancestros de la primera generación, pero los ancestros reales serán algunos elementos de dichos grupos.

Polinomios de densidad y los polinomios de Bernstein

Los polinomios de Bernstein son definidos como:

$$B_{i,n} = \binom{n}{i} p^i q^{n-i} \text{ para } i = 0, 1, \dots, n. \text{ Con } B_{i,n} = 0 \text{ si } i < 0, i > n.$$

obteniendo $n + 1$ polinomios de Bernstein de grado n para cada i y el producto $p^i q^{n-i}$. En el desarrollo de los polinomios de Bernstein se puede observar que los binomiales que son los coeficientes forman precisamente un triángulo de Pascal de construcción muy simple. Si $n = 0, \dots, 7$ entonces justamente se tienen los coeficientes del triángulo de Pascal ⁸ (ver figura 5.7).

El triángulo de Pascal puede usarse como una calculadora para determinar probabilidades. El caso típico es el experimento de un número n de monedas con dos probabilidades cada una (“águila” o “sol”). En autómatas celulares con dos estados (0,1) puede realizarse lo mismo, sólo que en esta caso la variable i representa el número de células con el valor de 1 en la vecindad y n es el tamaño de la vecindad. Así, el polinomio de Bernstein asociado a un autómata celular binario unidimensional con tamaño de vecindad 3 está dado por $q^3 + 3q^2p + 3qp^2 + p^3$ para la primera generación. Las vecindades de tamaño tres que pueden existir en este autómata son 8: una vecindad con todas las células en 0, tres vecindades con una célula con estado 1, tres vecindades con dos células con el estado 1 y finalmente una vecindad con las tres células con el estado 1. El polinomio de Bernstein asociado a la segunda generación es $q^5 + 5q^4p + 10q^3p^2 + 10q^2p^3 + 5qp^4 + p^5$ ya que la segunda generación consiste en cadenas de 5 células, por lo que hay 1 vecindad con células en estado 0, 5 vecindades con una célula con estado 1, 10 vecindades con dos células con el estado 1, 10 vecindades con tres células con el estado 1, cinco vecindades con cuatro

⁸Notemos que en términos de probabilidad $p + q = 1$, por lo que las expresiones $(1 - p)$ y q son equivalentes, de manera que se usa una u otra indistintamente.

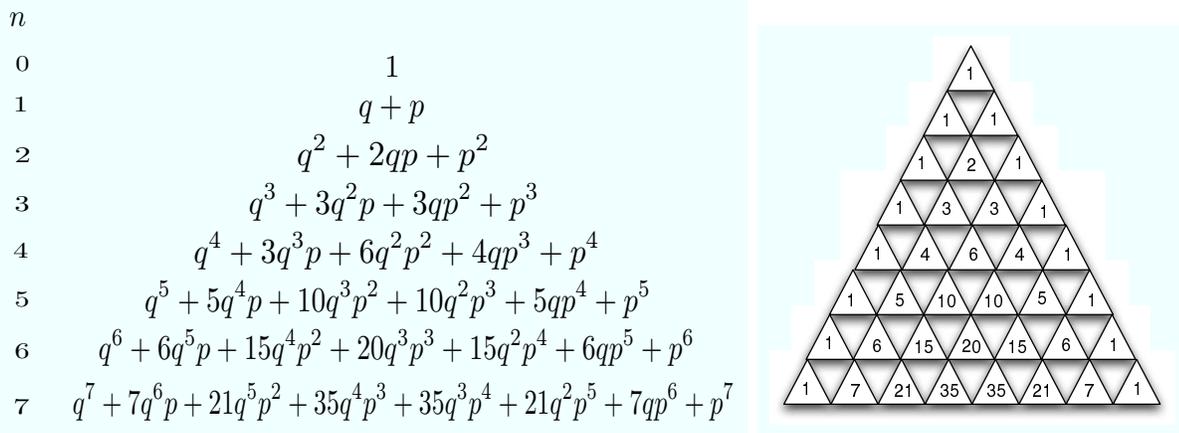


Figura 5.7: Polinomios de Bernstein y el triángulo de Pascal.

vecindades en 1, y finalmente 1 vecindad con las cinco células en 1 (ver figura 5.8). El polinomio de Bernstein de la tercera generación es $q^7 + 7q^6p + 21q^5p^2 + 35q^4p^3 + 35q^3p^4 + 21q^2p^5 + 7qp^6 + p^7$, y así sucesivamente. Nótese que los polinomios de Bernstein asociados al autómata celular unidimensional con tamaño de vecindad igual a 3 y sus preimágenes, están en los renglones $n = 3, 5, 7, \dots$ del triángulo de Pascal.

Si se toman las vecindades de un autómata celular unidimensional que mapean en 1, así como sus ancestros, se puede ver que los polinomios son un subconjunto de los polinomios de Bernstein. En la figura 5.8 se ilustra esto mediante la regla 110. En este caso, los mapeos de las vecindades que definen esta regla, así como sus ancestros son identificados por un color gris y consisten en sólo una parte de todas las posibles combinaciones. Esta es una relación importante ya que se pueden utilizar las propiedades de los polinomios de Bernstein para aplicarlos en los coeficientes de los polinomios de densidad.

Propiedades de los polinomios de Bernstein

1. la suma de los $k + 1$ polinomios de grado k es igual a la suma de los k polinomios de grado $k - 1$.

$$\sum_{i=0}^k B_{i,k}(p) = \sum_{i=0}^{k-1} B_{i,k-1}(t) \quad (5.5)$$

$$\begin{aligned}
\sum_{i=0}^k B_{i,k}(p) &= \sum_{i=0}^k [(1-p)B_{i,k-1}(p) + pB_{i-1,k-1}(p)] \\
&= (1-p)[\sum_{i=0}^{k-1} B_{i,k-1}(p) + B_{k,k-1}(p)] + p[\sum_{i=1}^k B_{i-1,k-1}(p) + B_{-1,k-1}(p)] \\
&= (1-p)\sum_{i=0}^{k-1} B_{i,k-1}(p) + p\sum_{i=1}^k B_{i-1,k-1}(p) \\
&= (1-p)\sum_{i=0}^{k-1} B_{i,k-1}(p) + p\sum_{i=0}^{k-1} B_{i,k-1}(p) \\
&= \sum_{i=0}^{k-1} B_{i,k-1}(p)
\end{aligned}$$

Lo anterior es equivalente a:

- (a) La suma de los coeficientes en el renglón n es 2^n .
 - (b) La suma de todos los coeficientes arriba del renglón n es 2^{n-1} .
2. La probabilidad de todo el espacio Ω es uno. La suma de los polinomios para todos los valores de p es 1.

$$\sum_{i=0}^n B_{i,n}(p) = \sum_{i=0}^{n-1} B_{i,n-1}(p) = \sum_{i=0}^{n-2} B_{i,n-2}(p) = \cdots = \sum_{i=0}^1 B_{i,1}(p) = (1-p) + p = 1. \quad (5.6)$$

Es decir, que la suma de los polinomios de cualquier renglón del triángulo de Pascal es igual a la suma de los polinomios de cualquier otro renglón y el valor (la integral) de cada uno de ellos es 1. Esta propiedad es importante porque a partir de ella se puede calcular la probabilidad que tiene cualquier preimagen de cualquier generación.

Cálculo de la densidad mediante el triángulo de Pascal

Sabemos que cada renglón del triángulo de Pascal representa la probabilidad de que ocurra una sucesión de eventos agrupados por las distintas formas en que puede darse. Si estamos hablando de los eventos p y q entonces todas las posibles sucesiones de tales eventos en n ensayos está dada por $(p+q)^n$; y su probabilidad por

$$\int_0^1 (p+q)^n dp = 1 \text{ donde } q = (1-p). \quad (5.7)$$

Esta integral (ver 5.7) puede interpretarse en términos de sucesiones como sigue. Suponga que deseamos calcular la probabilidad de todas las sucesiones de n ensayos. Es decir,

$$(p+q)^n = p^n + p^{n-1}q + p^{n-1}q^2 + \cdots + pq^{n-1} + q^n$$

. Como puede observarse todas las posibles susesiones son agrupadas por el número de ocurrencias de los eventos e en dichas susesiones. Es decir $n + 1$ grupos. Dado que $\int_0^1 (p + q)^n = 1$, entonces la probabilidad de cada grupo es $\frac{1}{n+1}$ y la probabilidad de cualquier susesión está dada por el número de susesiones que tiene el grupo entre la probabilidad del grupo:

$$P(\mathbf{s}_e^n) = \frac{1}{\binom{n}{e}} \text{ para cada } e = 0, \dots, n.$$

Si llevamos este análisis al estudio de las preimágenes de las reglas de evolución de un autómata celular, dado que sabemos la probabilidad de cada preimagen entonces podemos calcular la densidad del autómata celular en cualquier generación. Nótese que para algún j -ésimo grupo de preimágenes \mathbf{i}_j de tamaño n donde j es el número de 1's en su configuración, la probabilidad de ocurrencia de cada una de ellas está dada por:

$$P(\mathbf{i}_j^n) = \frac{1}{\binom{n}{j}} \text{ para } j = 0, \dots, n.$$

Ejemplo regla 110

Ilustrando lo anterior con la regla 110 se tiene que su polinomio de densidad en la segunda generación es $3q^4p + 6q^3p^2 + 5q^2p^3 + 3qp^4$. Esto implica que los ancestros del árbol de preimágenes de la 2 generación están agrupados de la siguiente manera:

Por lo que conociendo la probabilidad de cada preimagen de acuerdo al grupo a que pertenecen, tenemos que la densidad en la generación 2 es; $(3 \times (1/30)) + (6 \times (1/60)) + (5 \times (1/60)) + (3 \times (1/30)) = 0.38333$ lo que es igual a:

$$\int_0^1 3(1-p)^4p + 6(1-p)^3p^2 + 5(1-p)^2p^3 + 3(1-p)p^4 dp = 0.38333$$

Nótese entonces que calcular la integral sobre los polinomios de densidad, es equivalente a sumar las probabilidades de las preimágenes de una generación dada.

No. de 1's →	0	1	2	3	4	5
			10100			
			10010	11001		
			10001	10011		
		00100	01001	00111	10111	
		00010	01100	01110	11101	
		00001	00011	11100	11110	
	$3 \times 1/30$	$6 \times 1/60$	$5 \times 1/60$	$3 \times 1/30$		

A partir de esto se analizan los autómatas celulares cuya proporción de preimágenes converge a un valor distinto a 0, a saber:

expresión	reglas						
$\lim_{g \rightarrow \infty} 2^{2(g-1)+1} / 2^{2g+1} = 0.25$	10	12	34				
$\lim_{g \rightarrow \infty} 4^g / 2^{2g+1} = 0.5$	15	23	29	30	43	45	
	51	57	60	77	90	105	106
	142	150	154	156	170	178	184
	204	232					

En resumen, el criterio de realizar la integral en los polinomios conjuntamente con el estudio de los patrones de los coeficientes dentro de triángulo de Pascal permite determinar si las serie de polinomios de densidad converge.

5.5.1 Convergencia y el triángulo de Pascal

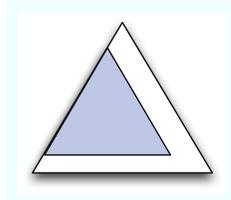
Un aspecto interesante del triángulo de Pascal módulo 2 es el patrón de cualquier triángulo de 1's, similar en el diseño de cualquier subtriángulo dentro de uno de mayor tamaño [52]. Si se extiende el triángulo de Pascal y se reduce la escala de nuestro marco cada vez que se dobla el número de renglones, entonces se tendrá un resultado de diseño de auto-similaridad. Algunos resultados al respecto se muestran en [97] y existen otros ejemplos de auto-similaridad investigados por Mandelbrot en [64]. Los coeficientes de los polinomios de Bernstein son los mismos del triángulo de Pascal. Los coeficientes de los polinomios de densidad como subconjuntos de los polinomios de Bernstein están incrustados en el triángulo de Pascal. ¿Qué patrones forman los coeficientes de los polinomios de densidad en el triángulo de Pascal? y ¿Qué significado tiene dicho patrón en términos de la convergencia de los polinomios de densidad? Las respuestas a estas preguntas se investigan a continuación:

deducir los coeficientes de cualquier generación de los polinomios de densidad de estos autómatas celulares. Y por la propiedad 5.6 sabemos que la probabilidad de estos polinomios es la misma en cualquier generación lo que implica la convergencia. Para calcular la densidad en que convergen estos polinomios dado que todos son equivalentes, basta con calcular la integral de un polinomio de cualquier generación:

$$\int_0^1 p^2(1-p) + (1-p)^2p \, dp = 0.166667$$

O, en otras palabras, las preimágenes de la primera generación (001,011), (010,011) y (001,101) de las reglas 10, 12 y 34 respectivamente tienen una probabilidad de ocurrir de 0.0833333 por lo que el par de preimágenes de cada regla es 0.166667, es decir, la densidad en la que convergen cada uno de estos tres autómatas celulares.

Convergencia \triangle -II



Otras reglas cuyos coeficientes tienen como patrón un triángulo de Pascal son las reglas 170, 184 y 204⁹. La única diferencia con respecto a las reglas 10, 12 y 34, es que el triángulo se encuentra insertado en otra parte (ver figura 5.10) del triángulo de Pascal principal.

El hecho de que los coeficientes sigan el patrón del triángulo de Pascal, garantiza la convergencia en términos de densidad, pero que éstos aparezcan en otro sitio y con desfase, implica que será otro el valor de la densidad en que se estabilizarán estas reglas de evolución; a saber

$$\int_0^1 (1-p)^3 + 2p(1-p)^2 + (1-p)p^2 \, dp = 0.5$$

En este caso, coincide la densidad con la razón entre las preimágenes reales y las preimágenes probables. Este resultado es consecuencia de una de las propiedades del triángulo de Pascal dado que el número de componentes por cada renglón es una potencia de dos, dos renglones contiguos difieren en la mitad de sus componentes, y por lo tanto la densidad de 1's por componente será también la mitad.

⁹LA regla 204 mantiene la misma densidad aunque se polinomio cambie de generación en generación.

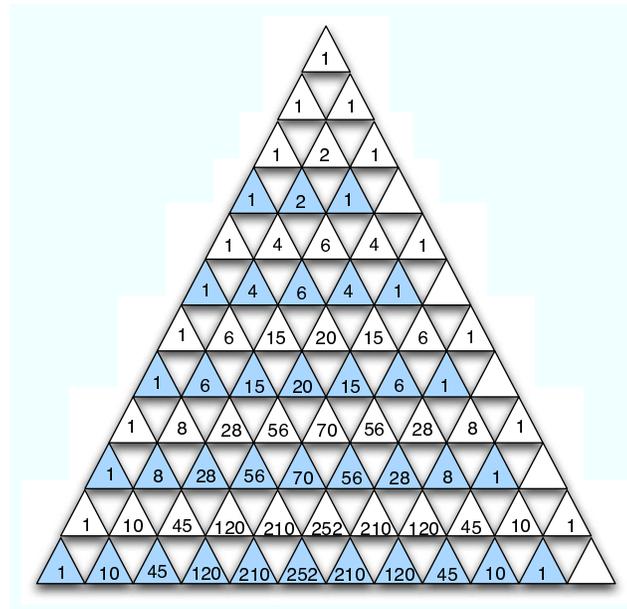
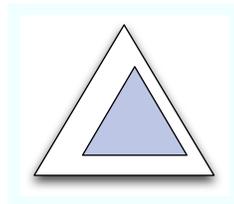


Figura 5.10: Coeficientes de los polinomios de la regla 170, 184 y 204 en el triángulo de Pascal.

Convergencia \triangle -III



Las reglas 2 y 4 siguen el patrón del triángulo de Pascal pero insertado en la parte derecha del triángulo principal.

En este caso también los coeficientes de los polinomios de densidad de estas reglas siguen la misma estructura del propio triángulo de Pascal. Se tiene un triángulo de Pascal insertado en otro triángulo de Pascal (ver figura 5.11), pero en la parte derecha. Y debido a la propiedad 5.6 del triángulo de Pascal, estas reglas convergen y el polinomio de la primer generación puede caracterizar el comportamiento dado que todos los polinomios son equivalentes.

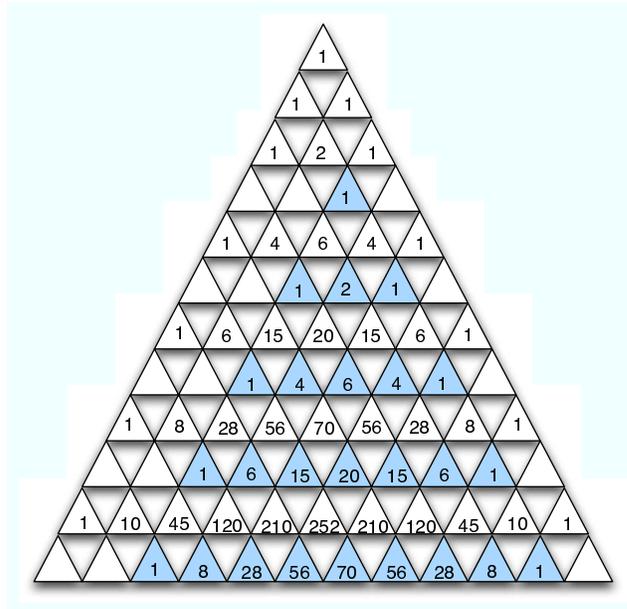
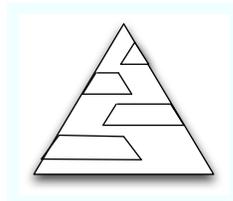


Figura 5.11: Coeficientes de los polinomios de la regla 2 en el triángulo de pascal.

Convergencia Δ -IV



Las reglas 15, 29 y 51 siguen también el patrón del triángulo de Pascal pero de una manera un poco más rebuscada (ver figura 5.12). Este aparece alternando sus valores hacia la izquierda y derecha del triángulo principal. De hecho, este vaivén es lo que determina que sean dos funciones las que caracterizan el comportamiento de estas reglas, dos funciones cuya densidad es la misma.

Pero al igual que los casos anteriores debido a las propiedades del triángulo de Pascal estas reglas convergen y, como en el caso anterior, la densidad en la que converge es 0.5.

Los polinomios de densidad que caracterizan a las reglas cuya convergencia es demostrada debido a que sus coeficientes tienen el patrón del triángulo de Pascal en sus distintas variantes

Cuadro 5.4: Reglas cuyos coeficientes muestran el patrón del triángulo de Pascal

regla	gen	polinomio	densidad
1	1 y 2	$f(p) = q^3$	0.25
		$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 10q^2p^3 + 7q^3p^2 + q^4p$	0.65
3	1 y 2	$f(p) = q^3 + pq^2$	0.333333
		$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 8q^2p^3 + 5q^3p^2 + q^4p$	0.583333
5	1 y 2	$f(p) = q^3 + pq^2$	0.333333
		$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 8q^2p^3 + 5q^3p^2 + q^4p$	0.583333
2	1	$f(p) = q^2p$	0.0833333
4	1	$f(p) = q^2p$	0.0833333
10	1	$f(p) = pq^2 + p^2q$	0.166667
12	1	$f(p) = pq^2 + p^2q$	0.166667
34	2	$f(p) = pq^4 + 3p^2q^3 + 3p^3q^2 + p^4q$	0.166667
170	1	$f(p) = q^2p + 2qp^2 + p^3$	0.5
184	1	$f(p) = q^2p + 2qp^2 + p^3$	0.5
204	1	$f(p) = p^3 + 2qp^2 + q^2p$	0.5
15	1,2	$f(p) = q^3 + 2pq^2 + p^2q$	0.5
		$f(p) = q^4p + 4q^3p^2 + 6q^2p^3 + 4qp^4 + p^5$	0.5
29	1,2	$f(p) = q^3 + 2pq^2 + p^2q$	0.5
		$f(p) = q^4p + 4q^3p^2 + 6q^2p^3 + 4qp^4 + p^5$	0.5
51	1,2	$f(p) = q^3 + 2pq^2 + p^2q$	0.5
		$f(p) = p^5 + 4qp^4 + 6q^2p^3 + 4q^3p^2 + q^4p$	0.5

esto se podría conjeturar que el segundo polinomio también converge. De cualquier manera, una demostración formal de esto está pendiente.

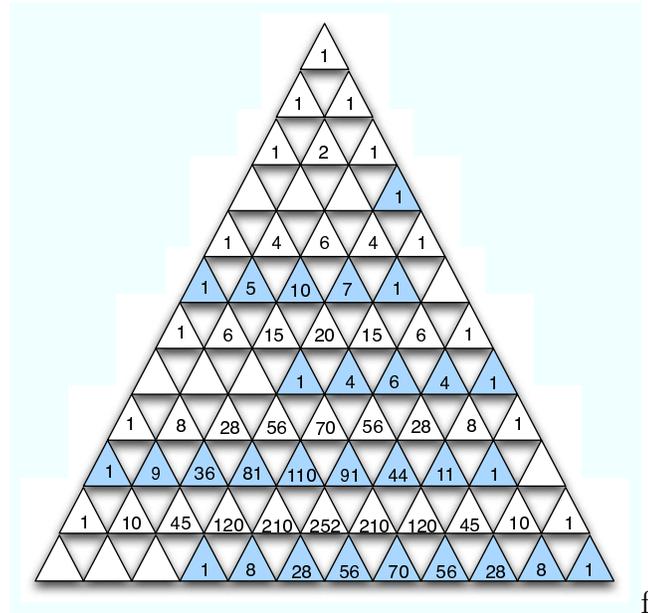


Figura 5.13: Coeficientes de los polinomios de la regla 1 en el triángulo de Pascal.

En total son 14 reglas cuyos coeficientes en sus polinomios siguen el patrón del triángulo de Pascal. Debido a esto, sabemos que convergen y la densidad en que converge. El cuadro 5.5.1 muestra estas reglas con la densidad en que se estabilizan y el polinomio que los caracteriza.

5.5.2 Tipos de convergencia alternativos

Convergencia por complemento

Existen reglas cuyos coeficientes no siguen el patrón del triángulo de Pascal y por lo tanto no es tan evidente la convergencia. Sin embargo, mantienen la densidad en cada una de sus generaciones ya que las preimágenes involucradas en cada generación son equivalentes a su complemento¹⁰. Esto implica que por cada generación se mantiene la misma proporción de preimágenes

¹⁰El complemento es con respecto a los coeficientes del triángulos de Pascal

y que éstas tienen la misma probabilidad de ocurrir. La equivalencia de los coeficientes con su complemento se da por reflejo, por lo que por cada preimagen contemplada en un grupo es compensada por el grupo reflejado.

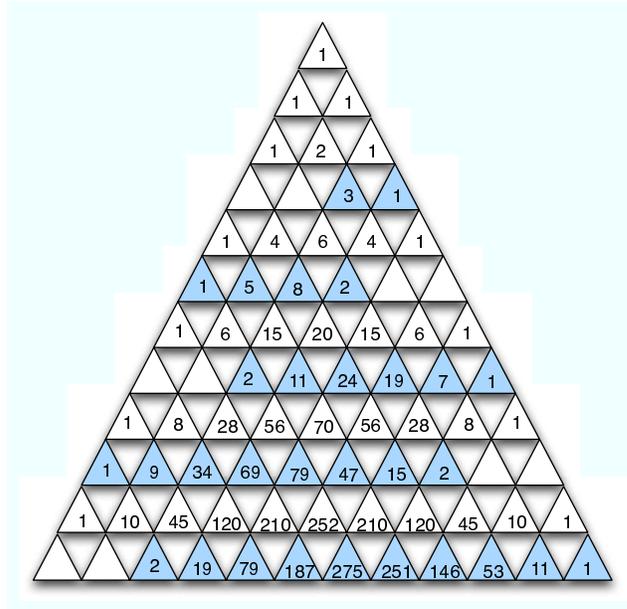


Figura 5.14: Coeficientes de los polinomios de la regla 23 en el triángulo de Pascal.

Los coeficientes de la regla 23 (ver figura 5.14), muestran esta equivalencia. Como sabemos, los renglones del triángulo de Pascal en que se encuentran los coeficientes de los polinomios de densidad pueden dividirse exactamente a la mitad. En el cuadro 5.5 se aprecia cómo el número de preimágenes involucradas en los grupos de la izquierda son equivalentes por reflexión y complemento a los coeficientes de la derecha. En otros términos, si se compensa a las preimágenes de los respectivos grupos de la derecha en el respectivo grupo de la izquierda tendríamos siempre la mitad de preimágenes en cada generación que pertenecen a los mismos grupos (y en este caso a la mitad de ellos), es decir con la misma probabilidad. Esta distribución de preimágenes garantiza que la densidad se mantiene en un solo valor.

Otras reglas que comparten esta característica son las reglas 43, 57, 77, 105, 142, 150, 156, 178 y 232 mostradas en el cuadro 5.6 con sus respectivos polinomios.

Cuadro 5.6: Polinomios de densidad característicos.

regla	gen	polinomio	densidad
23	2,3	$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 8q^2p^3 + 2q^3p^2$	0.5
		$f(p) = q^7 + 7pq^6 + 19p^2q^5 + 24p^3q^4 + 11p^4q^3 + 2p^5q^2$	0.5
43	8,9	$f(p) = 2q^{16}p + 30q^{15}p^2 + 211q^{14}p^3 + 922q^{13}p^4 +$ $5617q^{11}p^6 + 9204q^{10}p^7 + 11940q^9p^8 + 12370q^8p^9 +$ $10244q^7p^{10} + 2652q^{12}p^5 + 6759q^6p^{11} + 3536q^5p^{12} +$ $1458q^4p^{13} + 469q^3p^{14} + 106q^2p^{15} + 15qp^{16} + p^{17}$	0.5
		$f(p) = q^{19} + 17q^{18}p + 137q^{17}p^2 + 696q^{16}p^3 +$ $2502q^{15}p^4 + 6778q^{14}p^5 + 14680q^{13}p^6 +$ $26078q^{12}p^7 + 46311q^{10}p^9 + 46067q^9p^{10} +$ $24310q^7p^{12} + 38250q^{11}p^8 + 12452q^6p^{13} +$ $37332q^8p^{11} + 4850q^5p^{14} + 1374q^4p^{15} +$ $273q^3p^{16} + 34q^2p^{17} + 2qp^{18}$	0.5
57	1,2	$f(p) = q^3 + q^2p + 2qp^2$	0.5
		$f(p) = 2q^4p + 5q^3p^2 + 5q^2p^3 + 3qp^4 + p^5$	0.5
77	1,2	$f(p) = q^3 + q^2p + 2qp^2$	0.5
		$f(p) = 3q^4p + 5q^3p^2 + 5q^2p^3 + 2qp^4 + p^5$	0.5
105	1,2	$f(p) = q^3 + 3qp^2$	0.5
		$f(p) = 3q^4p + 6q^3p^2 + 4q^2p^3 + 2qp^4 + p^5$	0.5
142	1	$f(p) = 2q^2p + qp^2 + p^3$	0.5
150	1	$f(p) = 3q^2p + p^3$	0.5
156	1	$f(p) = 2q^2p + qp^2 + p^3$	0.5
178	1	$f(p) = 2q^2p + qp^2 + p^3$	0.5
232	2	$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 8q^2p^3 + 2q^3p^2$	0.5

Nótese que para estabilizarse en una densidad de 0.5, las reglas 15, 29, 23, 51, 57, 77 y 105 lo hacen a través de dos funciones y las reglas 142, 150, 156 y 232 con una sola función (ver Apéndice). Vale la pena hacer notar que de las reglas que caracterizan una sola densidad mediante dos funciones existen aquellas (15, 29, 23 y 51) que mantienen invariantes las formas de las funciones y, por lo tanto, la densidad. Sin embargo, también existen reglas (105, 77 y 57) en las que, aunque sus funciones varían, se mantiene invariante la densidad.

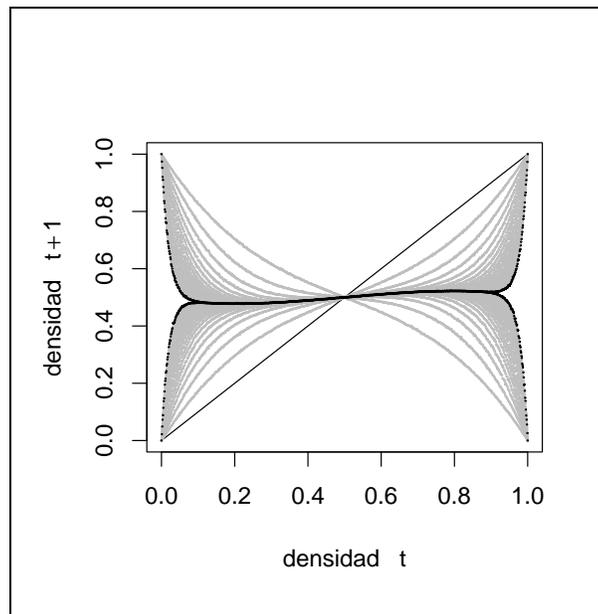


Figura 5.15: La regla 57 y los dos polinomios que lo caracterizan. Estos polinomios son simétricos por reflexión y preservan el área durante todas las generaciones. Aquí se muestran 50 generaciones.

Estas dos variantes se presentan también en las reglas que están caracterizadas con una sola función. Dentro de éstas existen aquellas en las que no cambia la forma de la función (150 y 232) y, por ende, mantienen la estabilidad de su densidad. Y también existen aquellas (142, 156, 178) que, a pesar de que modifican la forma de su función, se preserva su densidad. Para todas estas reglas podemos considerar como polinomio que los caracteriza a la TCM¹¹ ya que este polinomio es equivalente al polinomio donde finalmente se estabiliza el sistema¹².

¹¹Esto es válido también para la regla 204 vista anteriormente.

¹²Nótese que el polinomio donde se estabiliza el sistema describe de manera directa el comportamiento de todas

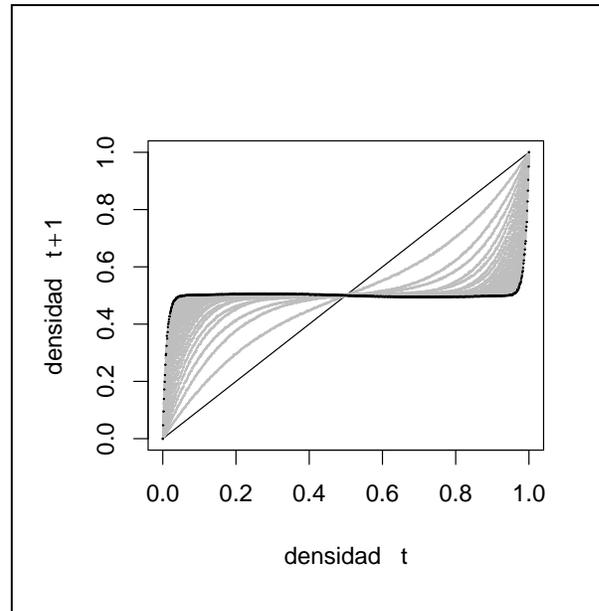


Figura 5.16: La regla 178 converge a un polinomio que cambia su forma pero preserva la medida. Aquí se muestran 50 generaciones.

Convergencia experimental

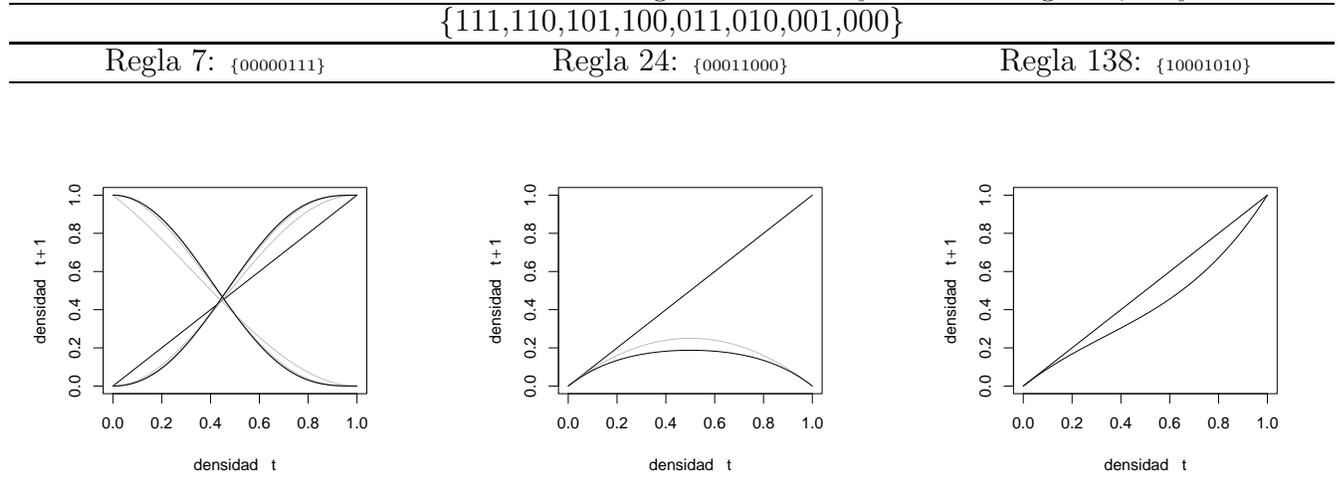
Existen reglas para las que no se ha determinado patrón en el triángulo de Pascal pero experimentalmente muestran convergencia. Estas reglas son 6, 7, 11, 19, 24, 27, 33, 35, 36, 38, 42, 44, 46, 56, 72, 74, 76, 104, 108, 138 y 200 cuya convergencia se da en menos de 10 generaciones (algunos ejemplos se presentan en el cuadro 5.7). Queda pendiente determinar el patrón de sus coeficientes para estas reglas y demostrar su convergencia de manera formal. Sus polinomios característicos se muestran en los cuadros 5.8 y 5.9.

Las reglas 13, 14, 25, 28, 37, 41, 45, 50, 58, 78, 130, 132, 134, 140, 152, 162 y 172 muestran convergencia más allá de la décima generación. En estos casos, se realizó una aproximación de sus polinomios de densidad mediante el Método de Monte Carlo¹³. El cuadro 5.10 ilustra esto

las densidades iniciales. En cambio, para obtener la misma información del polinomio de la primera generación es necesario realizar un análisis de "coweb". Este criterio también es válido para las reglas que son caracterizadas por dos funciones, tomando como las dos primeras generaciones las que caracterizan el comportamiento.

¹³Este método se tratará con más detalle en el siguiente capítulo.

Cuadro 5.7: Polinomios de densidad de las generaciones 9 y 10 de las reglas 7, 24 y 138



con las reglas 13, 50 y 172. Para conocer la densidad en que se estabilizan consúltese el cuadro 5.11.

Las reglas planteadas hasta ahora muestran una tendencia de convergencia monótona creciente o decreciente. En algunas de ellas, dada la velocidad de su convergencia, fue posible determinar su valor de estabilidad antes de la décima generación (ver regla 13 en el Apéndice). Para otros casos, la convergencia es tan lenta que aún en la generación 50 no es posible determinar la densidad final. Sin embargo, dada la tendencia, se sabe que estos polinomios convergen.

Convergencia no determinada

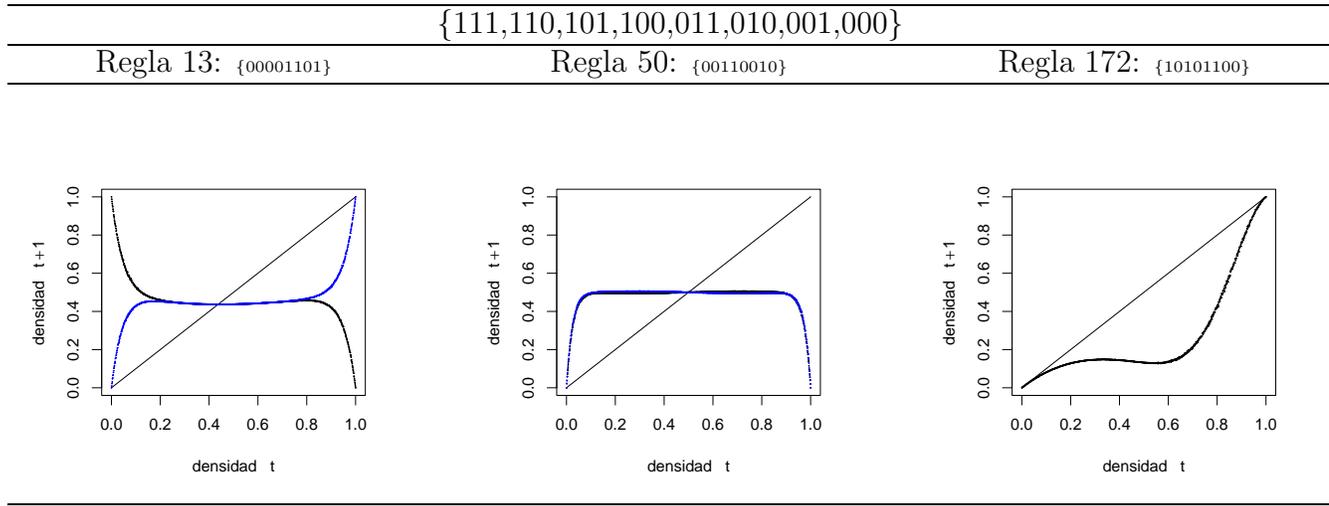
Las reglas restantes (9,18, 30, 22, 54, 62, 73, 94, 106, 110, 122, 126, 146, 154 y 164) tienen una convergencia no monótona. En las series de tiempo de la figura 5.17 se puede apreciar el comportamiento irregular de las densidades de las reglas 22, 54 y 110. Nótese también que aunque el comportamiento es irregular, las fluctuaciones son muy pequeñas. La regla 54 por ejemplo, aunque comienza con un comportamiento irregular, en generaciones muy avanzadas comienza a mostrar un comportamiento cíclico de período 2. Otro caso que llama la atención es la regla 62 que converge de manera cíclica ascendente en un aparente ciclo de período 3 (ver Apéndice). La densidad aproximada de la simulación mediante el método de Monte Carlo en todas estas reglas se muestra en el cuadro 5.12.

Cuadro 5.8: Reglas que convergen en menos de 10 generaciones de acuerdo a la integral de sus polinomios de densidad.

regla	gen	polinomio	densidad
6	3 y 4	$f(p) = 2pq^6 + 7p^2q^5 + 11p^3q^4 + 8p^4q^3 + 2p^5q^2$	0.157143
		$f(p) = pq^8 + 7p^2q^7 + 21p^3q^6 + 36p^4q^5 + 38p^5q^4 + 21p^6q^3 + 4p^7q^2$	0.150396
7	7,8	$f(p) = q^{15} + 15q^{14}p + 102q^{13}p^2 + 415q^{12}p^3 + 1121q^{11}p^4 + 2109q^{10}p^5 + 2823q^9p^6 + 2701q^8p^7 + 1830q^7p^8 + 856q^6p^9 + 263q^5p^{10} + 48q^4p^{11} + 4q^3p^{12}$	0.436111
		$f(p) = 2q^{15}p^2 + 32q^{14}p^3 + 237q^{13}p^4 + 1076q^{12}p^5 + 3336q^{11}p^6 + 7449q^{10}p^7 + 12331q^9p^8 + 15376q^8p^9 + 14552q^7p^{10} + 10463q^6p^{11} + 5683q^5p^{12} + 2299q^4p^{13} + 674q^3p^{14} + 136q^2p^{15} + 17qp^{16} + p^{17}$	0.533152
11	8,9	$f(p) = 2q^{16}p + 30q^{15}p^2 + 210q^{14}p^3 + 910q^{13}p^4 + 2718q^{12}p^5 + 5967q^{11}p^6 + 10014q^{10}p^7 + 13155q^9p^8 + 13710q^8p^9 + 11401q^7p^{10} + 7558q^6p^{11} + 3962q^5p^{12} + 1614q^4p^{13} + 495q^3p^{14} + 108q^2p^{15} + 15qp^{16} + p^{17}$	0.527254
		$f(p) = q^{19} + 17q^{18}p + 137q^{17}p^2 + 697q^{16}p^3 + 2516q^{15}p^4 + 6866q^{14}p^5 + 14729q^{13}p^6 + 25439q^{12}p^7 + 35867q^{11}p^8 + 41559q^{10}p^9 + 39617q^9p^{10} + 30947q^8p^{11} + 19626q^7p^{12} + 9946q^6p^{13} + 3929q^5p^{14} + 1164q^4p^{15} + 243q^3p^{16} + 32q^2p^{17} + 2qp^{18}$	0.470135
19	3	$f(p) = q^7 + 7pq^6 + 16p^2q^5 + 17p^3q^4 + 9p^4q^3 + 2p^5q^2$	0.45
	2	$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 8q^2p^3 + 5q^3p^2$	0.55
24	2	$f(p) = pq^4 + 2p^2q^3 + 2p^3q^2 + p^4q$	0.133333
27	1,2	$f(p) = q^3 + 2pq^2 + p^2q$	0.5
		$f(p) = q^4p + 5q^3p^2 + 7q^2p^3 + 4qp^4 + p^5$	0.533333
35	8 y 9	$f(p) = p^{17} + 15qp^{16} + 106q^2p^{15} + 469q^3p^{14} + 1457q^4p^{13} + 3393q^5p^{12} + 6164q^6p^{11} + 8920q^7p^{10} + 10350q^8p^9 + 9596q^9p^8 + 7033q^{10}p^7 + 4005q^{11}p^6 + 1729q^{12}p^5 + 546q^{13}p^4 + 119q^{14}p^3 + 16q^{15}p^2 + q^{16}p$	0.435262
		$f(p) = q^{19} + 17pq^{18} + 136p^2q^{17} + 681p^3q^{16} + 2396p^4q^{15} + 6308p^5q^{14} + 12977p^6q^{13} + 21512p^7q^{12} + 29249p^8q^{11} + 32804p^9q^{10} + 30260p^{10}q^9 + 22774p^{11}q^8 + 13821p^{12}q^7 + 6656p^{13}q^6 + 2486p^{14}q^5 + 695p^{15}q^4 + 137p^{16}q^3 + 17p^{17}q^2 + p^{18}q$	0.40179
36	2	$f(p) = pq^4 + p^4q$	0.0666
38	1 y 2	$f(p) = 2pq^2 + p^2q$	0.25
		$f(p) = pq^4 + 3p^2q^3 + 3p^3q^2 + 2p^4q$	0.2

Cuadro 5.9: Reglas que convergen en menos de 10 generaciones de acuerdo a la integral de sus polinomios de densidad.

regla	gen	polinomio	densidad
33	3,4	$f(p) = q^7 + 4pq^6 + 11p^2q^5 + 10p^3q^4 + 7p^4q^3 + 4p^5q^2 + p^6q$	0.364286
		$f(p) = p^9 + 6qp^8 + 24q^2p^7 + 50q^3p^6 + 72q^4p^5 + 60q^5p^4 + 28q^6p^3 + 8q^7p^2 + q^8p$	0.464286
42	1	$f(p) = pq^2 + 2p^2q$	0.25
44	5	$f(p) = pq^{10} + 8p^2q^9 + 28p^3q^8 + 58p^4q^7 + 81p^5q^6 + 79p^6q^5 + 55p^7q^4 + 25p^8q^3 + 7p^9q^2 + p^{10}q$	0.122042
46	2	$f(p) = 2pq^4 + 4p^2q^3 + 4p^3q^2 + 2p^4q$	0.266667
56	1	$f(p) = pq^2 + 2p^2q$	0.25
72	2	$f(p) = 2p^2q^3 + 2p^3q^2$	0.066666
74	4	$f(p) = pq^8 + 8p^2q^7 + 26p^3q^6 + 45p^4q^5 + 44p^5q^4 + 29p^6q^3 + 11p^7q^2 + p^8q$	0.211111
76	1	$f(p) = pq^2 + 2p^2q$	0.25
104	7	$f(p) = 2p^2q^{13} + 18p^3q^{12} + 72p^4q^{11} + 180p^5q^{10} + 336p^6q^9 + 476p^7q^8 + 507p^8q^7 + 388p^9q^6 +$	0.037819
108	2 y 3	$f(p) = pq^4 + 4p^2q^3 + 3p^3q^2 + 2p^4q$	0.216667
		$f(p) = pq^6 + 7p^2q^5 + 11p^3q^4 + 12p^4q^3 + 6p^5q^2 + 3p^6q$	0.230952
138	1	$f(p) = p^3 + qp^2 + q^2p$	0.416667
200	1	$f(p) = p^3 + 2qp^2$	0.416667



Cuadro 5.10: Gráficas de los polinomios de densidad

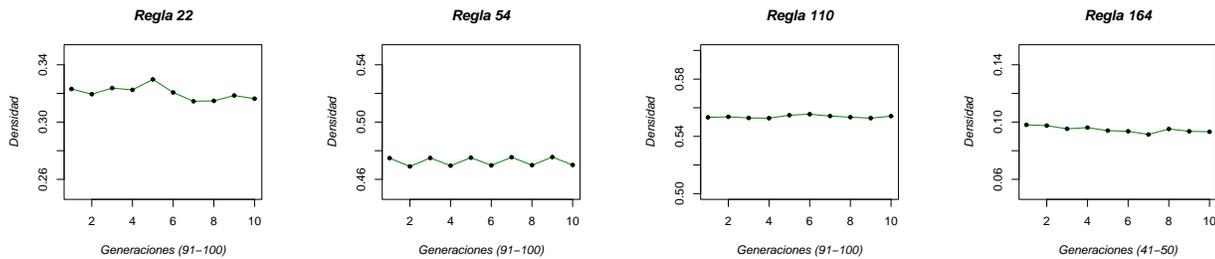


Figura 5.17: Series de tiempo de los polinomios de densidad de las reglas 22, 54, 110 y 164.

Convergencia fractal.

El comportamiento de las densidades de los distintos polinomios de la reglas 60 y 90 sigue el comportamiento del triángulo de Sierpinsky¹⁴ (ver figura 5.18). Lo interesante aquí es que ambos autómatas celulares forman el triángulo de Sierpinsky a partir de una semilla con el estado 1 en el espacio fase. Entonces se puede predecir el comportamiento de los polinomios de densidad

¹⁴Fractal generado por el triángulo de Pascal modulo 2

Cuadro 5.11: Reglas que convergen arriba de 10 generaciones de acuerdo a la integral de sus polinomios de densidad.

regla	gen	polinomio	densidad
13	50	<i>MC</i>	0.457944
14	50	MC	0.328173
25	50	MC	0.457622
28	50	MC	(0.469807, 0.491578)
37	50	MC	(0.398016, 0.425176)
41	50	MC	(0.394617, 0.373666)
45	50	MC	0.5
50	50	MC	0.489744
58	50	MC	0.570338
78	50	MC	0.523548
130	50	MC	0.165834
132	50	MC	0.123797
134	50	MC	(0.286241, 0.246637)
140	50	MC	0.185674
152	50	MC	0.185642
162	50	MC	0.311886
172	50	MC	0.204614

Cuadro 5.12: Reglas con tendencias irregulares en sus densidades. Aproximación de la densidad por Monte Carlo hasta la generación 50.

regla	gen	polinomio	densidad
22	50	MC	0.316342
94	20	MC	0.559312
122	50	MC	0.483698
146	50	MC	0.254090
164	50	MC	0.093532
9	50	MC	0.423386
54	49	MC	0.470016
73	50	MC	0.432127
110	100	MC	0.554130
26	50	MC	0.309544
106	50	MC	0.375329
18	50	MC	0.210551
30	50	MC	0.48996491
62	50	MC	0.607794
126	50	MC	0.481977
154	50	MC	0.521632

con sólo medir la densidad de las generaciones en la evolución¹⁵. Nótese que en los casos donde se tiene una convergencia fractal ascendente se toma el mayor valor, ya que éste se encuentra más cerca de la densidad donde finalmente se estabilizará el sistema, a saber en 0.5.

Conclusiones

En resumen, de las 88 reglas, veintisiete (2, 4, 10, 12, 38, 1, 42, 56, 76, 3, 5, 138, 200, 15, 27, 29, 51, 57, 77, 105, 142, 150, 156, 170, 178, 184 y 204) convergen desde la primera generación. En otras palabras, estas reglas pueden ser descritas mediante la teoría del campo medio. Dieciocho reglas logran su convergencia entre la 2a y la 11va generación. El resto de las reglas, cincuenta y tres (104, 6, 23, 34, 36, 43, 232, 7, 11, 19, 24, 35, 33, 44, 46, 72, 74, 108, **132, 130, 152, 164,**

¹⁵La razón de que suceda esto vale la pena ser estudiada a fondo. Es muy probable que esto se deba al hecho de que las reglas son aditivas.

140, 162, 172, 134, 146, 14, 37, 13, 50, 78, 28, 54, 45, 154, 110, 94, 58, 62, 18, 22, 26, 106, 41, 9, 60, 90, 73, 25, 122, 30, 126)¹⁶, logran su convergencia en una generación mayor a la 20va generación. De estas 42 reglas, las primeras dieciocho reglas convergen monótonamente y treinta y cinco (indicadas en negritas) lo hacen de forma irregular. Entre las reglas cuya convergencia es irregular se encuentran la regla 110 y 54; la primera realiza computación universal y la segunda es una candidata para realizarlo. La regla 110 tiende a converger en una densidad de 0.4369 y la regla 54 en una densidad de 0.469, alrededor de la densidad 0.5.

En este capítulo se mostró el método (polinomios de densidad) que utilizamos para caracterizar las densidades de los autómatas celulares y se aplicó en los autómatas celulares en una dimensión, con dos estados y radio de 1. Este mismo método se utiliza para caracterizar el comportamiento colectivo no trivial, tema que se expone en el siguiente capítulo.

5.6 Comentarios finales.

Uno de los problemas principales que se han abordado a partir de tener una propuesta de caracterización de las densidades, son los esquemas de clasificación de los autómatas celulares. De manera que una vez que se han caracterizado las densidades de las 88 reglas fundamentales¹⁷ podemos abordar el problema de la clasificación desde el punto de vista de los planteamientos de Gutowitz, Langton y Wentian Li. Han existido distintas propuestas de clasificación en autómatas celulares. Wolfram [93], [92], [96], propuso una clasificación cualitativa de los $2^{2^3} = 256$ autómatas celulares unidimensionales con una vecindad de tres células y dos estados (únicamente 88 fundamentalmente equivalentes), agrupándolos en cuatro diferentes clases “de complejidad” de su dinámica (figura 5.19).

- Clase I: atractores puntos fijos.
- Clase II: atractores periódicos (ciclos límite).
- Clase III: atractores cuasiperiódicos (aperiódicos) caóticos.
- Clase IV dinámica compleja, estructuras aperiódicas sobre estructuras regulares.

Chris Langton [58] propuso un parámetro para determinar a partir de la regla local que autómatas celular pertenecía a cierta clase. El parámetro λ de Langton está definido como:

¹⁶Con las 8 restantes que convergen a la densidad de 0 (0, 8, 32,40,136,125,168) dan el total de 88 reglas.

¹⁷Alguna de ellas de manera exacta y otras con la aproximación de Monte Carlo.

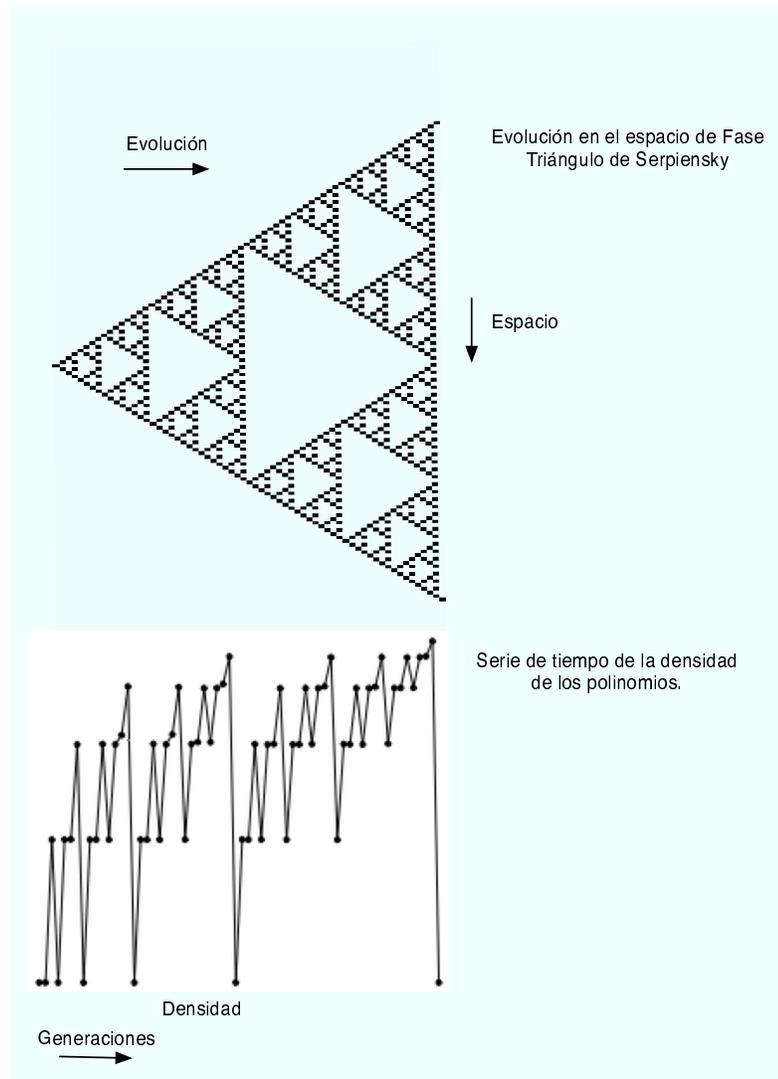


Figura 5.18: Fractal módulo 2 generado por la regla 90 y 60 en su espacio de fases y la serie de tiempo de las densidades de sus polinomios. Nótese que la densidad de cada renglón en la evolución del autómata celular coincide con la densidad de la familia de polinomios de las mismas reglas.

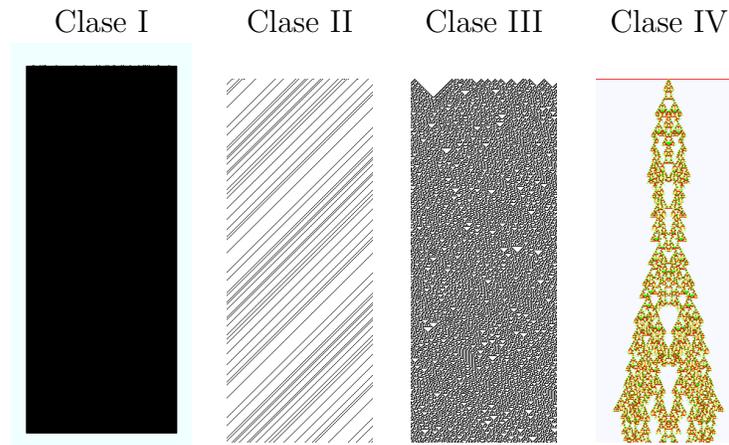


Figura 5.19: Cuatro clases de Wolfram.

$$\lambda = \frac{k^{2r+1} - n}{k^{2r+1}} \quad (5.8)$$

donde k^{2r+1} es el total de vecindades y n son la vecindades que mapean en el estado considerado como estacionario¹⁸. Bajo este esquema, Langton realiza una clasificación tomando en cuenta el número de estados transitorios [59] para cada valor del parámetro λ en incrementos de 0.5 desde 0.0 a 1.0. Mediante este estudio encuentra que la clase IV de Wolfram se ubica entre la clase II y la clase III, ver la siguiente figura.

Otras propuestas que relacionan la teoría del campo medio con la clasificación de densidades son la de Gutowitz [42] quien propone determinar las cuatro clases de Wolfram a través de la aproximación de la teoría del campo medio y la de McIntosh[69] quien establece una caracterización del comportamiento del autómata celular relacionando la función identidad con el polinomio de la teoría del campo medio.

Wuentian Li propone una clasificación más desglosada que la realizada por Wolfram; en lugar de 4 clases, considera 6:

1. Reglas nulas. Evolucionan en configuraciones de 0's o 1's. 0, 8, 32, 40, 128, 136, 160 y 168.
2. Reglas de punto fijo. Evolucionan en la una configuración, y pueden darse corrimientos.

¹⁸En el caso de los autómatas celulares binarios el estado 0 puede considerarse como el estacionario.

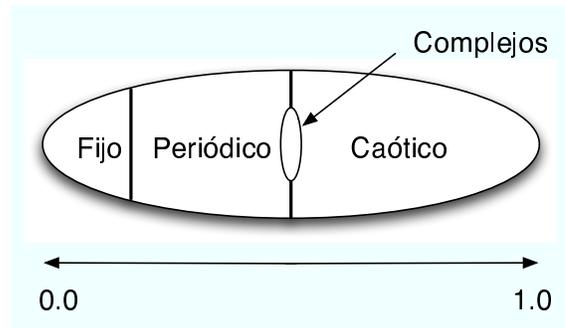


Figura 5.20: Parámetro λ de Langton.

Reglas: 2, 4, 10, 12, 13, 24, 34, 36, 42, 44, 46, 56, 57, 58, 72, 76, 77, 78, 104, 130, 132, 138, 140, 152, 162, 164, 170, 172, 184, 200, 204 y 232.

3. Reglas de ciclo 2. Evolucionan en dos configuraciones, puede haber corrimientos. Reglas: 1, 3, 5, 6, 7, 9, 11, 14, 15, 19, 23, 25, 27, 28, 29, 33, 35, 37, 38, 43, 50, 51, 74, 108, 134, 142, 156 y 178.
4. Reglas periódicas. Evolucionan en L configuraciones periódicas. Reglas: 26, 41, 73, 62 y 94.
5. Reglas en el borde del caos. Tiene configuraciones límite a configuraciones periódicas pero de grandes estados transitorios. Reglas: 54 y 110.
6. Reglas caóticas. Reglas: 18, 22, 30, 45, 60, 90, 105, 106, 126, 146, 150 y 122.

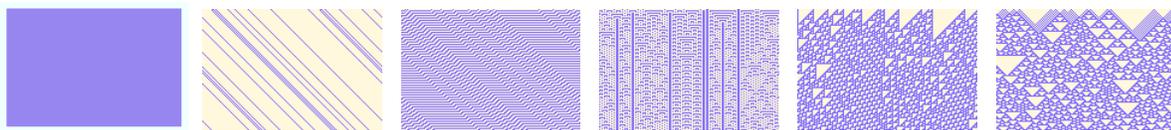


Figura 5.21: Clasificación de la dinámica en autómatas celulares de acuerdo a Wentian Li. Clase I: reglas nulas, ClaseII: punto fijo, ClaseIII: ciclo 2, ClaseIV: periódicas, ClaseV: Borde del caos, ClaseVI: Caóticas. Estas seis clases se muestran de izquierda a derecha.

Propone también una agrupación de las reglas por medio de la teoría del campo medio. El polinomio o función de la teoría del campo medio es $f(p) = p^3 + 3p^2q + 2pq^2 + q^3$ por lo que las posibilidades en sus coeficientes son $[2,4,4,2]$ es decir $[n_0 = \{0, 1\}, n_1 = \{0, 1, 2, 3\}, n_2 = \{0, 1, 2, 3\}, n_3 = \{0, 1\}]$ por lo que Wentian Li primero divide su clasificación en tres grandes bloques. El primer bloque consiste en los autómatas celulares que caen dentro de $\{n_0, n_1, n_2, n_3\} = [0, *, *, 0]$ llamado *no lineal*, el segundo bloque llamado *lineal* consiste en $\{n_0, n_1, n_2, n_3\} = [0, *, *, 1]$ y el tercero $\{n_0, n_1, n_2, n_3\} = [1, *, *, 0]$ llamado *inversamente lineal*. La malla formada por el primer grupo con sus respectivos autómatas se puede ver en la figura 5.22.

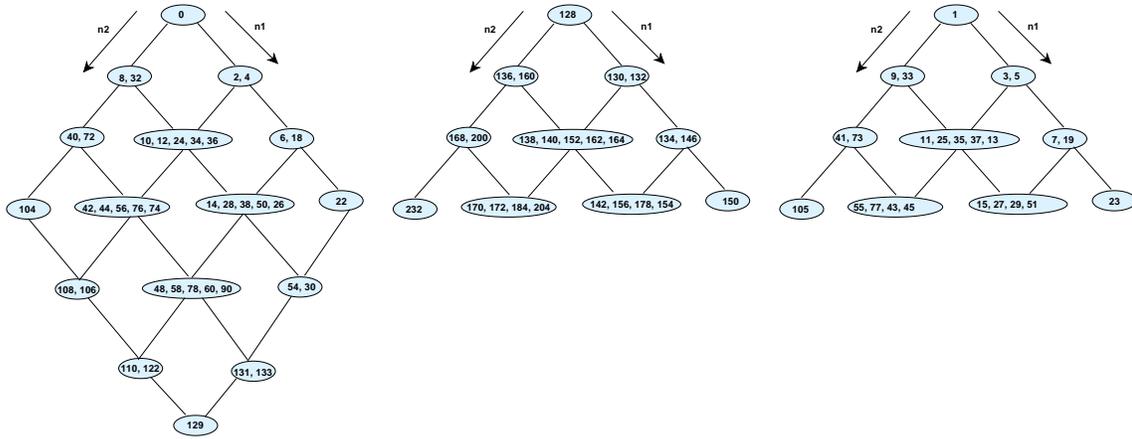


Figura 5.22: Agrupaciones de reglas mediante la teoría del campo medio; *no lineal*, *lineal*, e *inversamente lineal*.

El enfoque utilizado por Li permite conocer diferencias más sutiles en las reglas de los autómatas celulares puesto que, además de considerar la proporción de los ancestros para la agrupación, toma en cuenta como se consigue dicha proporción. Es decir, qué términos de los coeficientes de los polinomios son sumados y en qué orden. Si las reglas tienen la misma proporción pero la logran mediante distintas sumas, se encontrarán en el mismo nivel de la malla pero en distintas ramas. Si, por el contrario, logran la proporción con los mismos sumandos y en el mismo orden, serán reglas consideradas como equivalentes y se encontrarán en el mismo grupo y en el mismo nivel. Esta idea es importante porque sugiere además diferenciar de mejor manera las reglas a partir de su densidad, establecer un orden entre ellas y determinar qué tan “cerca” o tan “lejos” se encuentran unas de otras; mediante un orden parcial en una “malla”.

Sin embargo, dado que la agrupación propuesta por Li está basada en la teoría del campo medio (al igual que el parámetro λ) no logra distinguir las diferencias reales entre algunas reglas.

Para diferenciar las reglas con este nivel de detalle es preciso aplicar la idea de Li pero para polinomios de densidad que caracterizan las densidades de los autómatas celulares. Esta nueva agrupación se ilustra mediante la figura 5.23.

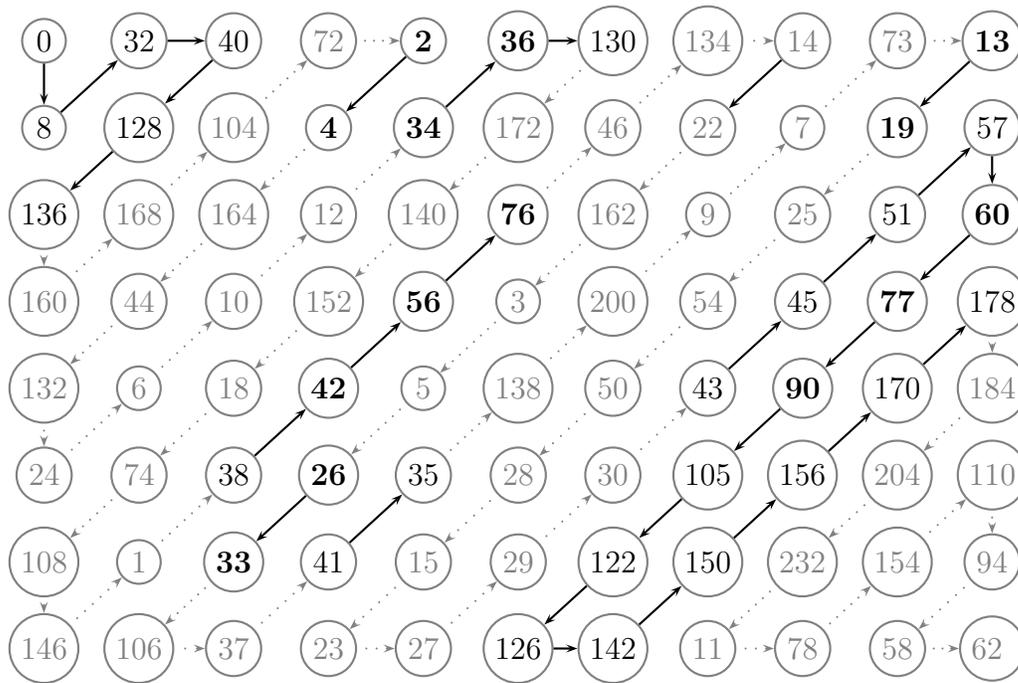


Figura 5.23: Agrupación de las reglas por sus coeficientes en la 50 generación

En la agrupación 5.23 se pueden apreciar 9 cúmulos, es decir nueve grupos de reglas que convergen a la misma densidad. Dentro de estos cúmulos se tienen a reglas que son además equivalentes en términos de sus polinomios. Del primer cúmulo, las reglas que son equivalentes por sus polinomios son la reglas 136 y 160. En el segundo cúmulo formado por las reglas 2 y 4, ambas son representadas por el mismo polinomio. El tercer cúmulo tiene las reglas 10,12 y 34 las cuales también son equivalentes. En el cuarto cúmulo las reglas equivalentes son la 46, 76 y 76, de un total de 4 que que forman la agrupación. En la quinta y séptima agrupación, no existen reglas equivalentes. En el sexto cúmulo sus dos elementos son equivalentes a saber, las reglas 3 y 5. En el octavo cúmulo se tiene la equivalencia entre las reglas aditivas 60 y 90. Y, finalmente, en el

noveno cúmulo hay dos grupos de reglas que son equivalentes entre si, uno de ellos esta formado por las reglas 15, 29 y 51 y el segundo por las reglas 170, 184 y 204, estas últimas conocidas por conservar su densidad (NCCA, por sus siglas en inglés de “Number Conserving cellular Automata”). Estas reglas, que son equivalentes por su polinomio de densidad, son las únicas que pueden caracterizarse por la teoría del campo medio. Si se compara esta agrupación con la de Wentian Li, se puede observar que la mayoría de sus agrupaciones terminaron dispersándose.

En cuanto a la clasificación de los autómatas celulares mediante la agrupación de los coeficientes de los polinomios de densidad se puede observar que aún una diferenciación precisa de las reglas a partir de sus densidades, no es suficiente para caracterizar el comportamiento de su dinámica. Con esta nueva agrupación, a excepción de las reglas nulas, el resto tiende a tener distintas densidades. Por ejemplo, en el caso de las reglas de punto fijo las regla 2, 200 y 184 tienen densidades de 0.0833333, 0.416667 y 0.5, respectivamente. Con lo que respecta al ciclo 2 vemos que la regla 33 tiene dos densidades: 0.364286 y 0.464286; mientras la regla 156 también de ciclo 2 tiene una sola densidad de 0.5. En cuanto a las reglas de periodo L, la regla 62 y 94 tienen distintas densidades: 0.607794 y 0.432127, respectivamente. Las reglas 54 y 110 consideradas en “el borde del caos” es decir entre el régimen ordenado y el caótico, tienen distintas densidades 0.470016 y 0.554130, respectivamente. Finalmente, las reglas caóticas, tienen reglas como la 18 y 122 con densidades 0,210551, 0.483698, respectivamente¹⁹ y como puede verse también distintas.

¹⁹Vale la pena mencionar que ni las reglas 110 y 54, ni las caóticas que aquí se presentan, han alcanzado su punto de estabilidad.

Capítulo 6

Comportamiento Colectivo no Trivial en Autómatas Celulares

Este capítulo tiene dos objetivos, el primero es obtener los polinomios de densidad para los autómatas que presentan Comportamiento Colectivo no Trivial a fin de caracterizar su comportamiento. Dentro de este objetivo se podrá determinar también si el fenómeno es real o es causado por las limitaciones físicas de la computadora donde se simula. El segundo objetivo responde a la posibilidad de encontrar un autómata celular en 1D y 2D que reproduzcan el fenómeno de Chaté y Manneville, con la idea de estudiar este fenómeno en un contexto más simple.

El capítulo está organizado de la siguiente manera. La primera parte trata de la caracterización del fenómeno del CCNT mediante el cálculo de los polinomios de densidad. Calcular analíticamente estos polinomios en 3D y 4D¹ implica un enorme trabajo computacional, por lo que se decidió obtener una aproximación numérica de dichos polinomios mediante el método de Monte Carlo. Por lo tanto, esta primera parte expone cómo se lleva a cabo esta aproximación tomando como casos de estudio la regla de Hemmingsson en 3D y la regla 384 en 4D. La segunda parte está enfocada a explicar las transformaciones que se realizaron para obtener el fenómeno en 1D y 2D.

¹Estas son las dimensiones mínimas donde se presenta el fenómeno del cuasiperiodo y periodo 3, respectivamente.

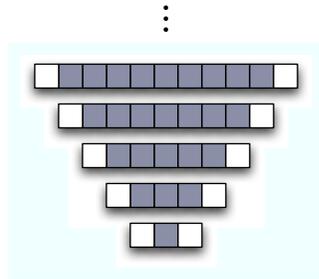


Figura 6.1: Ancestros en 1D con vecindad de vecinos inmediatos

6.1 Cálculo de los polinomios de densidad en los autómatas con CCNT

Calcular los ancestros de pocas generaciones en 1D es una tarea que no toma mucho tiempo² pero tratar de calcular las funciones de densidad de decenas o centenas de generaciones comienza a ser un problema computacional³. Afortunadamente, para muchos de los autómatas celulares en una dimensión con un radio de uno el comportamiento de la densidad converge en pocas generaciones y por lo tanto se puede obtener el polinomio de densidad que caracteriza el comportamiento de las densidades. Sin embargo, para los autómatas celulares que convergen en más de 30 generaciones, por el tiempo de procesamiento y los enormes archivos de polinomios que genera, deja de ser computacionalmente viable el cálculo analítico de los polinomios. En el caso de 2D, 3D o más dimensiones el caso se complica y las pocas generaciones que se puedan determinar hacen poco probable llegar a generalizaciones.

En realidad la complejidad de los cálculos está directamente relacionada con el tamaño de la vecindad más que con la dimensión. La asociación entre la cantidad de los cálculos y la dimensión existe porque entre más dimensiones se consideren, de manera natural, las vecindades tienden a ser mayores. Si nos concretamos a la vecindad con radio uno en cada dimensión es decir la formada por las células más cercanas y en una topología de von Neumann; como ya se discutió, tenemos que las funciones de densidad en una dimensión están inmersas en el triángulo de Pascal cada dos renglones comenzando con **1, 3, 3, 1** es decir, con un tamaño de vecindad 3. Cada renglón del triángulo de Pascal representa una célula más en el tamaño de la cadena

²El cálculo de siete generaciones toma un minuto en una computadora G5 Macintosh de 1 Ghz.

³El cálculo de 20 generaciones toma tres días aproximadamente en una Macintosh G5 de 1 Ghz y genera un archivo de 5GB de las cadenas de preimágenes.

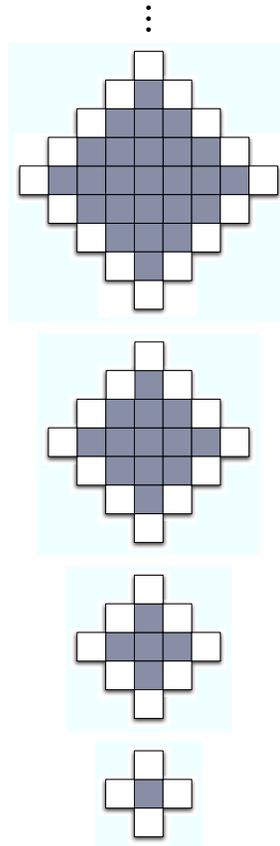


Figura 6.2: Ancestros en 2D con vecindad de vecinos inmediatos

ancestra del autómata celular de manera que dado que los ancestros crecen en porciones de dos celdas en cada generación (ver figura 6.1) eso equivale a tomar un renglón del triángulo de Pascal cada dos renglones.

A continuación se analiza lo que implica calcular ancestros de 3D y la relación de las funciones de densidad de estos AC con el triángulo de Pascal.

En una dimensión, la relación entre la generación m y el tamaño de la vecindad n está dada por:

$$1D_v(n) = (2n - 1) \text{ con } n = m + 1$$

En dos dimensiones, el cálculo de ancestros involucra vecindades cada vez mayores (ver figura 6.2) y por lo tanto los renglones del triángulo de Pascal para sus funciones de densidad se encuentran en intervalos más grandes. La relación entre la generación m y el tamaño de la vecindad (o renglón del triángulo) está dado por:

$$2D_v(n) = \sum_{i=1}^n 1D_v(i) + \sum_{i=1}^{n-1} 1D_v(i) \text{ con } n = m + 1$$

De manera que la generación inicial o $n = 1$ tiene 5 vecinos, el 5to renglón de triángulo de Pascal, la siguiente generación $n = 2$ tiene 13 vecinos, el 13avo renglón del triángulo de Pascal. En el siguiente cuadro se resume este cálculo para las primeras 4 generaciones:

generación	tamaño de la vecindad
1	5
2	13
3	25
4	41
⋮	
m	$2D_v(n) = \sum_{i=1}^n 1D_v(i) + \sum_{i=1}^{n-1} 1D_v(i) \text{ con } n = m + 1$

Obsérvese que el cálculo de las funciones de densidad rápidamente alcanza polinomios enormes, lo que implica que el cálculo de ancestros sea intenso.

En 3D el cálculo se presenta más difícil debido a que el cálculo de los ancestros involucran vecindades aún más grandes que en 2D (ver figura 6.3). El tamaño de su vecindad por cada generación se ilustra en el siguiente cuadro:

generación	tamaño de la vecindad
1	7
2	25
3	63
5	129
⋮	
m	$3D_v(n) = \sum_{i=1}^n 2D_v(i) + \sum_{i=1}^{n-1} 2D_v(i) \text{ con } n = m + 1$

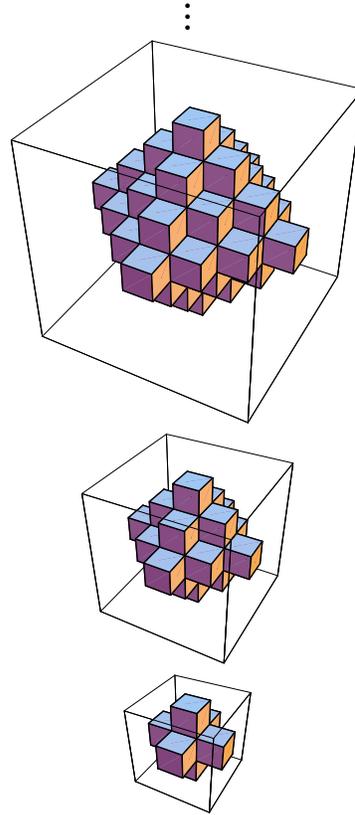


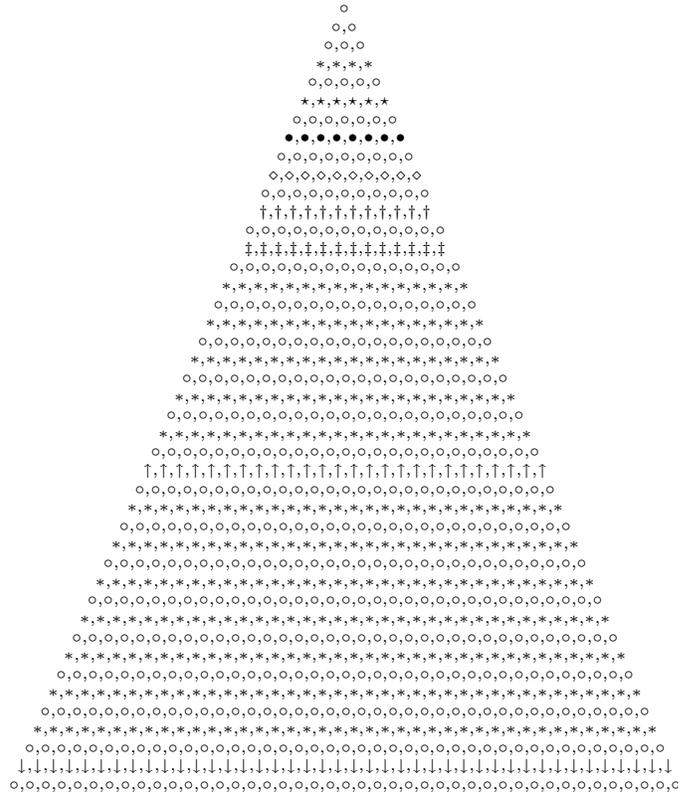
Figura 6.3: Ancestros en 3D con vecindad de vecinos inmediatos

En dimensiones mayores, el cálculo de los ancestros llega a ser inmanejable. Por cada dimensión que se agrega, este cálculo crece exponencialmente debido a que la proliferación de ancestros en cada generación involucra el cálculo de la generación anterior de manera recursiva; de esta forma, el tamaño de la vecindad para la dimensión N en la generación m se calcula usando:

$$ND_v(n) = \sum_{i=1}^n (N-1)D_v(i) + \sum_{i=1}^{n-1} (N-1)D_v(i) \text{ con } n = m + 1$$

Donde $ND_v(n)$ es el tamaño de la vecindad n en la dimensión N para la generación m y $(N-1)D_v(n)$ el tamaño de vecindad en la dimensión $N-1$, con $n = m + 1$.

Una vez más podemos ilustrar la diferencia entre las funciones de densidad de cada dimensión-generación en el triángulo de Pascal



El siguiente cuadro muestra los distintos símbolos con que se identifican los renglones del triángulo de Pascal anterior que corresponden a las dimensiones 1D, 2D, 3D y 4D.

Símbolo	Dimensiones
*	1D
★	1D y 2D
●	1D y 3D
◇	1D y 4D
↑	1D y 5D
↑↑	1D, 2D y 6D
↑	1D, 2D y 3D
↓	1D, 3D y 4D

Observe que las funciones de densidad en 1D que aparecen a lo largo de esta gráfica se encuentran cada dos renglones en el triángulo, mientras que las funciones de densidad de 2D sólo aparece 4 veces, las de 3D aparecen 3 veces, las de 4D aparece 2 veces, y las 5D y 6D sólo una vez. Desafortunadamente, los autómatas en donde se presenta el fenómeno de Chaté y Manneville son de 3D en adelante por lo que el cálculo de sus funciones de densidad se torna poco viable. Para ilustrar lo que implica calcular las composición de funciones en distintas dimensiones, el siguiente cuadro nos muestra los distintos tamaños de vecindad para las dimensiones de 1D a 6D en 10 generaciones. De manera indirecta esto nos muestra el renglón en el triángulo de Pascal en donde está inmersa la función de densidad del autómata celular.

generación	1D	2D	3D	4D	5D	6D
1	3	5	7	9	11	13
2	5	13	25	41	61	85
3	7	25	63	129	231	377
4	9	41	129	294	654	1262
5	11	61	231	627	1575	3491
6	13	85	377	1235	3437	8503
7	15	113	575	2187	6859	18799
8	17	145	833	3595	12641	38299
9	19	181	1159	5587	21823	72763
10	21	221	1561	8037	35717	130303

Para darnos una idea de lo que implica calcular las funciones de densidad para autómatas celulares en mayores dimensiones, supongamos que se calcula la función de densidad en la quinta generación de un autómata celular en 3D. Esta función de densidad será una expresión inmersa en el renglón 372 del triángulo de Pascal, por lo que dicha función involucra 372 términos con coeficientes de decenas de dígitos. La función de densidad para una regla de evolución en particular no tiene que implicar los 372 términos ni la totalidad de los coeficientes aquí mostrados. Sin embargo, aún es una expresión bastante grande. Dada entonces la inviabilidad de calcular de manera analítica los polinomios de densidad para los autómatas celulares que presentan comportamiento colectivo no trivial, se realiza una aproximación de dichos polinomios mediante el método de Monte Carlo. Antes de explicar cómo se realiza esta aproximación se presenta el método de Monte Carlo.

6.2 Aproximación mediante el método de Monte Carlo

El método de Monte Carlo es un método numérico no-determinístico⁴ propuesto en 1944 por Stanislaw Ulam [86] para encontrar soluciones numéricas a problemas matemáticos o de la Física. El procedimiento se sustenta en la generación de números aleatorios o cuasialeatorios y su estimación es probada estadísticamente utilizando la desigualdad de Chevyshev. La desigualdad de Chevyshev establece una cota superior positiva a la diferencia entre una variable aleatoria⁵ y su media $E(Y)$, de manera que eligiendo un gran número de variables aleatorias adecuadas se puede lograr una aproximación a $E(Y)$ con un margen de error en una aceptación de probabilidad. El método de Monte Carlo consiste entonces en realizar un ensayo estadístico donde se toma una muestra suficientemente grande de variables aleatorias para lograr aproximaciones con un margen de error dado.

Existen dos puntos relevantes para que el método de Monte Carlo sea eficaz en sus aproximaciones:

1. La naturaleza aleatoria de los variables.
2. El número de eventos por llevar a cabo.

El método de Monte Carlo es aplicado en dos vertientes: para realizar simulaciones y para realizar muestreos. La simulación se refiere a métodos que proveen imitaciones matemáticas a fenómenos aleatorios reales. Un ejemplo típico es la simulación del movimiento de un electrón sobre las paredes de un reactor, mediante la simulación de un camino aleatorio. El muestreo se refiere a los métodos para deducir propiedades de un gran conjunto de elementos estudiando un subconjunto aleatorio de ellos. Por ejemplo, el valor promedio de alguna función sobre un intervalo puede estimarse a partir del promedio de un número finito de puntos seleccionados de manera aleatoria sobre el intervalo. Nuestro planteamiento usa este segundo enfoque. Varios conceptos importantes están detrás del método de Monte Carlo, entre ellos se tiene a las variables aleatorias, el valor esperado, la desigualdad de Chevyshev; mismos que son mostrados en términos de autómatas celulares.

6.2.1 Variable aleatoria en autómatas celulares.

Una variable aleatoria X es una función real sobre un espacio Ω ,

$$X : \Omega \mapsto \mathbb{R}$$

⁴Probabilístico o estocástico

⁵O un conjunto de variables aleatorias Y_1, \dots, Y_n

que puede construirse a partir de variables aleatorias elementales X_e . Una variable aleatoria elemental X_e es una función que da un valor constante para algún evento elemental y otro valor para su complemento.

Supongamos ahora que la ocurrencia de un estado en determinada célula de la configuración de un autómata celular es una variable aleatoria elemental X_e , entonces una variable aleatoria X en términos de autómatas celulares son las configuraciones $\mathbf{x} \in \mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ definidas como $\mathbf{x} = (x_i)_{i \in \mathbb{Z}} = \dots x_{-2}x_{-1}x_0x_1x_2\dots$. Por lo que el espacio de configuraciones $\mathcal{A}^{\mathbb{Z}}$ es el espacio de variables aleatorias Ω , es decir un proceso estocástico. Dado que el autómata celular con CCNT es binario (secuencia de 0's y 1's) y no necesariamente equiprobable, ya que depende de la regla de evolución, entonces el cálculo de probabilidad es:

$$p = \binom{n}{s} p^s (1-p)^{n-s} \quad (6.1)$$

donde p es la probabilidad de ocurrencia del estado 1 y $q = 1 - p$ la probabilidad de la ocurrencia del estado 0, s es el número de células en 0 en la vecindad y n es el tamaño de la vecindad.

Se sabe que debido a la dependencia que existe en las configuraciones de los AC el uso de la ecuación 1.2 puede generar márgenes de error. Sin embargo, a pesar de estas fluctuaciones se espera que la tendencia de los valores obtenidos sea al valor esperado de la densidad. Por lo tanto se puede seguir aplicando la teoría de probabilidad en el cálculo de las densidades de las configuraciones de los autómatas celulares estableciendo rangos de error entre el valor obtenido y el valor esperado.

Dado que en los autómatas celulares se está considerando a las configuraciones como ensayos independientes y discretos, x_1, x_2, \dots, x_N entonces nuestro valor esperado en configuraciones de tamaño N , (N ensayos) es:

$$E(x) \equiv \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N x_n \quad (6.2)$$

El valor esperado de una variable aleatoria X se determina más fácilmente si se conoce su función de distribución. La función de distribución en autómatas celulares la otorga la ecuación 1.2 misma que establece la TCM y que se obtiene a partir de la regla de evolución (ver subsección 1.3.3). Debido a que la teoría del campo medio se da a través de la regla de evolución de un autómata celular, se tiene el cálculo de la probabilidad a partir de un entorno local. Para el análisis estadístico de las densidades del autómata celular se requiere calcular los promedios de las secuencias infinitas del autómata celular y establecer el margen de error de dicho cálculo.

La vinculación entre esta medida teórica de la probabilidad a nivel local otorgada por la función de densidad puede relacionarse con el valor esperado de un número infinito de variables aleatorias. La herramienta matemática que hace posible esto es el teorema de Bernoulli basado en la desigualdad de Chebyshev, la cual vincula la variable aleatoria elemental o probabilidad local con configuraciones de bisecuencias infinitas o variables aleatorias.

6.2.2 Desigualdad de Chebyshev.

El valor esperado es un promedio; si deseamos estimar los valores promedios para bisecuencias infinitas $\mathbf{x} = (x_i)_{i \in \mathbb{Z}}$ en autómatas celulares, o en otros términos, qué tanto se desvían las variables aleatorias de sus medias o valores esperados; una aproximación la otorga la *Desigualdad de Chebyshev*.

La Desigualdad de Chebyshev, ofrece un límite superior sobre la probabilidad de que una variable aleatoria elemental se desvíe de su media $E(X)$ por medio de una cota superior a , para $a > 0$.

$$\text{Desigualdad de Chebyshev: } P(|Y - E(Y)| \geq a) \leq \text{var}(Y)/a^2. \quad (6.3)$$

Esta desigualdad indica el promedio de densidad al que tiende la configuración de un autómata celular, a partir de una variable aleatoria elemental, suponiendo que p es la probabilidad de que ocurra el estado 1 en una célula del autómata celular. Si se considera una configuración de tamaño n células para una n muy grande la frecuencia de 1's debe ser un valor aproximado a p .

El teorema de Bernoulli establece la desigualdad de Chebyshev en términos estadísticos generalizando la desigualdad de Chebyshev para configuraciones infinitas; es decir establece que, conforme n (o el tamaño de las configuraciones) tiende a crecer, la probabilidad de N_1/n (la frecuencia de 1's) será distinta al valor esperado p en una cantidad positiva ϵ tiende a 0:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} P_n(|N_1/n - p| \geq \epsilon) = 0 \quad (6.4)$$

donde P_n es la medida de probabilidad sobre Ω_n el espacio de todas las secuencias binarias de longitud n . La probabilidad de que la diferencia entre la secuencia de 1's y p (la probabilidad de que ocurra 1 en una célula), sobrepase a ϵ puede ser arbitrariamente pequeña tomando configuraciones suficientemente grandes.

6.2.3 El método de Monte Carlo.

El método de Monte Carlo se basa en la desigualdad de Chevshev. Para realizar la aproximación de la integral de una función $\int_0^1 f(x)$. Se generan variables aleatorias $y_1, y_2, y_3 \dots, y_n$ independientes uniformemente distribuidas en el intervalo $[0, 1]$. Esto es para toda i , $P(a < y_i < b) = b - a$, donde (a, b) es un subintervalo de $[0, 1]$. Nótese que es importante que dichas variables puedan obtenerse con un buen generador de números aleatorios para garantizar un cubrimiento diverso del intervalo. Entonces, para cada i se evalúa $X_i = f(y_i)$ dando como resultado $X_1, X_2, X_3, \dots, X_n$, una secuencia de variables aleatorias uniformemente distribuidas. Entonces

$$|E(X_i)| = \left| \int_0^1 f(x)dx \right| < \int_0^1 f(x)dx < 1$$

y

$$var(X_i) = \int_0^1 f(x)^2 dx - (E(X_i))^2$$

Por la desigualdad de Chevshev se tiene

$$P\left(\left|(1/n) \sum_{i=1}^n X_i - p(E(y_i))\right| \geq a\right) \leq var\left(\left(1/n) \sum_{i=1}^n X_i\right) / a^2 \leq var(X_i) / na^2. \quad (6.5)$$

Una vez que se plantearon los conceptos anteriores se puede continuar con la aproximación de los polinomios de densidad mediante el Método de Monte Carlo.

6.3 El método de Monte Carlo y el fenómeno de Chaté y Manneville

En el estudio de autómatas celulares el método de Monte Carlo ha sido utilizado para comparar estos resultados estadísticos con las predicciones hechas por la teoría de estructura local [40] y para predecir la estabilidad del juego de la vida en N^2 generaciones, a partir de una configuración aleatoria de N^2 células [92]. En estas publicaciones se puede ver que dependiendo del objeto a estimar se dan algunas modificaciones al Método de Monte Carlo. En nuestro caso, dado que lo que queremos estimar es el polinomio de densidad llevamos el concepto de variable aleatoria

a la secuencia de configuraciones de una determinada densidad⁶. Si el número de variables es lo suficientemente grande y se obtienen con un buen generador de números aleatorios, se está garantizando que la densidad promedio después de evolucionar el autómata celular es una buena estimación. Veamos:

Para realizar la aproximación al polinomio de densidad $f(p)$, se generan variables aleatorias Y_1, Y_2, \dots, Y_n independientes y uniformemente distribuidas para un valor esperado $E(Y_i)$. Entonces para cada i se evalúa $X_i = \Phi(y_i)$ dando como resultado $X_1, X_2, X_3, \dots, X_n$ otra secuencia de variables aleatorias. El valor esperado de $E(X_i)$ es la imagen del valor esperado $E(Y_i)$, es decir el valor de la abscisa correspondiente a la ordenada $(E(Y_i), E(X_i))$ lo que forma un punto del polinomio de densidad. Para obtener todos los puntos que forman el polinomio de densidad se realiza este cálculo para todos los valores esperados que cubran el dominio en el intervalo $[0, 1]$. Para aproximar el polinomio de densidad de la generación n se realiza lo anterior evaluando $X_i = \Phi^n(y_i)$.

Algoritmo 1: El método de Monte Carlo en la aproximación de los polinomios de densidad.

```

Entrada:  $t$  // Generación deseada;
begin
  Para cada densidad  $d$ ;
  for  $d=0$  to  $1$  en incrementos de 0.001 do
    Se generan  $N$  configuraciones iniciales aleatorias con densidad  $d$ ;
    Para cada configuración inicial  $ci$ ;
    for  $ci=1$  to  $N$  do
      Se aplica la evolución  $t$  veces;
    end
    Se calcula la densidad de las  $ci$  resultantes y su promedio;
  end
  Se obtienen las densidades finales  $x$  para cada densidad inicial  $y$ ;
  Se grafica  $(x, y)$  obteniéndose el polinomio de la generación  $t$ ;
end

```

Entonces, la aproximación del método de Monte Carlo en autómatas celulares se plantea como la simulación de las evoluciones de un autómata celular a partir de un gran número de configuraciones iniciales aleatorias de donde se estudia el comportamiento de las densidades de dichas evoluciones.

⁶Nótese que si nuestro objetivo fuera calcular la integral de los polinomios de densidad, las variables aleatorias serían los elementos del dominio sobre un intervalo dado.

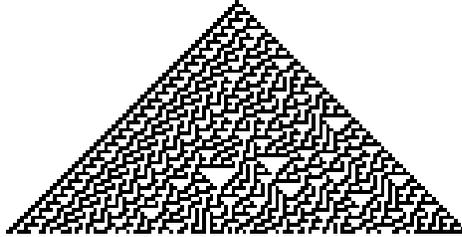


Figura 6.4: Regla 30 de un autómata celular en 1D, generador de números aleatorios

En este caso las variables aleatorias son las configuraciones iniciales $(w_1, w_2, w_3, \dots, w_n)$ a partir de las cuales evoluciona el autómata celular. Las condiciones iniciales se generan tomando en cuenta una distribución uniforme aleatoria para las distintas densidades que conforman el intervalo $[0, 1]$. A partir de ese grupo de configuraciones iniciales aleatorias de una densidad determinada, se obtiene la densidad de la generación t , por medio de $\Omega = \frac{1}{N} \sum_i^N x_{i_1, i_2, \dots, i_d}$. Es decir, calculando el promedio de las densidades de las evoluciones de cada uno de los autómatas celulares de dicha generación. Para tener la aproximación de la función de densidad en la generación t en todo el intervalo $[0, 1]$, se calcula esta expresión para cada uno de los grupos de condiciones iniciales aleatorias que representan las distintas densidades que conforman el intervalo. El pseudocódigo del planteamiento anterior se muestra en el algoritmo 1.

El hecho de que las configuraciones iniciales sean lo más aleatorias posibles juega un papel fundamental en la eficacia y las estimaciones de parámetros del método de Monte Carlo. De manera que contar con un buen generador de números aleatorios es importante. El generador que estamos utilizando está basado en un autómata celular lineal conocido como la regla 30, (ver figura 6.4) cuya efectividad ha sido demostrada con pruebas estándares (ver pag 317 de [98]).

6.3.1 Error en la estimación.

Para calcular el margen de error de la estimación realizada, el dato importante es el número de configuraciones iniciales aleatorias N que se está considerando para cada densidad. El error absoluto de la estimación por el método de Monte Carlo [18] está determinado por:

$$e = 3\sqrt{\frac{\sigma^2}{N}} = 3\frac{\sigma}{\sqrt{N}}. \quad (6.6)$$

Una vez que se tiene el error, gracias a la desigualdad de Chebyshev (ver ecuación 6.5) es

posible calcular la probabilidad de la diferencia entre el valor estimado y el real, con respecto a un margen de error.

6.3.2 Análisis de varianza

Ahora, nótese que estamos aplicando el método de Monte Carlo para aproximar cada punto del polinomio de densidad, de manera que tenemos una familia de aproximaciones con su respectivo conjunto de variables aleatorias cada una. Y por lo tanto podemos realizar un estudio separando la varianza total de una colección de mediciones en más componentes o fuentes.

Sean

$$\begin{array}{cccc} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1n_1} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2n_1} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{m1} & x_{m2} & \dots & x_{mn_m} \end{array}$$

Variables aleatorias de las poblaciones A_1, A_2, \dots, A_m con promedios $\mu_1, \mu_2 \dots \mu_m$. Sea W la población global sea μ su promedio, con σ^2 de varianza.

Si $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \dots, \bar{X}_m$ son los promedios de las variables aleatorias y \bar{X} , es el promedio de los promedios entonces se demuestra lo siguiente:

$$\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{X})^2 = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{X}_i)^2 + \sum_{i=1}^m n_i (\bar{X}_i - \bar{X})^2 \quad (6.7)$$

es decir, suma total = suma “dentro” + suma “entre” (muestras) o $S_T = S_A + S_E$.

En efecto, construyamos la identidad

$$x_{ij} - \bar{X} = (x_{ij} - \bar{X}_i) + (\bar{X}_i - \bar{X})$$

sumando para todos los valores se obtiene

$$\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{X})^2 = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{X}_i)^2 + 2 \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{X}_i)(\bar{X}_i - \bar{X}) + \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (\bar{X}_i - \bar{X})^2$$

donde el término de los números cruzados es

Cuadro 6.1: Cuadro de análisis de varianza I

Fuente de la varianza	Suma de cuadrados	Grados de libertad	“Varianza”
“entre” muestras	S_E	$m - 1$	$S'_E = (S_E/m - 1)$
“dentro” de cada muestra	S_A	$n - m$	$S'_A = (S_A/n - m)$
total	S_T	$n - 1$	$S'_T = (S/n - 1)$

$$2 \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{X}_i)(\bar{X}_i - \bar{X}) = 2 \sum_{i=1}^m \left[(\bar{X}_i - \bar{X}) \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{X}_i) \right]$$

Debido a que

$$\sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{X}_i)$$

es la suma de las desviaciones dentro de un mismo grupo, su valor es igual a cero. Esto implica que el término de los productos cruzados es nulo y por lo tanto la fórmula 6.7 queda demostrada.

Ahora bien, puesto que S_T tiene $n - 1$ grados de libertad y S_E tiene $m - 1$ grados de libertad, resulta que S_A tiene $(n - 1 - (m - 1)) = n - m$ grados de libertad. Estos resultados pueden ser mejor representados, en el cuadro 6.1.

6.3.3 Aplicación del análisis de varianza.

Uno de los objetivos del análisis de varianza es poder comprobar si en las poblaciones consideradas resulta

$$\mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_m = \mu$$

Para esto se considerará la razón 6.8

$$F = \frac{\frac{1}{m-1} \sum_{i=1}^m n_i (\bar{X}_i - \bar{X})^2}{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{X}_i)^2} = \frac{S'_E}{S'_A} \quad (6.8)$$

Esta estadística tiene una distribución F y mientras resulta $S'_A = \sigma^2$ independientemente de la hipótesis $\mu_1 = \dots = \mu_m$ S'_E resulta igual a σ^2 solamente si la muestra proviene de una misma

población, o si los promedios de las diferentes poblaciones son iguales. Las dos condiciones son además equivalentes.

Por medio de los cuadros de la distribución F se puede determinar en qué margen de error, la hipótesis inicial se acepta o se rechaza.

6.3.4 Segunda aplicación del análisis de varianza.

Considere una población formada por las siguientes variables

$$y_1, y_2, \dots, y_n.$$

Sea Y su promedio y sea

$$s^2 = \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2$$

su segundo momento.

Si efectuamos un ajuste de estos datos a una recta con el método de mínimos cuadrados, se tendrá que

$$Y_1, Y_2, \dots, Y_n$$

forman la población de los datos ajustados y

$$S^2 = \sum_{i=1}^n (Y_i - Y)^2$$

su respectivo momento también llamado “regresión lineal”.

Si se toma la diferencia

$$S_D = s^2 - S^2 = \sum_{j=1}^n (y_j - Y_j)^2$$

entonces se obtiene la discrepancia o la desviación. Todos estos datos están representados en el cuadro 6.2.

Del análisis del error S'_D se puede decidir qué tan bueno es el ajuste efectuado. Una posibilidad es hacer otro ajuste (con otra curva) y luego del análisis de los respectivos errores decidir cuál de los dos ajustes es el mejor. Otra posibilidad es considerar la razón 6.9:

Cuadro 6.2: Cuadro de análisis de varianza

Fuente de la varianza	Suma de cuadrados	Grados de libertad	“Varianza”
regresión lineal	$S_R = S^2$	1	$S'_R = S^2$
desviación	$S_D = s^2 - S^2$	$n - 2$	$S'_D = (s^2 - S^2/n - 2)$
variación total	$S_T = s^2$	$n - 1$	$S'_T = (s^2/n - 1)$

$$F = \frac{S'_R}{S'_D} \quad (6.9)$$

y después de los cuadros de la distribución F decidir si en el margen de error fijado, el ajuste resulta aceptable.

6.3.5 Aproximaciones en autómatas celulares en 1D

En la aproximación de los polinomios de densidad en 1D se considera una matriz de varianzas formada por $N = 100$ variables aleatorias en $m = 1000$ grupos o familias (ver ecuación 6.10) .

$$\begin{bmatrix} x_{1,1} & x_{12} & \dots & x_{1,m} \\ x_{2,1} & x_{22} & \dots & x_{2,m} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{N,1} & x_{m2} & \dots & x_{N,m} \end{bmatrix}_0 \quad (6.10)$$

Cada una de las variables aleatorias $x_{i,j}$ para $i = 1, N$ y $j = 1, m$ es tomada partir de una configuración inicial $c_{i,j}$ creada de manera aleatoria con una densidad particular. Esta familia de configuraciones representa las configuraciones iniciales a partir de las cuales evoluciona el sistema (\square_0).

A partir de estas configuraciones iniciales \square_0 se obtiene la aproximación de la función de densidad aplicando la regla de evolución a cada una de ellas $[c_{i,j}]_0$ lo que da las configuraciones iniciales de la primer generación $[c_{i,j}]_1$. Sobre este resultado se obtienen las variables aleatorias de cada configuración obteniendo la matriz de varianzas de la primer generación (ver ecuación 6.12).

$$\left[\begin{array}{cccc} x_{1,1} & x_{12} & \dots & x_{1,m} \\ x_{2,1} & x_{22} & \dots & x_{2,m} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{N,1} & x_{m2} & \dots & x_{N,m} \end{array} \right]_1 \quad (6.11)$$

El error de cada familia de variables aleatorias aproximadas se calcula de acuerdo a la ecuación 6.6. Se obtiene el valor esperado de las variables aleatorias de cada uno de los grupos o familias $E(x_{1,1} \dots x_{N,1}) \dots E(x_{1,m} \dots x_{N,m})$ y la varianza para cada uno de estos valores esperados $\sigma(E(x_{1,1} \dots x_{N,1})) \dots \sigma(E(x_{1,m} \dots x_{N,m}))$. Con lo anterior se puede calcular el error de cada familia de variables aleatorias (ver 6.6) y el promedio de este error. Otras medidas estadísticas de interés pueden calcularse, como el valor esperado de los promedios $\mu(\mu)$, el promedio de las desviaciones estándar $\mu(\sigma)$, la desviación estándar de los promedios $\sigma(\mu)$ y la desviación estándar de la desviación estándar $\sigma(\sigma)$.

Para ilustrar éste cálculo se toman los datos de la aproximación de la función de densidad de la segunda generación de la regla 110 en un autómata celular unidimensional. La matriz de variables aleatorias (ver matriz 6.12) se calcula aplicando la regla de evolución a cada configuración inicial con densidades en el intervalo $[0, 1]$ en incrementos de 0.001. Para cada densidad se toman 100 configuraciones iniciales aleatorias, de manera que se obtienen 1000 familias de 100 variables aleatorias, como resultado de la aproximación al polinomio de densidad de la segunda generación.

	100 ...	300 ...	500 ...	700 ...	900
1	0.268 ...	0.470 ...	0.545 ...	0.447 ...	0.219
2	0.215 ...	0.469 ...	0.513 ...	0.461 ...	0.231
3	0.255 ...	0.450 ...	0.542 ...	0.492 ...	0.229
4	0.239 ...	0.461 ...	0.527 ...	0.442 ...	0.238
5	0.258 ...	0.480 ...	0.523 ...	0.487 ...	0.210
6	0.241 ...	0.481 ...	0.492 ...	0.470 ...	0.264
7	0.258 ...	0.532 ...	0.534 ...	0.445 ...	0.242
8	0.227 ...	0.453 ...	0.524 ...	0.437 ...	0.241
9	0.242 ...	0.473 ...	0.552 ...	0.460 ...	0.230
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
100	0.269 ...	0.473 ...	0.531 ...	0.471 ...	0.231
μ	0.24399 ...	0.48463 ...	0.53392 ...	0.46653 ...	0.2398
σ	0.0205576 ...	0.0201443 ...	0.0194426 ...	0.0181606 ...	0.0212935
e	0.00616729 ...	0.00604328 ...	0.00583277 ...	0.00544818 ...	0.00638806

(6.12)

De la matriz⁷ 6.12 se calcula el error promedio para todas las familias $\mu(e) = 0.005$, el valor esperado de las medias de todos los grupos $\mu(\mu) = 0.383304$, el promedio de las desviaciones estandar de dichos promedios $\mu(\sigma) = 0.0190698$, así como la desviación estándar de los promedios $\sigma(\mu) = 0.150195$ y las desviaciones estándar de las desviaciones estándar $\sigma(\sigma) = 0.00296529$.

Dado que el error promedio que se obtuvo es $\mu(e) = 0.005$, entonces se puede afirmar que la probabilidad de la estimación y el valor real es mayor o igual a 0.005 en menos de 0.01

$$P \left(\left| (1/n) \sum_{i=1}^n X_i - p(E(y_i)) \right| \geq 0.005 \right) < 0.01$$

⁷Por razones de espacio, esta matriz sólo se muestran 10 datos de las familias 100, 300, 500, 700 y 900; de las 100 variables aleatorias de las 1000 familias que fueron calculadas. Esta pequeña muestra ilustra a *grosso modo* el comportamiento de las variables aleatorias y el cálculo realizado sobre ellas.

6.4 Aproximación de los polinomios de densidad de la regla de Hemmingsson (3D)

La regla 33 en 3 dimensiones (o regla de Hemmingsson [50]) es un ejemplo del comportamiento cuasiperiódico. El mapa de retorno y la función analítica de esta regla puede verse en la figura 6.5, la función analítica corresponde a $f(p) = q^7 + 21p^5q^2$, debido a que las sumas de las vecindades en 0 y 5 mapean en 1, mientras el resto⁸ lo hace en 0.

En la aproximación de las funciones de densidad para la regla 33 se tomaron 100 configuraciones iniciales aleatorias distribuidas de manera uniforme para densidades que van de 0 a 1 en incrementos de 0.001. Cada configuración tiene una longitud de 10 células por eje ($10 \times 10 \times 10$), con condiciones cerradas en la frontera.

En la figura 6.5, se muestran los resultados de la aproximación hasta la generación 20. Obsérvese cómo la regla 33 converge a un comportamiento cuasiperiódico de periodo 3. Las funciones que caracterizan este comportamiento se entrelazan cambiando el orden de las densidades en los tres puntos, lo que explica el toro triangular en el mapa de retorno. Estas tres funciones muestran líneas rectas donde antes existían máximos y mínimos (ver la generación 1,2,3 y 18,19,20 en la figura 6.5) esto se debe a que la regla de evolución tiende a bajar de densidad a las vecindades cuya mayoría son 1's y a subir las vecindades cuya mayoría son 0's. Otra característica importante reflejada en la figura 6.5 se refiere a la robustez del fenómeno. La robustez es la permanencia del fenómeno ante la alteración de los valores del espacio en que evoluciona⁹. Cómo puede verse, el fenómeno es bastante robusto ya que este ocurre en casi todo el intervalo de $[0,1]$ excepto en muy pequeñas regiones a saber: $[0.0, 0.01]$, $[0.18, 0.21]$, $[0.56, 0.59]$, $[0.81, 0.83]$ y $[0.99, 1]$. Por ende, manifiesta una robustez del 90%. Si por alguna razón se altera la información del espacio, a menos que este cambio produzca una densidad alrededor de las densidades anteriores, el fenómeno se mantendrá.

6.5 Aproximación de los polinomios de densidad de la regla 385 (4D)

La regla 385 en 4D cuya función de densidad y mapa de retorno puede verse en la figura 6.6, es un autómata celular que ejemplifica el comportamiento periódico. La función de densidad de

⁸Es importante hacer notar con esta gráfica que el polinomio de la densidad coincide exactamente con la estimación realizada por el método de Monte Carlo.

⁹Esta alteración se conoce también como ruido.

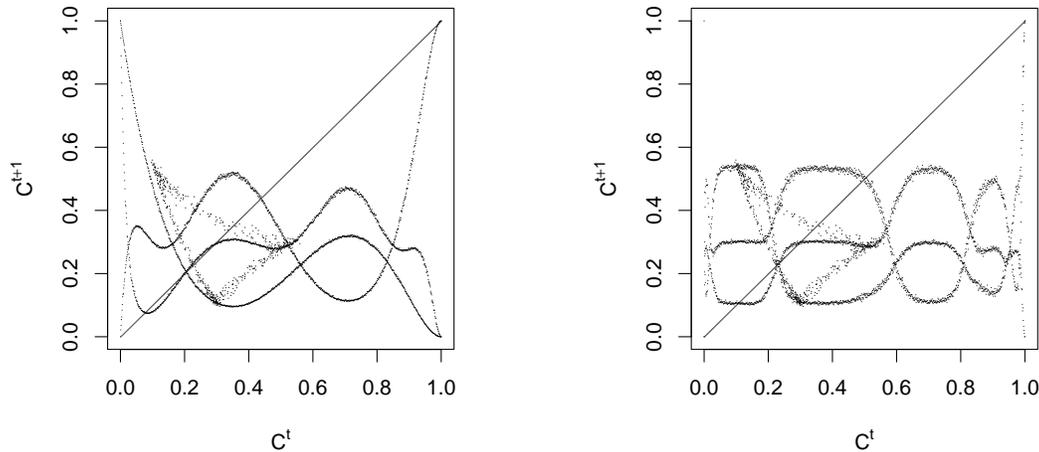


Figura 6.5: La primer gráfica muestra las función de densidad de la generación 1,2 y 3 de la regla 33 en 3D, la segunda gráfica muestra las función de densidad de la generación 18,19 y 20 de la regla 33 en 3D. Puede observarse en las generaciones más avanzadas la convergencia de las funciones de densidades en tres comportamientos.

esta regla en la primera generación $f(p) = q^9 + 36p^7q^2 + 9p^8q$ es una expresión que se obtiene de mapear en 1 a las vecindades cuya suma sea 0,7 u 8, y el resto de vecindades en 0.

En este caso se están presentando los resultados hasta la generación 40 y en ellos se ve claramente la convergencia de la regla 385 en el periodo 3. En este caso sin embargo, podemos observar que el fenómeno sólo sucede en las regiones de $[0.01,0.1]$ y de $[0.2 a 0.55]$ es decir en el 45 por ciento de las densidades del intervalo $[0,1]$. El ciclo 3 de la regla 385 es menos robusto que el cuasiperiodo 3 de la regla 33, pues sólo tiene un 45% de densidades en el eje de las abscisas que lo mantiene. Nótese también que los máximos y mínimos de las primeras funciones de densidad terminan siendo rectas, después de una larga serie de fluctuaciones donde los máximos tienden a ser mínimos y viceversa.

Un aspecto relevante en los polinomios de densidad es que muestran el comportamiento en todo el espectro del intervalo $[0,1]$. Los artículos que mostraban el fenómeno del comportamiento colectivo no trivial siempre asumían como configuración inicial una configuración inicial aleatoria de densidad 0.5. Ahora sabemos que el fenómeno no se cumple para cualquier configuración inicial y aun más que eso, sabemos para que configuraciones iniciales se cumple y para cuáles no

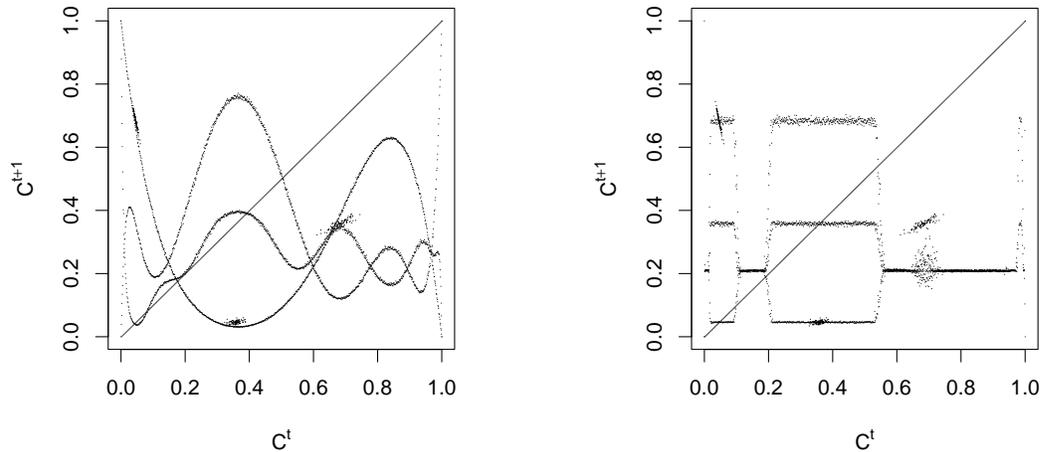


Figura 6.6: La primera gráfica muestra las función de densidad de la generación 1,2 y 3 de la regla 385 en 4D, la segunda gráfica muestra la función de densidad de la generación 38,39 y 40 de la regla 385 en 4D. Puede observarse en las generaciones más avanzadas la convergencia de las funciones de densidad en tres densidades.

lo hace.

6.6 El fenómeno de Chaté y Manneville en 1 y 2 dimensiones

Siempre ha existido interés por reproducir el comportamiento colectivo no trivial en 1D y 2D debido a la facilidad que pudiera ofrecer el estudio del fenómeno en una dimensión más baja. En esta sección se propone un método para realizar transformaciones en autómatas celulares en grandes dimensiones a 1D y 2D. Dado que los autómatas celulares de Chaté y Manneville evolucionan de 3D en adelante, el interés es estudiar la topología que toma la vecindad cuando el mismo autómata celular evoluciona en 1D o 2D. La característica que debe tener la transformación es que preserve intacto el comportamiento de la evolución del autómata en términos de densidades, de manera que se garantice que es el mismo autómata celular el que se está analizando en 1D o 2D. La primera tarea que llevó a cabo este análisis fue determinar si existía realmente una transformación que mantuviera intacto el comportamiento del autómata celular

en bajas dimensiones y la segunda tarea consistió en identificar la topología de las vecindades en las dimensiones en que se realizó la transformación.

6.7 Proyección de largo alcance

6.7.1 De ND a 1D

Un intento de reproducir los autómatas celulares de Chaté y Manneville a 1D, consiste en aplicar la siguiente proyección:

$$\begin{aligned}\psi : Z^n &\mapsto Z \\ (x_1, \dots, x_n) &\mapsto x_n m_{n-1} \dots m_1 + \dots + x_3 m_2 m_1 + x_2 m_1 + x_1\end{aligned}$$

que transforma el espacio de un autómata celular en n dimensiones a 1D donde $n \geq 3$ y m_i es el total de células para el eje x_i .

De manera que para transformar 3D a 1D debemos realizar la siguiente.

$$\begin{aligned}\psi : Z^3 &\mapsto Z \\ (x_1, x_2, x_3) &\mapsto x_3 m_2 m_1 + x_2 m_1 + x_1\end{aligned}$$

Una vez realizada la transformación aplicamos la regla de evolución de un AC que tenga el comportamiento colectivo no trivial en el nuevo espacio. La figura 6.7 muestra el comportamiento de las densidades de la regla totalística 33 en 1D, bajo la transformación anterior. Los resultados son exactamente los mismos que se obtienen realizando la evolución en 3D. Si se considera en ambos casos la misma configuración inicial, las densidades de cada generación coinciden punto por punto.

Lo mismo podemos plantear para el comportamiento colectivo de periodo 3. El periodo tres comienza a presentarse en 4 dimensiones, de manera que si se hace la transformación de 4D a 1D el resultado es exactamente el mismo comportamiento que se obtiene evolucionando en 4D (ver figura 6.8).

Otro planteamiento es realizar la transformación en 2D. Esta transformación es útil si se desea estudiar el comportamiento dinámico de las regiones de células que comparten un solo estado.

Mediante la siguiente proyección podemos ver también el comportamiento colectivo no trivial en 2D.

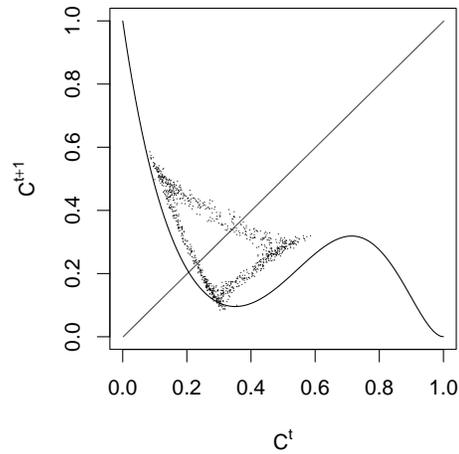


Figura 6.7: Regla 33 con comportamiento cuasiperiódico evolucionando en 1D. Con un tamaño del espacio de 8000 células durante 500 generaciones.

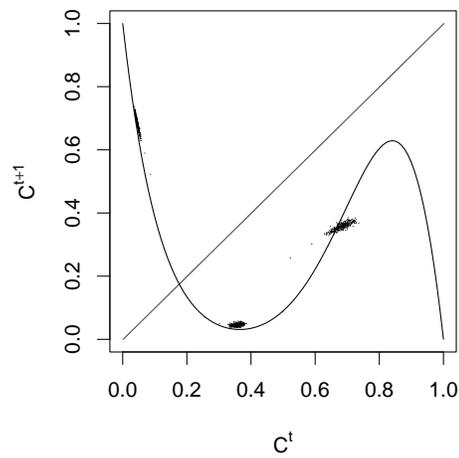


Figura 6.8: Regla 385 con comportamiento periódico evolucionando en 1D. Con un tamaño del espacio de 10000 células durante 1000 generaciones.

6.7.2 De nD a 2D

$$\psi : Z^n \mapsto Z^2$$

$$(x_1, \dots, x_n) \mapsto (x_1, x_n m_{n-1} \dots m_{n-2} + \dots + x_3 m_2 + x_2)$$

La regla 33 en 3D por ejemplo, mediante su transformación a 2D,

$$\psi : Z^3 \mapsto Z^2$$

o

$$(x_1, x_2, x_3) \mapsto (x_1, \dots + x_3 \times m_2 + x_2)$$

nos muestra el comportamiento ilustrado por la figura 6.9.

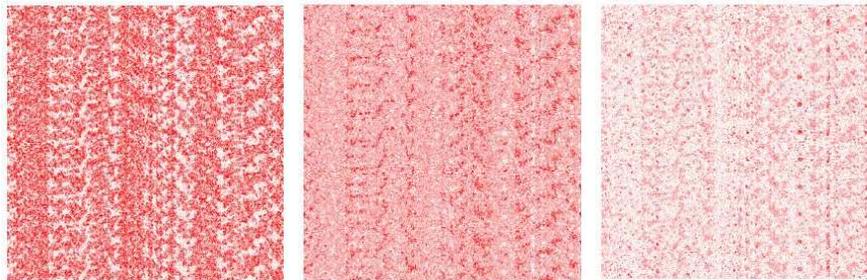


Figura 6.9: Tres pasos de la evolución de la regla de Hemmingsson en 2D. Con un tamaño del espacio de 1000×1000 células durante 100 generaciones.

Nótese que estas transformaciones muestran desde otro ángulo los traslapes entre las vecindades. Una vecindad de von Neumann en tres dimensiones se convierte en una vecindad con tres células contiguas y 4 células remotas, tanto en su transformación en 1D como en el plano. Las células contiguas mantienen cierto traslape mientras las células remotas son independientes. En otras palabras, la vecindad equivalente en 1D y 2D de una vecindad en 3D tiene a lo más un traslape de 2 células, por cualquiera de sus lados para el caso de 1D y para cualquiera de sus dos coordenadas y la combinación de éstas en el plano.

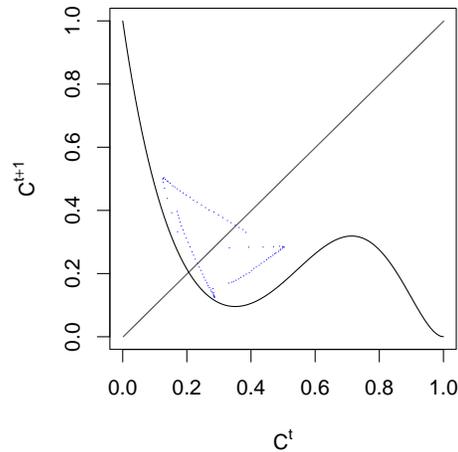


Figura 6.10: Mapa de retorno de la regla de Hemmingsson evolucionando en 2D. Con un tamaño del espacio de 1000×1000 células durante 100 generaciones.

6.8 Estructura de las vecindades en bajas dimensiones

La reproducción del fenómeno de Chaté y Manneville en 1D y 2D es posible cuando se respeta la vecindad con radio de uno en la dimensión baja¹⁰. Se construye la vecindad en la dimensión baja conectando a las células inmediatas con radio 1 y el resto de las células a ciertas distancias. Entonces, la transformación ND a 1D consiste en formar una vecindad en 1D que mantiene las tres células contiguas (dado que ésta es la vecindad con radio uno en una dimensión) y el resto de las células a cierta distancia (las células para completar la vecindad de la dimensión n). Tratándose de una vecindad de von Neumann en 3D la vecindad en 1D será de cinco células, tres de ellas inmediatas y dos alejadas. En 4D, dado que se tienen siete células, se deben tener tres de ellas conectadas y cuatro alejadas. Para llevar un autómata celular de ND a 2D se debe de mantener una vecindad de 5 vecinos inmediatos y el resto de los vecinos a cierta distancia. Dado que en este caso se tienen dos coordenadas para colocar las células restantes es indistinto colocar a todos en un solo eje o en cualquiera de sus combinaciones. Finalmente, de ND a 3D se mantiene una vecindad de siete vecinos inmediatos que es la vecindad de radio 1 de von Neumann en 3D y el resto de los vecinos a cierta distancia. Dado que en este caso se tienen tres

¹⁰En este caso se está considerando solamente la vecindad de von Neumann.

coordenadas para colocar los vecinos restantes, puede haber más diversidad en la posición que pueden ocupar estas células¹¹.

Un enfoque similar se aplica para pasar de un hiperespacio a 4D, 5D, 6D etc. Sin embargo, como la 3D es la mínima dimensión graficable, se hace sólo para esa dimensión.

Existe también el procedimiento inverso, es decir, a partir de la topología de la vecindad en bajas dimensiones, decidir qué autómata celular queremos obtener de una dimensión más elevada. Esto es útil cuando se desea ver de manera gráfica la evolución del autómata celular.

Nótese que el hecho de que cada transformación preserve la mínima vecindad conectada implica la posibilidad de que un mínimo de traslape sea necesario para que ocurra el fenómeno CCNT. Esta posibilidad fue confirmada probando con otras estructuras en la vecindad. Si se aumenta la cantidad de células inmediatas (más traslape) se pierde el fenómeno de CCNT; si se disminuye la cantidad de células inmediatas (menos traslape) se pierde el fenómeno de CCNT. Sólo cuando se tiene la mínima vecindad inmediata se conserva el CCNT.

Conclusiones

Dada la dificultad computacional que implica calcular los polinomios de densidad en 3D y 4D se decidió realizar la aproximación de dichos polinomios mediante el método de Monte Carlo. En una dimensión, este método coincide con todos los polinomios de densidad analíticos. En tres y cuatro dimensiones, donde únicamente se tiene el polinomio de la primera generación, existe también una plena coincidencia. El método de Monte Carlo fue una herramienta muy útil en la aproximación de los polinomios de densidad. En nuestros casos de estudio la aproximación tiene solamente un margen de error de 0.005. A partir de esta aproximación tenemos dos conclusiones:

- El fenómeno del comportamiento colectivo no trivial no es metaestable.
- El fenómeno no se obtiene para cualquier densidad inicial. En los casos en que se estudiaron la regla de Hemmingsson en 3D y la regla 385 en 4D, se muestra una robustez de 80 y 45 por ciento, respectivamente.

Es posible reproducir el fenómeno a dimensiones menores siempre y cuando se cambie la forma de la vecindad. Una vez establecida la malla del autómata celular con comportamiento colectivo no trivial en 1D, se abre la posibilidad de estudiarla bajo el enfoque de complejidad de redes y analizar si es un factor para que exista sincronización a nivel global en los autómatas celulares de Chaté y Manneville. Con este esquema es posible simular cualquier autómata celular de mayores

¹¹La única condición aquí es que su posición no rebase el tamaño del eje original.

dimensiones a menores dimensiones, por lo que se puede obtener cualquier el comportamiento periódico o cuasiperiódico de ND a $(N - 1)D \dots 1D$.

6.9 Comentarios finales

El método de Monte Carlo ofrece la posibilidad de calcular los polinomios de densidad para autómatas celulares de interés donde en primera instancia es inviable obtener los polinomios de densidad analíticos, ya sea porque se trate de un autómata celular que tenga una vecindad muy grande, considere muchos estados, o converja en generaciones muy avanzadas. Por ejemplo, el “juego de la vida”¹², es un candidato deseable a ser estudiado dada su capacidad de realizar computación universal [3]. Sin embargo, es un autómata celular binario en 2D, con una vecindad de Moore, lo que lo distingue como un autómata celular cuyo cálculo analítico de sus polinomios de densidad es complicado. En este caso entonces, calcular sus polinomios de densidad mediante el método de Monte Carlo parece una alternativa adecuada. La gráfica 6.11 muestra la aproximación de los polinomios de densidad de las primeras 30 generaciones en el “juego de la vida”.

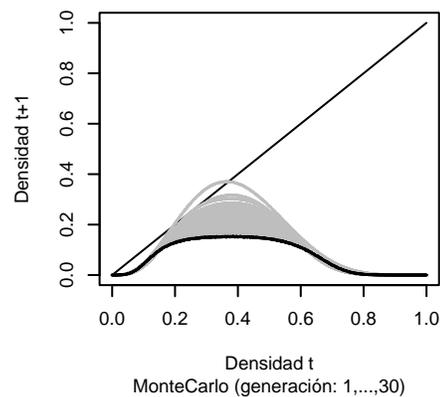


Figura 6.11: Polinomios de densidad de las primeras 30 generaciones en el “juego de la vida”.

¹²El “juego de la vida” es sin duda el autómata celular más famoso. Fue creado por John Conway quien intentaba modelar un sistema ecológico donde la densidad de la población fuera estable.

El juego de la vida ya ha tenido dos estudios estadísticos publicados en los “Proceedings of the National Academy of Sciences” por Dresden M. y D. Wong [29] y en “Journal of Statistical Physics” por Schulman y Seiden [80], dan cuenta de esto. La aproximación del comportamiento de la densidad del juego de la vida mediante los polinomios de densidad no muestran estabilidad aún en la generación 30 donde reportan una densidad de 0.0769 (ver figura 6.12). Otros autómatas celulares que pueden ser de interés para estudiar la estabilidad de su densidad son los que simulan medios excitables, los que son modelos de crecimiento, y en general aquellos que ya son utilizadas como modelos para aplicaciones concretas.

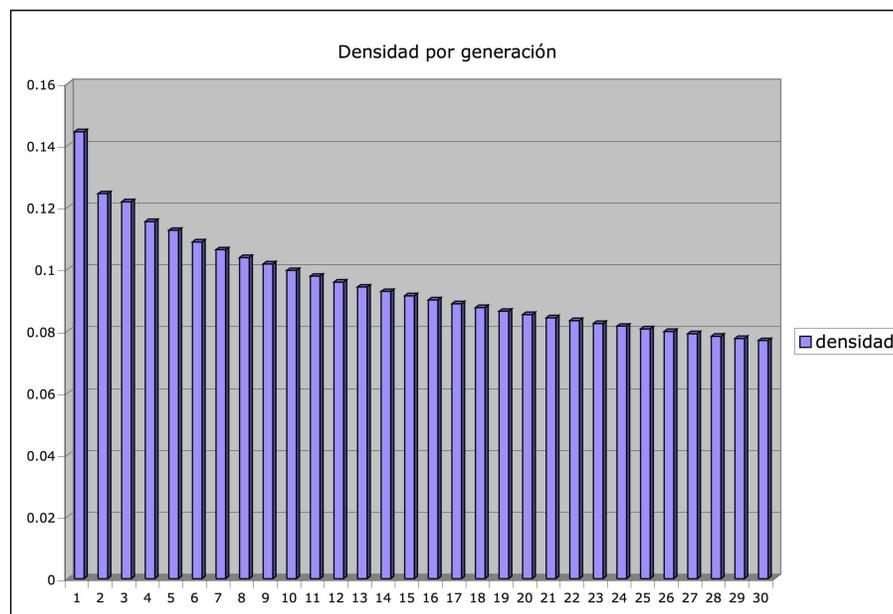


Figura 6.12: Densidades de los polinomios aproximados hasta la generación 30 en el “Juego de la Vida”.

En cuanto a las transformaciones, para llevar el autómata celular con comportamiento colectivo no trivial a bajas dimensiones; resulta atractivo experimentar con la transformación prop-

uesta por Hilbert donde llena el plano a partir de una línea (ver figura 6.13). De esta manera, una vez que se ha llenado el plano o el espacio, se extiende la línea mapeando los puntos del espacio o el plano a una dimensión. Lo interesante de esta transformación es que es biyectiva lo que permite ir y regresar de una dimensión mayor a una menor.

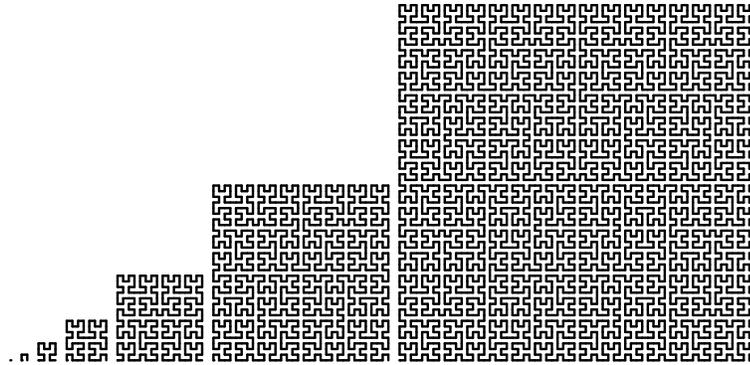


Figura 6.13: Llenado del espacio con las curvas de Hilbert.

Conclusiones

Las conclusiones de esta tesis se pueden plantear en el siguiente orden:

1. El principal resultado de esta tesis es la propuesta de una nueva forma de caracterizar la densidad en los autómatas celulares. Esta propuesta surge por la necesidad de caracterizar la densidad de los autómatas celulares con comportamiento colectivo no trivial. Esta caracterización permite también determinar si el comportamiento colectivo no trivial es artificial o es genuino. Se considera artificial o metaestable el fenómeno si éste es ocasionado por las limitaciones físicas del equipo donde se simula. La herramienta para caracterizar la densidad, llamada polinomios de densidad, ha demostrado tener potencial para abordar otros problemas en autómatas celulares. Algunos de ellos fueron abordados aquí:

- (a) La caracterización de la densidad de todos los autómatas celulares unidimensionales.
- (b) El problema de la clasificación apoyados por el estudio de las densidades.

y otros se han planteado como trabajos futuros:

- (a) Estudiar la relación entre el fenómeno de “Small World” y el comportamiento colectivo no trivial.
- (b) La tarea de clasificación de densidades.
- (c) Autómatas celulares que mantienen sus densidades.

La respuesta que los polinomios de densidad dan al problema de la metaestabilidad en los autómatas de Chaté y Manneville es que éste es genuino.

2. Dado lo complicado que resulta en términos de recursos computacionales el calcular los polinomios de densidad de los autómatas celulares de Chaté y Manneville, se propone la aproximación de los polinomios de densidad mediante el método de Monte Carlo. Esta

metodología abre amplias posibilidades para estudiar autómatas celulares con más estados, generaciones, tamaño de vecindad y dimensión. En este trabajo además de permitirnos abordar los autómatas celulares con comportamiento colectivo no trivial hizo posible estudiar los autómatas celulares unidimensionales cuya convergencia necesitaba grandes tiempos de evolución.

3. Sobre la caracterización de la densidad de los autómatas celulares unidimensionales a partir de los polinomios de densidad, surgen dos nuevos enfoques que permiten demostrar formalmente la estabilidad de la densidad para un gran número de ellos. Uno de estos enfoques se trata de la generación de árboles de preimágenes que permite establecer los vínculos y la relación genealógica entre las distintas preimágenes. Esta gráfica permite establecer la convergencia de las densidades en términos de la proporción de preimágenes por generación. El otro enfoque permite la demostración de la estabilidad cuando la proporción de las preimágenes por generación se estabiliza en un número mayor a cero. Este enfoque demuestra la convergencia de la densidad de acuerdo a los patrones de los coeficientes de los polinomios de densidad y su relación con el triángulo de Pascal. Ambos enfoques invitan a estudiar desde otra perspectiva autómatas celulares conocidos como complejos, caóticos, aditivos, etc.
4. En cuanto a la clasificación de los autómatas celulares apoyados por la caracterización de la densidad de los mismos, planteamientos propuestos por Gutowitz, Langton y Wentian Li. Fue un tema abordado con la nueva propuesta de caracterización de densidades. El resultado de este estudio, no apoya las conjeturas de estos autores, ya que desvincula la relación directa entre la densidad promedio con el comportamiento del autómata celular en el sentido de complejidad¹³. Esto nos lleva a replantear el problema de la clasificación.
5. Los polinomios de densidad, además de determinar si el fenómeno es metaestable o no, nos ha permitido establecer la robustez del mismo. Estos polinomios nos otorgan, todo el espectro que indica sobre que configuraciones iniciales se da el fenómeno y en cuáles otras desaparece. La robustez en los casos de estudio analizados fue de 90% para la regla de Hemmingsson y del 45% para la regla 385 en 4D.
6. Otro resultado de este trabajo es haber logrado llevar el fenómeno del comportamiento colectivo no trivial a 1 y 2 dimensiones. El principal beneficio de esto es tener un marco de referencia más sencillo para estudiar el fenómeno y abrir la posibilidad de estudiar las

¹³Es probable que la densidad sea parte de la información que se requiere para caracterizar el comportamiento de un autómata celular, pero por sí sola no es suficiente.

implicaciones topológicas de las conexiones entre las células. Ofrece la obtención de comportamientos específicos en una dimensión deseada. Y además, abre nuevas posibilidades en el estudio del fenómeno. Una de ellas esta relacionada con el análisis de la malla del autómata celular mediante los conceptos de redes complejas¹⁴.

7. Consideramos que los planteamientos teóricos que se han llevado a cabo en los fundamentos de probabilidad en autómatas celulares no llegan a plantearse al nivel de detalle en que se puedan relacionar los componentes de un autómata celular y su equivalente en teoría de la probabilidad o teoría de la medida. Por mencionar un ejemplo, las definiciones de distancia que se formulan entre las configuraciones de un autómata celular a fin de definir los conjuntos de cilindros, están desvinculados sobre la medida de probabilidad de dichos conjuntos. En esta tesis se ha dado un paso en esa dirección y se ha definido una distancia entre las configuraciones que a su vez permite definir los conjuntos de cilindros de manera que éstos puedan ser representados por una medida de probabilidad.
8. Como un capítulo de esta tesis se continua el trabajo que realicé en la tesis de maestría, el cual estuvo relacionado con el estudio de la topología de las vecindades de Moore y von Neumann y la predicción de la teoría del campo medio. Sobre este análisis se le agregó la vecindad de la célula central y una cobertura de los dos vecinos inmediatos¹⁵. El resultado principal sigue siendo el mismo: la teoría del campo medio logra buenas aproximaciones si se considera la vecindad de von Neumann en grandes dimensiones.

¹⁴Es decir redes “small world”, “scale-free”, “random”, etc

¹⁵En la tesis de maestría se realizó el análisis solo con la vecindad de Moore y von Neumann en un radio de un vecino inmediato

Trabajos futuros

El fenómeno de comportamiento colectivo no trivial y el fenómeno de “Small World”.

Motivación

En algunos sistemas dinámicos ciertas topologías del espacio¹⁶ son determinantes en el comportamiento dinámico global del sistema [90]. Por ejemplo, la expansión de una epidemia depende de la conectividad que tenga la población afectada. Si la población está aislada, es muy probable que la epidemia no afecte a toda la población y que termine extinguiéndose en un grupo aislado. Si la población está medianamente conectada, es muy probable que la epidemia cubra toda la población pero tarde en lograrlo. Pero si la población está muy conectada, lo más seguro es que la epidemia llegue rápidamente a todos los pobladores. La identificación de estas redes está relacionada con un concepto conocido como el diámetro de la gráfica o de la red, es decir, ¿Cuántos nodos en promedio hay que atravesar para llegar desde un lugar a otro en la gráfica? Este concepto viene del estudio de gráficas aleatorias [13] desarrollado por Erdős y Renry [31]. Las gráficas aleatorias están definidas de la siguiente manera:

Definición 6.1 (Gráfica aleatoria). *Una gráfica aleatoria $G(V, E)$ es una gráfica con $V(G) = \Sigma^{\tau-1}$ un conjunto finito de vértices, y $E(G)$ un conjunto de aristas; donde $E(G)$ está asociado con un par de elementos de $V(G)$ de manera aleatoria.*

El diámetro de estas gráficas, es decir el número promedio de nodos intermedios entre cualesquiera dos nodos de la gráfica¹⁷ está dado por:

$$D = \log N / \log z \tag{6.13}$$

¹⁶En el caso de autómatas celulares se refiere a la malla, lo que es equivalente a la red o gráfica.

¹⁷También conoce esto como los grados de separación.

donde N es el total de nodos de la gráfica y z es grado promedio de los nodos de la gráfica¹⁸.

Nótese que en la figura 6.13 la expresión $\log N$ se incrementa muy lentamente con respecto al valor de N , lo que permite que el diámetro de una gráfica sea pequeño aunque se tengan gráficas muy grandes. Esta característica es conocida como el fenómeno de “Small World”.

El modelo de “Small World” de Watts y Strogatz

Watts y Strogatz [90] propusieron otras gráficas que sin ser totalmente aleatorias tienen la característica de “small world”. Esta idea surge de modelar fenómenos sociales donde ocurre el fenómeno de “Small World”¹⁹ sin que la conexión entre las personas sea totalmente aleatoria. Observaron que las redes sociales, aunque tienen el fenómeno de “small world”, a diferencia de las aleatorias tienen la propiedad de “agrupación” (*clustering* en inglés), es decir que dos nodos conectados pueden compartir nodos en común, mientras que en las gráficas aleatorias la probabilidad de que esto ocurra es casi nula²⁰. Para modelar gráficas con la propiedad de “small world” y de agrupación, parten de una gráfica totalmente ordenada a la que le reconectan aleatoriamente una cantidad muy pequeña p de nodos. El resultado es una gráfica casi totalmente regular pero con pocas conexiones que acortan grandes distancias en la red. Es decir queda una gráfica que en términos de regularidad queda entre una gráfica aleatoria y una gráfica totalmente regular (ver figura 6.14).

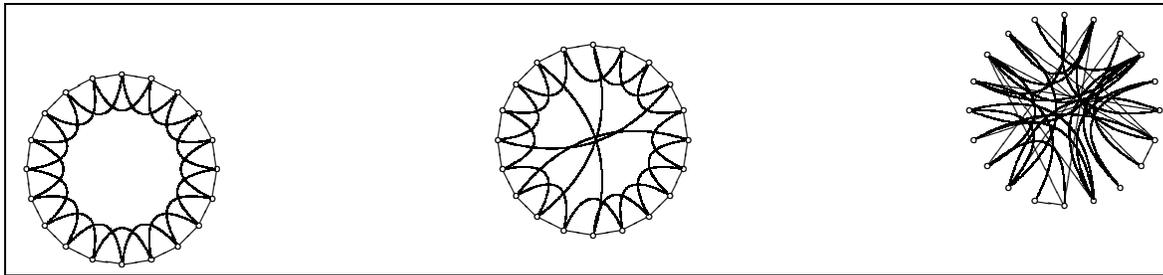


Figura 6.14: Gráfica regular, gráfica “small world” y gráfica aleatoria, respectivamente.

Dos medidas son importantes para caracterizar una red en cualquiera de las topologías anteriores (regular, “small world” y aleatoria): el diámetro de la gráfica y el coeficiente de agrupación.

¹⁸El grado es el número de aristas que entran o salen de un nodo. En el ámbito de las redes complejas es conocido como el número coordinador.

¹⁹La evidencia de “small world” en los fenómenos sociales es experimental.

²⁰En una gráfica aleatoria la probabilidad de que dos nodos conectados tengan a su vez conexión con nodos comunes es menor o igual a que los nodos originales se hayan conectado

En las gráficas regulares, el diámetro y el coeficiente de agrupación son grandes. En las gráficas de “small world”, la distancia es corta o mediana y el coeficiente de agrupación es alto, y finalmente en las gráficas aleatorias se tiene un diámetro con un coeficiente pequeño.

El fenómeno de “Small World” de los autómatas celulares de Chaté y Manneville.

La malla de un autómata celular unidimensional es una gráfica regular, tiene un coeficiente de agrupación y diámetro muy grande. Sin embargo, la topología en una dimensión de un autómata celular con CCNT parece tener la topología de las gráficas de “small world” con una sutil diferencia: en lugar de reconectar las aristas de algunos nodos de manera aleatoria, se reconectan algunas aristas de todos los nodos de una manera precisa. La manera de la reconexión está definida por la transformación propuesta en la sección 6.7.1 del capítulo 6 que reproduce el autómata celular con CCNT en una dimensión. El resultado de esta reconexión es una gráfica totalmente regular con conexiones sistemáticas de largo alcance (ver figura 6.15)

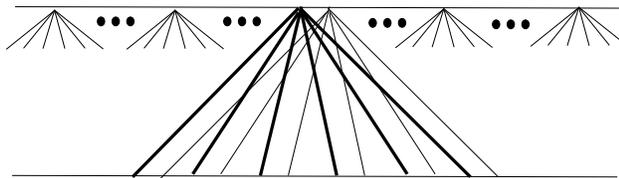


Figura 6.15: Topología del espacio de un autómata celular resultado de reproducir el CCNT en 1D

Si consideramos el número coordinador z' efectivo de esta gráfica como el número de aristas que conectan a un nodo no común entre dos nodos vecinos, entonces para un autómata celular unidimensional tenemos que z' es igual a 1, lo que coincide con el alto índice del coeficiente de agrupación. Sin embargo, si calculamos a z' en la topología de la malla en una dimensión que reproduce el fenómeno del CCNT; entonces, para la transformación de 3D a 1D se tiene a $z' = 4$, de 4D en 1D se tiene a $z' = 6$, transformando 5D en 1D se tiene a $z' = 8$ y finalmente de 5D en 1D se tiene a $z' = 10$. Tomando en cuenta por ejemplo un espacio de 1,000,000 células (es decir, una transformación de 100x100x100 en 3D a 1D), tenemos un diámetro de 9.96. Un diámetro pequeño en términos del tamaño de la red, o en otros términos: el fenómeno de “Small World”.

Dimensión	Num. coordinador efectivo	Diámetro
6D	10	6
5D	8	6.64
4D	6	7.71
3D	4	9.96

Cuadro 6.3: Diámetros de las mallas resultantes en una dimensión al reproducir el CCNT desde distintas dimensiones. El espacio del autómata celular está considerado de 1000000 células

La tabla 6.3 muestra el diámetro de la red en las transformaciones de que reproducen el CCNT de 6D,5D,4D y 3D en 1D, para el mismo caso de 1000000 células.

Propuesta

La topología del espacio que surge de reproducir el CCNT en 1D tiene la propiedad de “Small World”. La propuesta es estudiar si existe una relación entre el CCNT y esta propiedad. Explicar, ¿Cómo y por qué interfiere la topología de “small world” en el Comportamiento Colectivo no Trivial? Podría explicar la razón por la que ocurre la sincronización de las densidades en los autómatas celulares de Chaté y Manneville.

La tarea de clasificación de densidades (TDC).

Motivación

La tarea de clasificar configuraciones iniciales es una forma de hacer computación con un autómata celular. El clasificar estas configuraciones por sus densidades se le conoce como la tarea de clasificación de densidades (Task Density Classification). Varios esfuerzos por caracterizar y buscar autómatas celulares que resuelvan este problema han sido realizados. En el rubro de la búsqueda se encuentra el trabajo de James P. Crutchfield, Melanie Mitchell et al. [65],[66],[67],[26], quienes se apoyaron de algoritmos genéticos para buscar autómatas celulares que realizan esta tarea. En la línea de caracterización Fuks demostró que en una dimensión no existe una sola regla que resuelve el problema, es necesario combinar dos autómatas celulares para poder clasificar densidades en autómatas celulares unidimensionales de radio uno [43]. Fuks propuso que las reglas de evolución que se deben combinar para resolver el problema son reglas conservativas y mayoritarias. Bajo esta misma pauta Capcarre y Sipper en [16] establecen las condiciones necesarias para que un autómata celular sea capaz de realizar la tarea de clasificación. Estas condiciones consisten en conservar la densidad de las configuraciones durante la evolución y que el número de vecindades que mapean en 1 sea la mitad del total de vecindades. En estos trabajos se ha encontrado que no existe un AC que resuelva la tarea de una manera exacta. Los autómatas celulares que se han encontrado resuelven el problema con cierto grado de aproximación y la búsqueda se ha dirigido en obtener el autómata celular más preciso en resolver el problema. Sin embargo, las búsquedas de estos autómatas se han realizado por medios heurísticos como los algoritmos genéticos y no existe una herramienta analítica que ayude a caracterizar y, por ende, a encontrar de manera más directa²¹ a los autómatas celulares que realizan clasificación. Los polinomios de densidad ofrecen un nuevo enfoque para abordar el problema de la clasificación de densidades. Mediante estos polinomios se pueden diseñar, hacer más eficiente la búsqueda, medir la precisión en la solución del problema y caracterizar los AC que resuelven el problema de TDC.

La tarea de clasificación de las densidades

La tarea de clasificación de densidades consiste en distinguir entre dos configuraciones iniciales donde la mayoría de las células tienen un estado en particular. En este enfoque la configuración inicial es el dato de entrada, la evolución del autómata celular es el proceso y la última configuración se toma como el resultado. Si la configuración inicial tiene un número mayor de células

²¹O al menos reducir el espacio de búsqueda.

en el estado uno, se espera que la salida después de cierto número de pasos de evolución sea una configuración con todas las células en uno. Si la configuración inicial tienen un número mayoritario de células en 0, la configuración resultante deberá ser una configuración con todas sus células en 0 (ver figura 6.16).

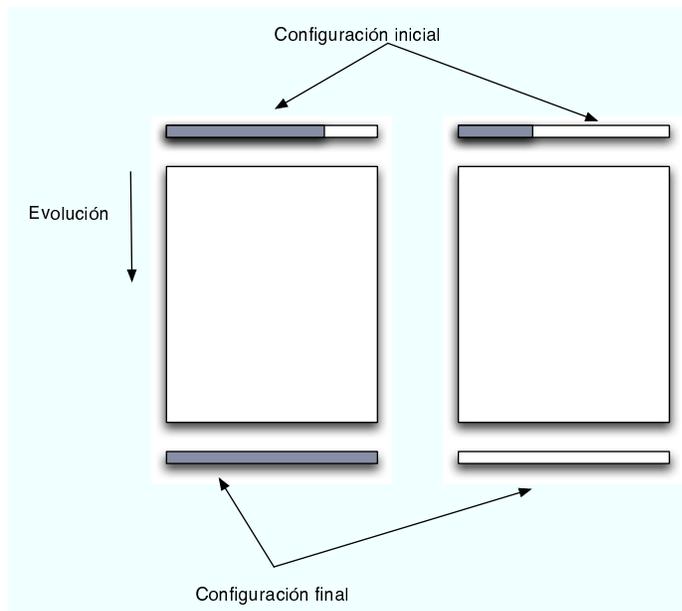


Figura 6.16: La TDC distingue entre configuraciones inicial donde existe mayoría de células en un estado. Si la configuración inicial (ci) tiene mayoría de 1's (izquierda), la configuración final estará llena de 1's. Si la ci tiene mayoría de células en estado 0 (derecha), la configuración final estará llena de 0's.

Propuesta

Partiendo de las caracterizaciones realizadas por Boccara y Fuks en [6] y Sipper en [16], podríamos intentar buscar los polinomios de densidad que representan las reglas conservativas y mayoritarias. A priori sabemos que el polinomio de densidad que caracteriza este problema es una función escalón en el intervalo cerrado $[0,1]$ (ver figura 6.16).

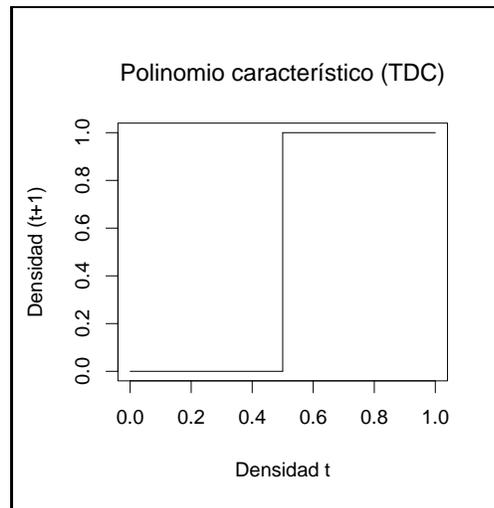


Figura 6.17: Polinomio de densidad característico de la tarea de clasificación de densidades

Diseño de autómatas celulares que conservan sus densidades.

Motivación

Los autómatas celulares que conservan sus densidades (NCCA: Number Conserve Cellular Automata, por sus siglas en inglés) son importantes por las aplicaciones en que son utilizados. Sirven para modelar tráfico [32][63], el flujo de fluidos [8], sistemas abiertos de interacción de partículas [56] y, son parte de la caracterización de los autómatas que llevan a cabo la tarea de la clasificación de las densidades [43]. Los autómatas celulares NCCA tienen como característica conservar el número de células activas después de un número finito de pasos en su evolución.

Boccara y Fuks encontraron las condiciones necesarias y suficientes para que un autómata celular unidimensional de dos estados [6] y cualquier número de estados [7], conserve sus densidades. Y utilizaron esta caracterización para determinar todos los autómatas celulares NCCA en 1D con pocos estados y pequeñas vecindades. Durand en [30] propuso una generalización de caracterización de los NCCA en 2 y d dimensiones.

Los polinomios de densidad caracterizan los NCCA y proponen determinarlos para cualquier dimensión, número de estados y tamaño de vecindad. Es de interés comparar esta propuesta con los resultados obtenidos por Boccara et al. y Durand et al. y analizar si existe una contribución

en este nuevo enfoque.

Propuesta

En términos de los polinomios de densidad se sabe que un NCCA de cualquier dimensión, número de estados y tamaño de la vecindad es caracterizado por la función de densidad de la figura 6.18.

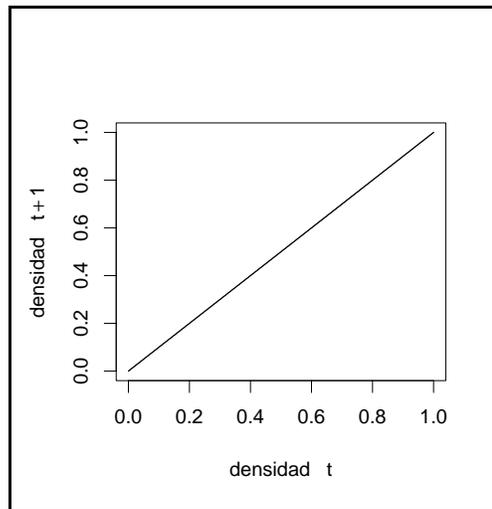


Figura 6.18: Polinomio de densidad que caracteriza un NCCA.

Para cualquier configuración inicial se debe mantener su densidad después de n pasos en su evolución, lo que implica que el polinomio de densidad es una diagonal.

Apéndice A

Atlas de polinomios de densidad en autómatas celulares unidimensionales

El apéndice está organizado en 10 áreas:

1. El número de la regla en decimal.
2. El número de la regla en binario.
3. El espacio de fase.
4. El árbol de preimágenes.
5. Los coeficientes de los polinomios de densidad en el contexto del triángulo de Pascal.
6. El diagrama de *de Bruijn*.
7. Las gráficas de los polinomios de densidad.
8. La serie de tiempo de las densidades.
9. Los polinomios de densidad y
10. La densidad en que se estabiliza el autómata celular

Esta información es dada para los 88 autómatas celulares representativos en una dimensión de dos estados y radio 1. La figura A.1 muestra el lugar en que se encuentran estas 10 áreas que a continuación se describen.

1) **No. de regla en decimal.** Es el número decimal de acuerdo a la notación de Stephen Wolfram. Esta consiste en la conversión de la cadena binaria que forma el mapeo de la regla de evolución (vecindad \mapsto estado) a su número decimal correspondiente, considerando los dígitos de izquierda a derecha de mayor a menor valor significativo, con el siguiente orden de las vecindades $\{111, 110, 101, 100, 011, 010, 001, 000\}$.

El número que Wolfram propone a la regla de evolución está dado por la ecuación A.1.

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

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

De manera que si se desea calcular el decimal correspondiente al siguiente mapeo: $\{0,1,1,0,1,1,1,0\}$ se tiene que:

Cuadro A.1: Cálculo del número asociado a las reglas de evolución

$I(B)$	B : vecindad	$\varphi(B)$	$\varphi(B)k^{I(B)}$
7	111	$\varphi(111) \rightarrow 0$	$0 \times 2^7 = 0$
6	110	$\varphi(110) \rightarrow 1$	$1 \times 2^6 = 64$
5	101	$\varphi(101) \rightarrow 1$	$1 \times 2^5 = 32$
4	100	$\varphi(100) \rightarrow 0$	$0 \times 2^4 = 0$
3	011	$\varphi(011) \rightarrow 1$	$1 \times 2^3 = 8$
2	010	$\varphi(010) \rightarrow 1$	$1 \times 2^2 = 4$
1	001	$\varphi(001) \rightarrow 1$	$1 \times 2^1 = 2$
0	000	$\varphi(000) \rightarrow 0$	$0 \times 2^0 = 0$
Número asociado			$\rightarrow 110$

-
- 2) **No.de regla en binario.** Es la cadena de mapeos de la regla de evolución de acuerdo al siguiente orden $\{111,110,101,100,011, 010, 001, 000\}$. De aquí que la cadena de dígitos $\{0, 1, 1, 0, 1, 1, 1, 0\}$ corresponde al mapeo: $\{111 \mapsto 0, 110 \mapsto 1, 101 \mapsto 1, 100 \mapsto 0, 011 \mapsto 1, 010 \mapsto 1, 001 \mapsto 1, 000 \mapsto 0\}$.
- 3) **Espacio Fase** Muestra la evolución del autómata celular a partir de una configuración inicial aleatoria.
- 4) **Árbol de preimágenes.** Los árboles de preimágenes de los autómatas celulares muestran la relación entre las distintas generaciones de preimágenes del estado 1. La raíz del árbol es el estado 1 y las ramas que surgen de éste, conectan a los nodos que son preimágenes del estado 1, es decir a las vecindades que mapean en este estado. Las ramas que surgen de las vecindades conectan a las preimágenes de las vecindades y así sucesivamente. Se tiene entonces un esquema gráfico de la proliferación de las preimágenes y de la manera en que proliferan. Para los casos en que el árbol de preimágenes es suficiente para determinar la convergencia de la sucesión de polinomios de densidad al final se presenta la densidad en que converge a través de la relación entre preimágenes reales y posibles en las distintas generaciones del árbol de preimágenes.
- 5) **Coefficientes de los polinomios en el triángulo de Pascal.** Permite estudiar con detalle la relación que existe entre los coeficientes de los polinomios de densidad y el triángulo de Pascal. Esta relación permite establecer la convergencia de los polinomios de densidad aprovechando las propiedades del triángulo de Pascal y determinar el patrón que siguen los coeficientes dentro del triángulo.
- 6) **El diagrama de *Bruijn*.** El diagrama de *de Bruijn* es la representación gráfica de la regla de evolución. Mediante ellos calculamos las preimágenes de los autómatas celulares, mismas que nos permitieron obtener los polinomios de densidad que caracterizan la densidad de los autómatas celulares.
- 7) **Gráfica de los polinomios de densidad.** Mediante las gráficas de los polinomios es posible ver el comportamiento de las densidades en todo el espectro de 0 a 1. Para cualquier densidad de la configuración inicial se tiene el promedio del comportamiento de la densidad en que se estabilizará. La densidad en que se estabiliza el autómata celular es el área bajo la curva del polinomio en cuestión. Pueden existir entonces dos polinomios distintos (o teóricamente más) que caracterizan un solo comportamiento siempre y cuando su área coincida. Cuando el polinomio de densidad no se haya determinado analíticamente se asume que la gráfica es resultado de una aproximación realizada con el método de Monte Carlo.

- 8) Series de tiempo.** En esta parte se muestra el comportamiento de las densidades a través de las evoluciones del autómata celular. Esta gráfica es muy útil sobre todo cuando no se tiene el dato preciso de la densidad final. En la serie de tiempo se muestra el comportamiento aproximado por el método de Monte Carlo de las densidades del autómata celular.
- 9) Polinomios de densidad.** Los polinomios de densidad caracterizan el comportamiento de las densidades de los autómatas celulares. En el caso unidimensional con vecindad de tamaño tres y dos estados se tienen básicamente dos comportamientos: el comportamiento cíclico de periodo dos y de punto fijo. Para los autómatas celulares de periodo dos se tienen los polinomios que caracterizan a cada uno. En el caso del punto fijo se tiene un polinomio que caracteriza la densidad en que se estabiliza el autómata celular y en algunos casos dos polinomios que aunque son distintos tienen la misma área.
- 10) Densidad.** Es esta sección se muestra la densidad precisa o aproximada donde se estabiliza el autómata celular. Si el dato es aproximado se indica la generación en que se tiene la aproximación. Si el dato es preciso se informa la generación donde converge la sucesión de polinomios de densidad. También se indica cuando la densidad es producto de dos polinomios distintos, cuando el comportamiento es periódico y su ciclo correspondiente, o cuando es oscilatorio en el caso de tratarse de una aproximación. Si la convergencia se logró mediante el árbol de preimágenes se muestra el límite de la relación entre las preimágenes reales y las preimágenes posibles.

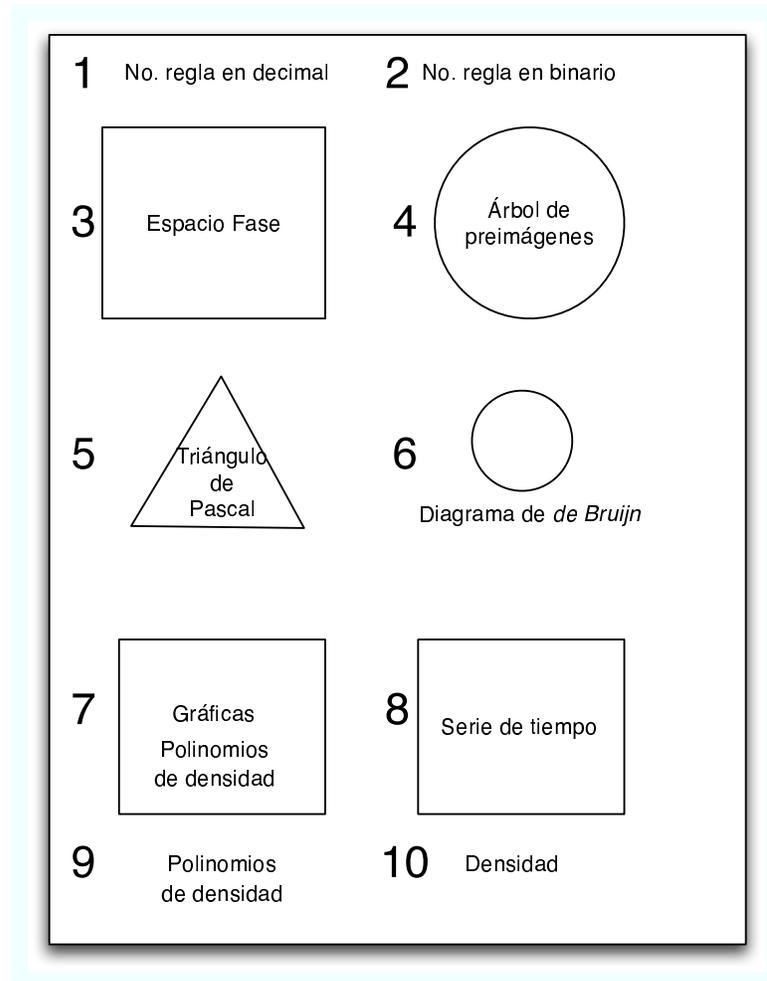
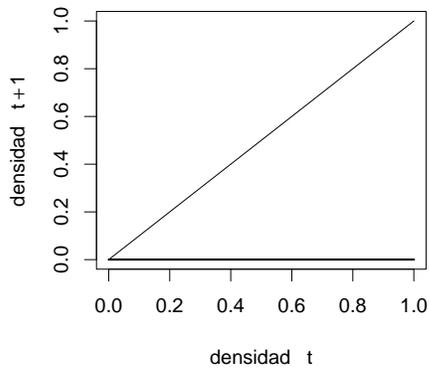
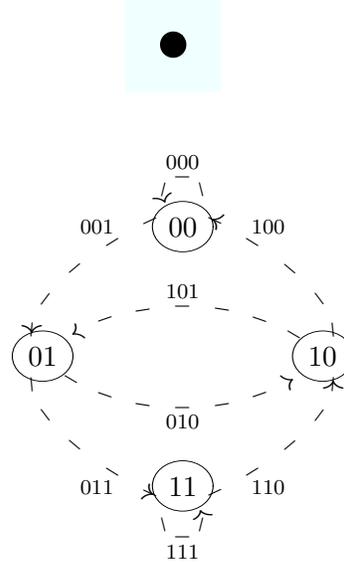
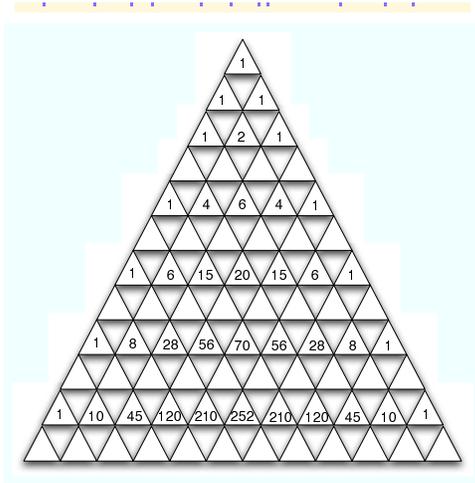


Figura A.1: Orden en que se presenta la información de cada autómeta celular.

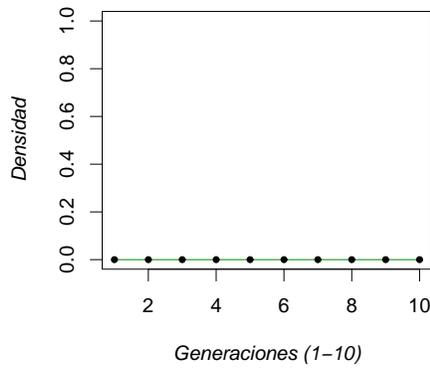
Hoja en blanco.

Regla: 0

{0,0,0,0,0,0,0}



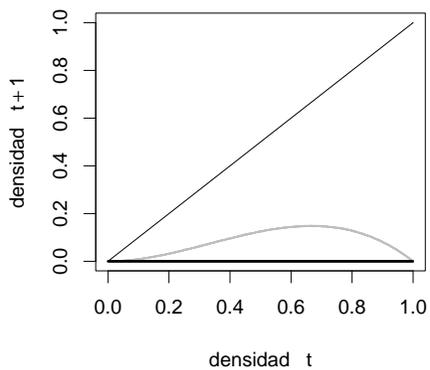
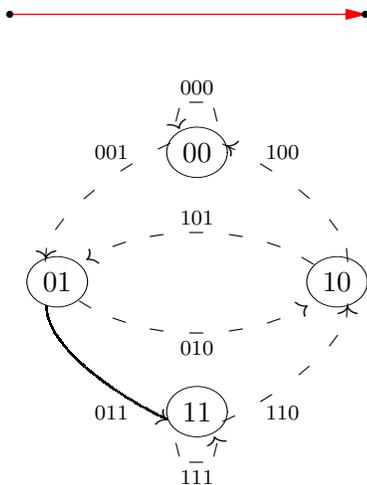
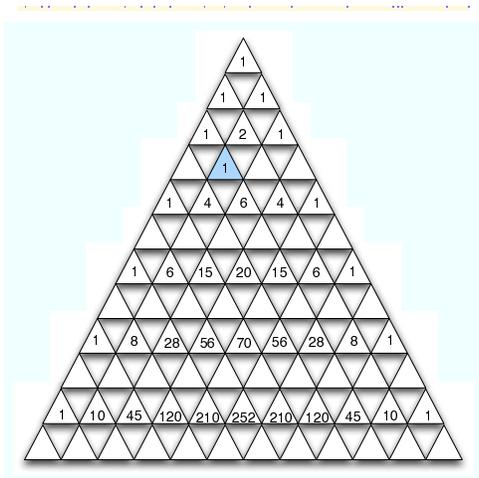
$f(p) = 0$



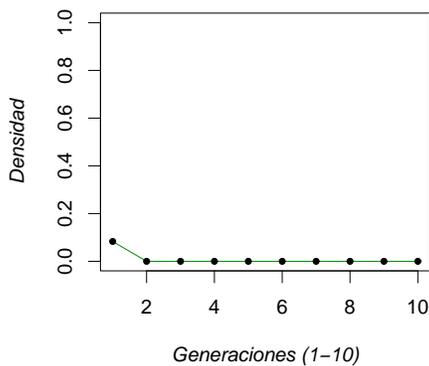
Densidad: 0.
 $\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{0}{2^{2n+1}} = 0.$

Regla: 8

{0,0,0,0,1,0,0,0}



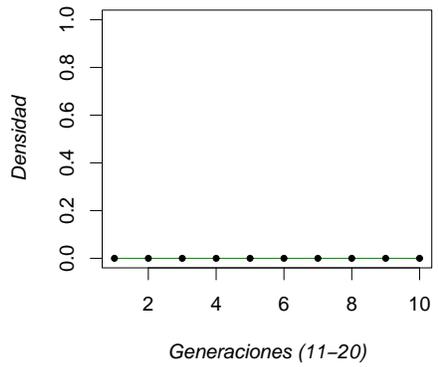
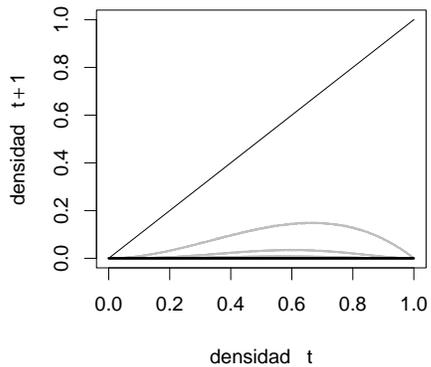
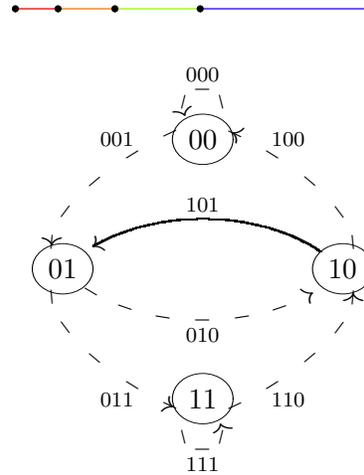
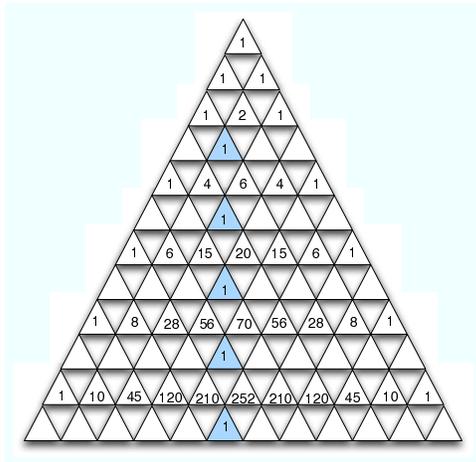
$$f(p) = 0$$



Densidad: 0.
 $\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{0}{2^{2n+1}} = 0.$

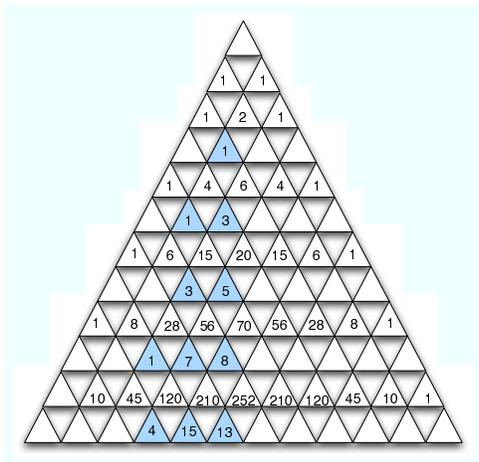
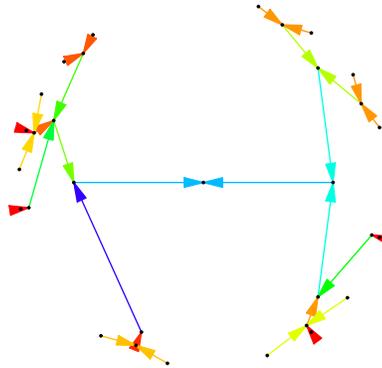
Regla: 32

{0,0,1,0,0,0,0,0}



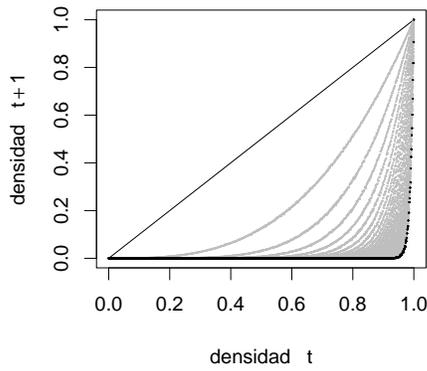
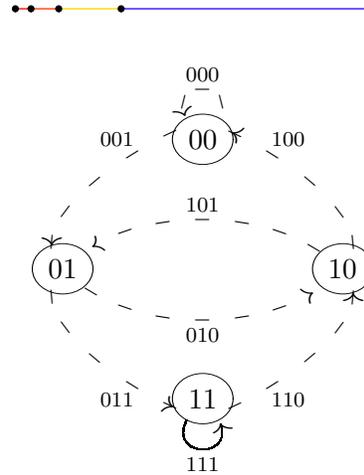
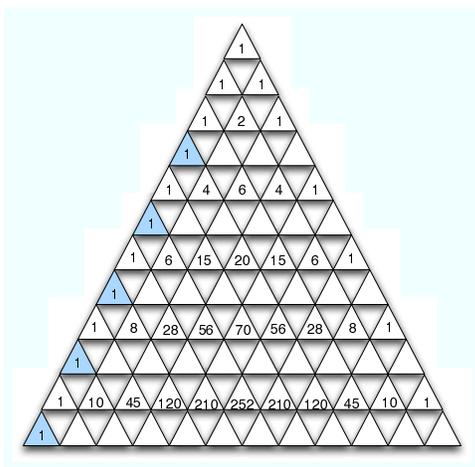
Regla: 40

{0,0,1,0,1,0,0,0}

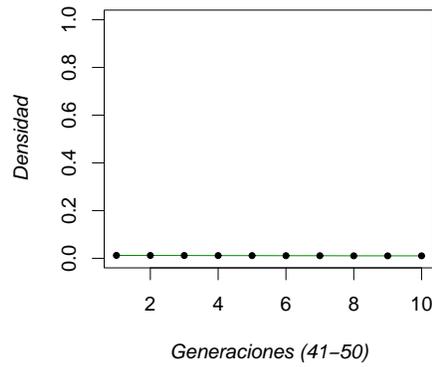


Regla: 128

{1,0,0,0,0,0,0,0}



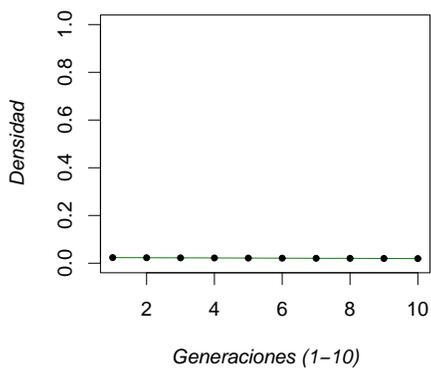
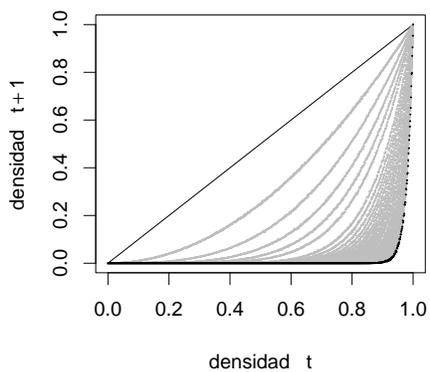
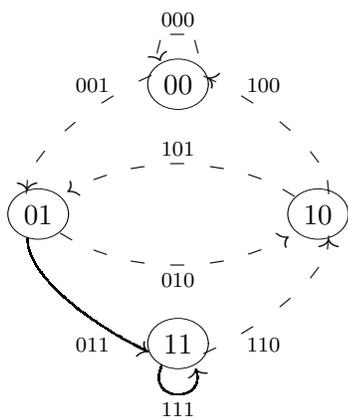
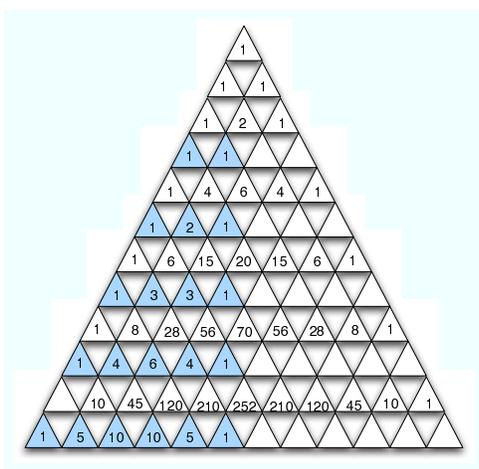
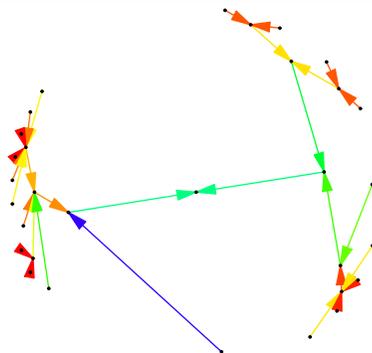
$$f(p) = 0$$



Densidad: 0.
 $\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1}{2^{2n+1}} = 0.$

Regla: 136

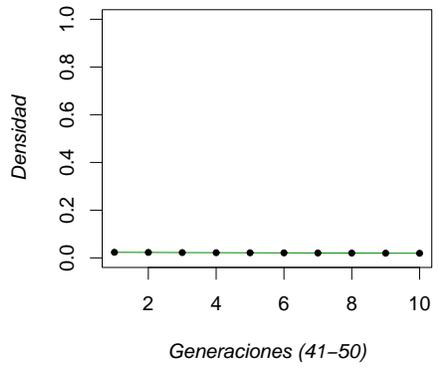
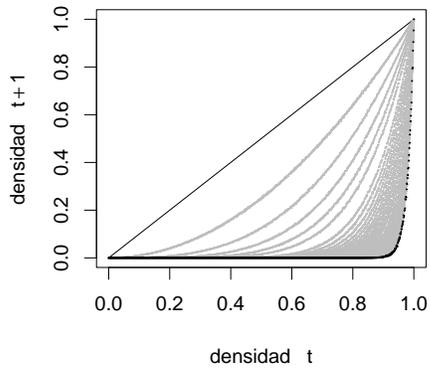
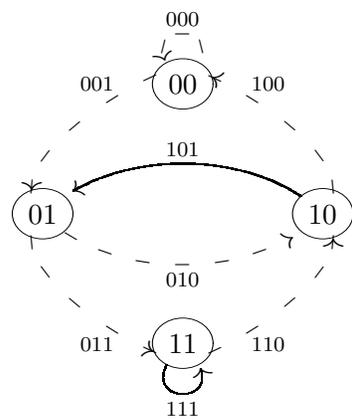
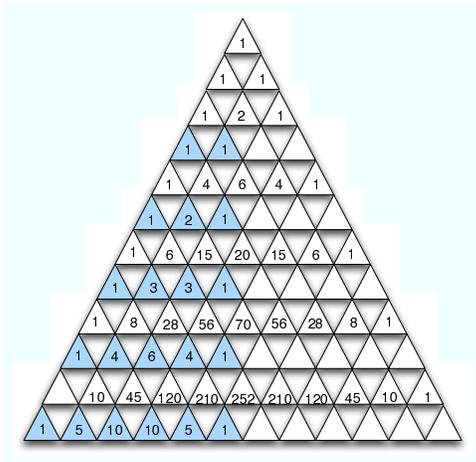
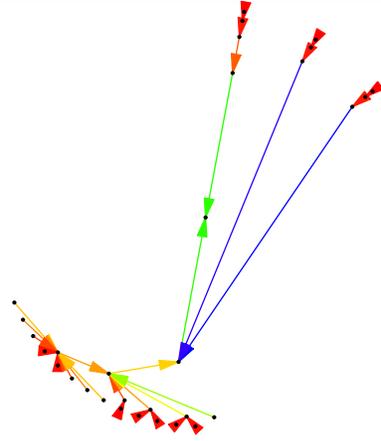
{1,0,0,0,1,0,0,0}



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

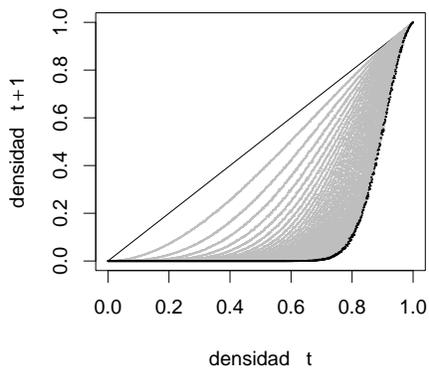
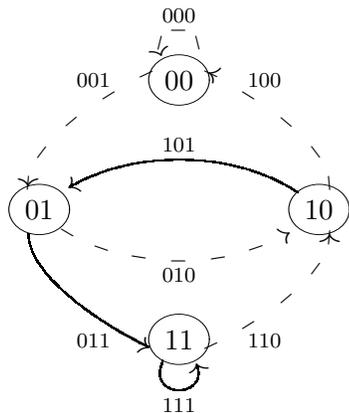
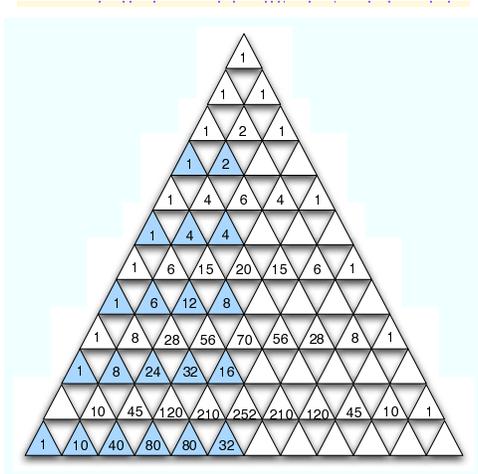
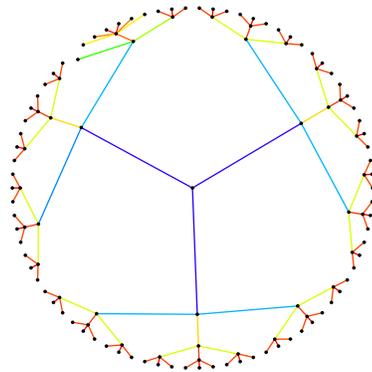
Regla: 160

{1,0,1,0,0,0,0,0}

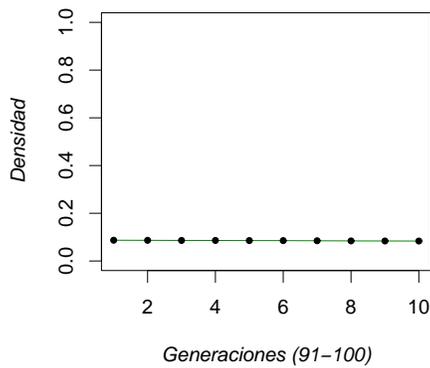


Regla: 168

{1,0,1,0,1,0,0,0}



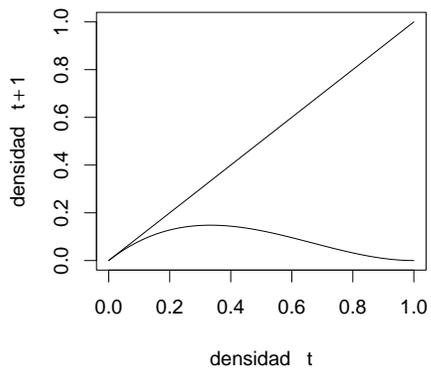
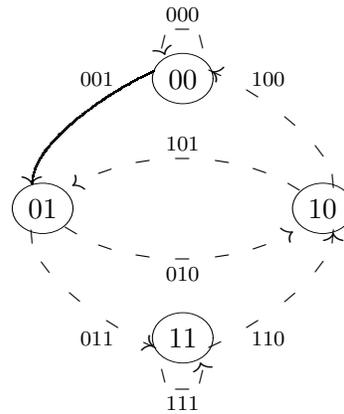
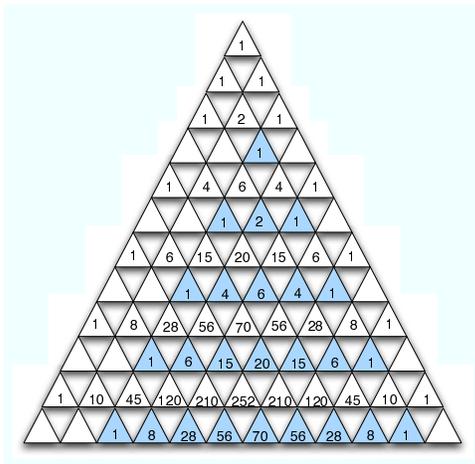
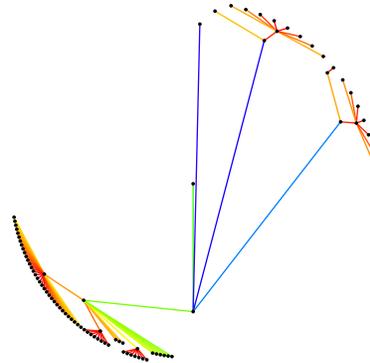
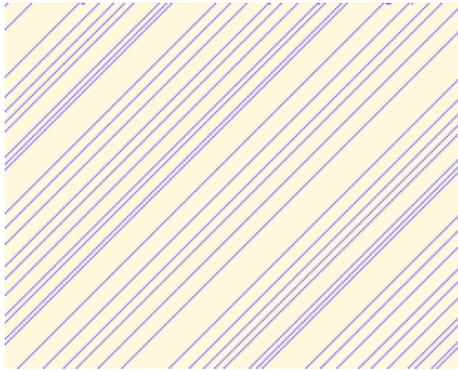
$$f(p) = 0$$



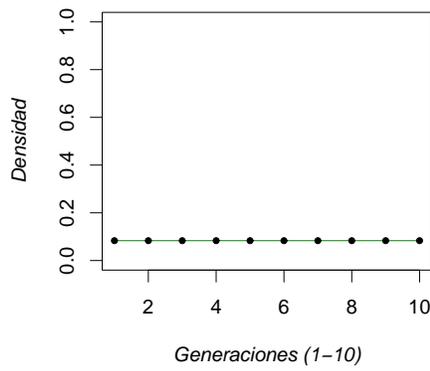
Densidad: 0.
 $\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{3^n}{2^{2n+1}} = 0.$

Regla: 2

{0,0,0,0,0,1,0}



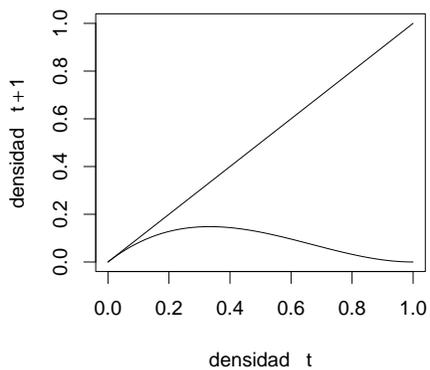
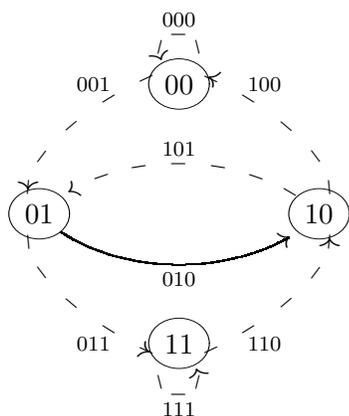
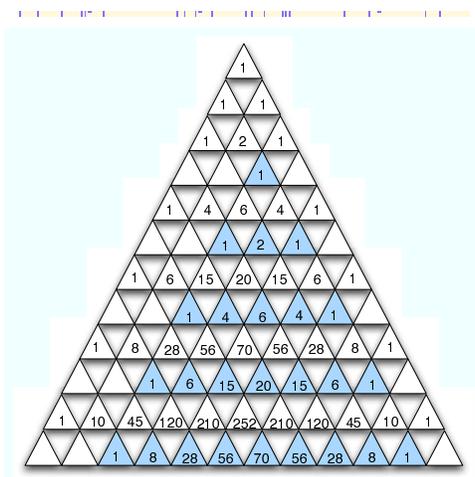
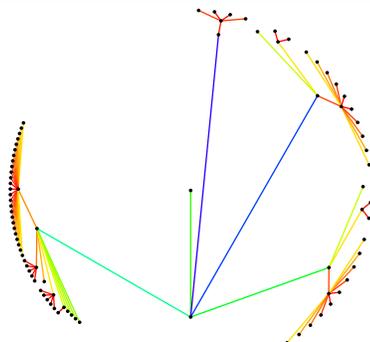
$$f(p) = q^2 p$$



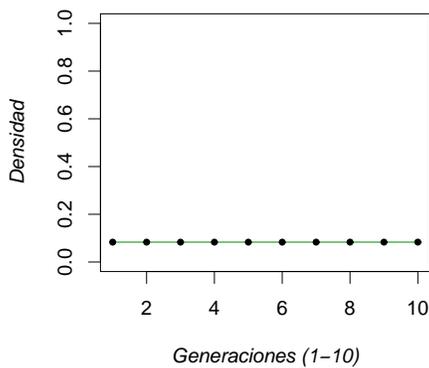
Generación: 1.
Densidad: 0.0833333 \mapsto (1/12).

Regla: 4

{0,0,0,0,0,1,0,0}



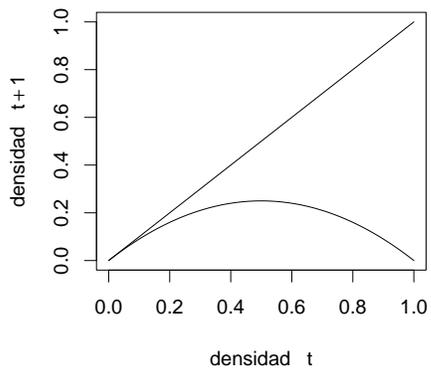
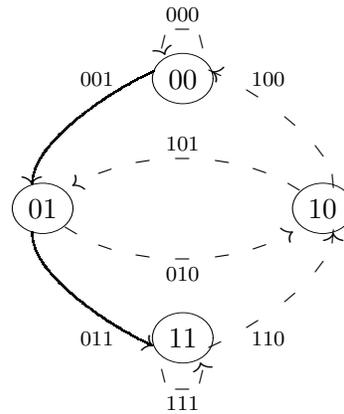
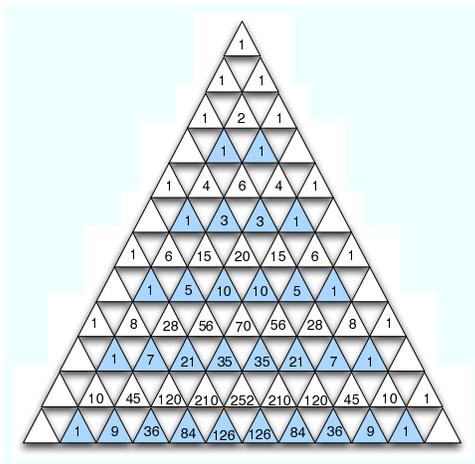
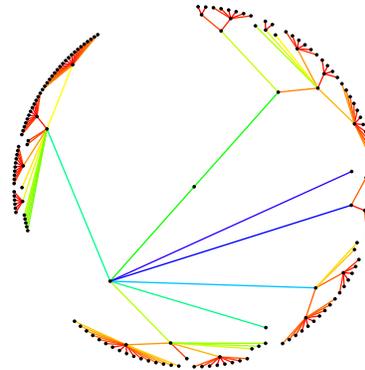
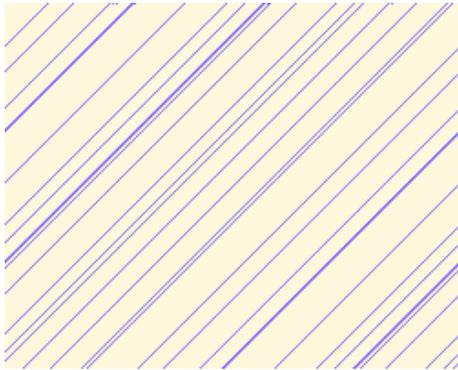
$$f(p) = q^2 p$$



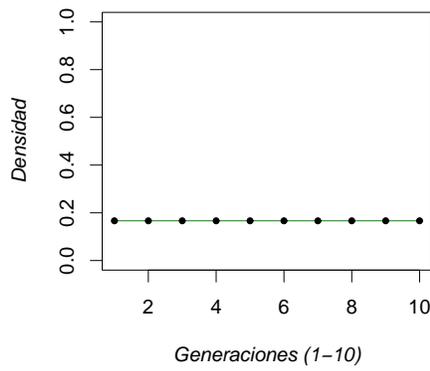
Generación: 1.
 Densidad: 0.0833333 \mapsto (1/12).

Regla: 10

{0,0,0,0,1,0,1,0}



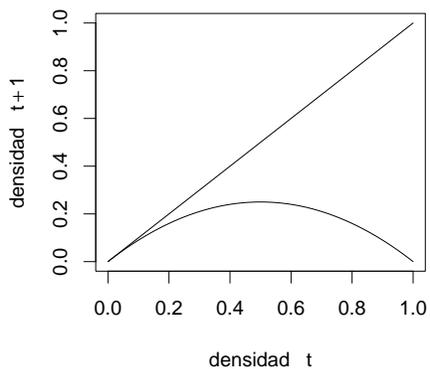
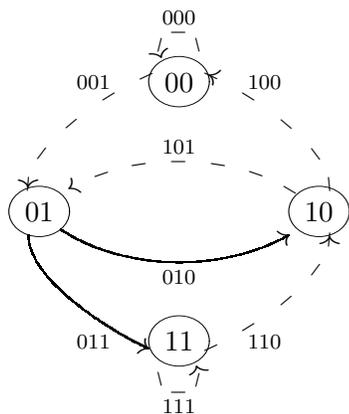
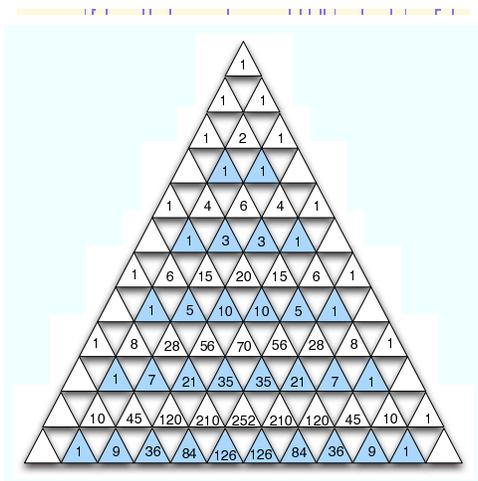
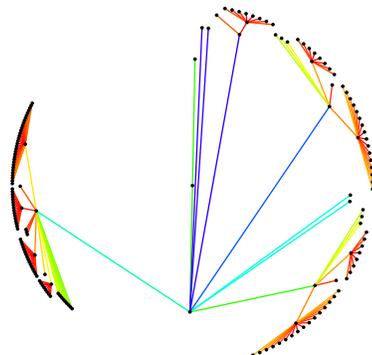
$$f(p) = pq^2 + p^2q$$



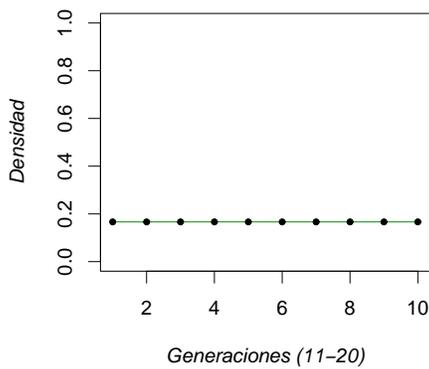
Generación: 1.
Densidad: 0.166667 \mapsto (1/6).

Regla: 12

{0,0,0,0,1,1,0,0}



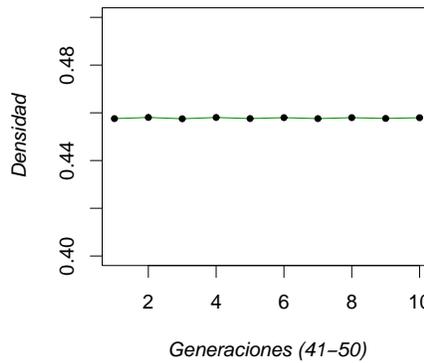
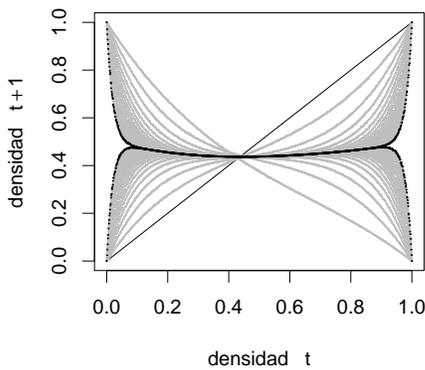
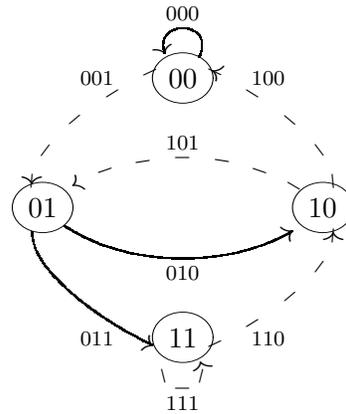
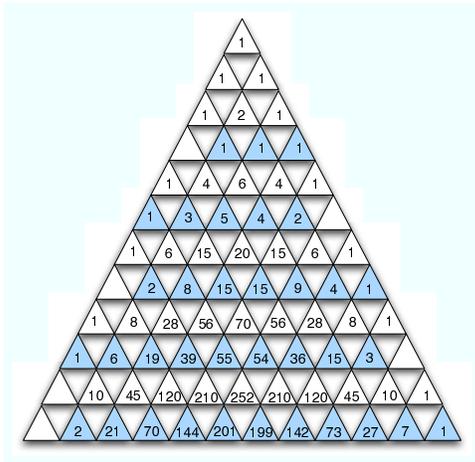
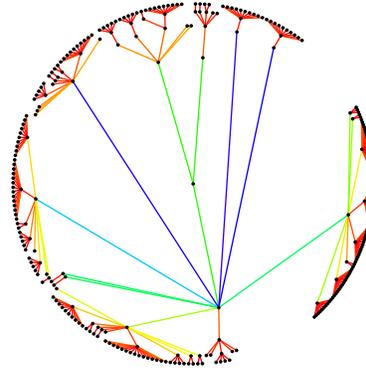
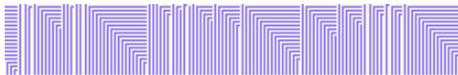
$$f(p) = pq^2 + p^2q$$



Generación: 1.
 Densidad: 0.166667 \mapsto (1/6).

Regla: 13

{0,0,0,0,1,1,0,1}

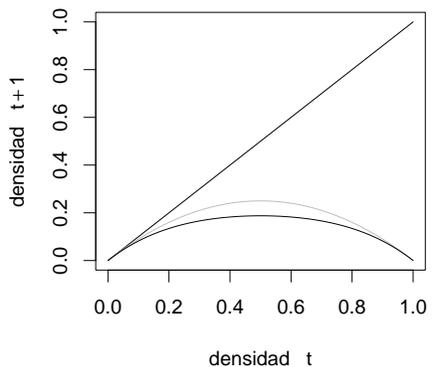
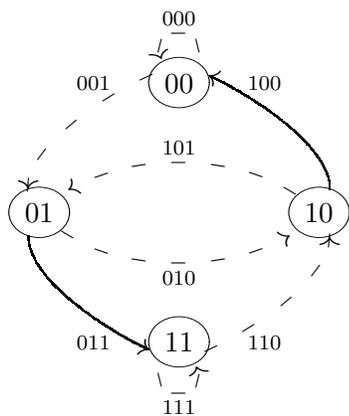
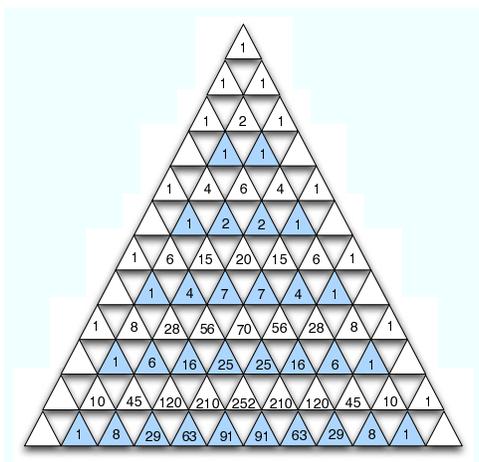
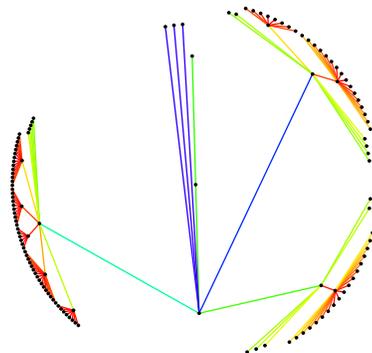
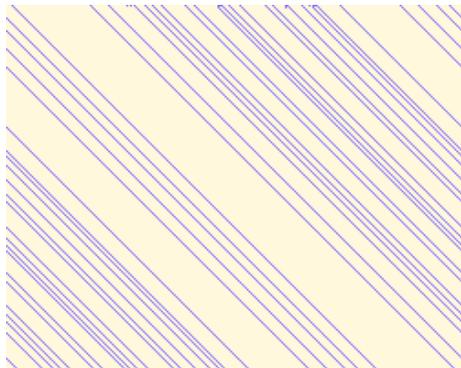


Función de densidad no determinada.

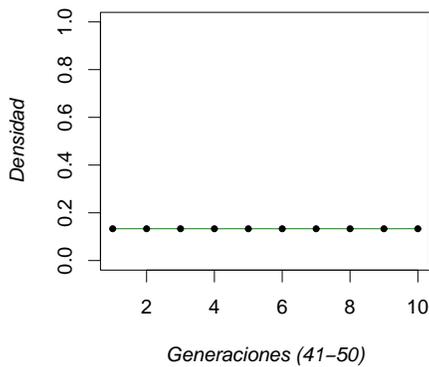
Generación: 50.
 Densidad aproximada: 0.457944
 Dos funciones, una densidad.

Regla: 24

{0,0,0,1,1,0,0,0}



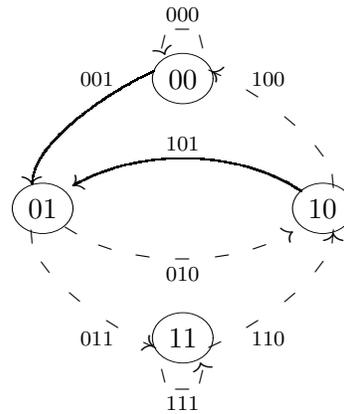
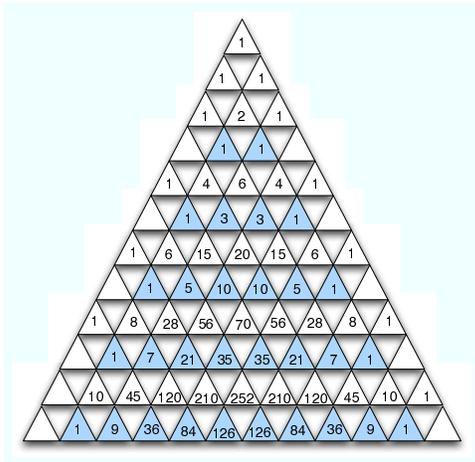
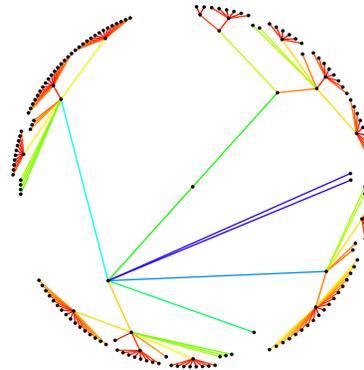
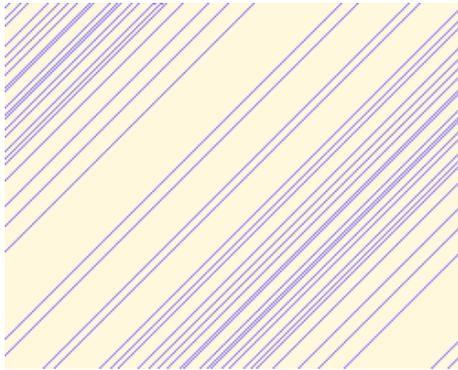
$$f(p) = q^4 p + 2q^3 p^2 + 2q^2 p^3 + qp^4$$



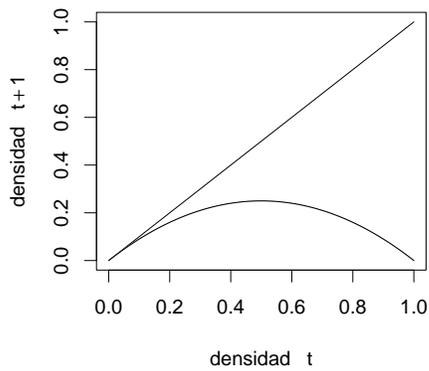
Generación: 2
 Densidad: 0.133333 \mapsto (2/5).

Regla: 34

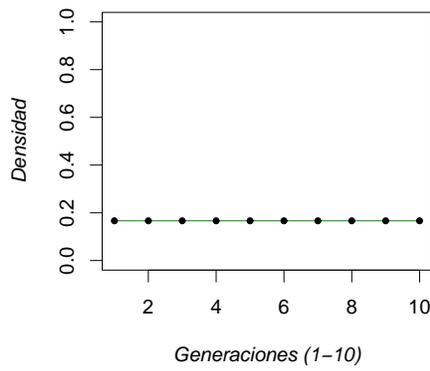
{0,0,1,0,0,0,1,0}



34



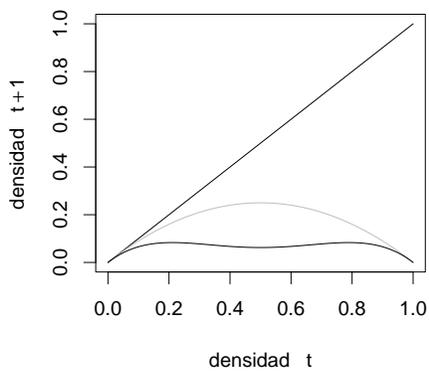
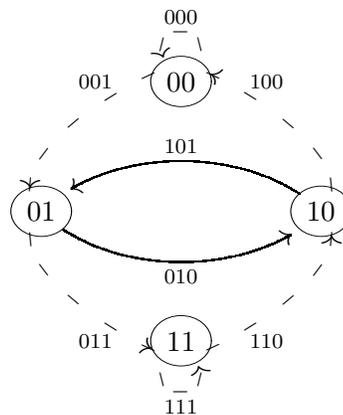
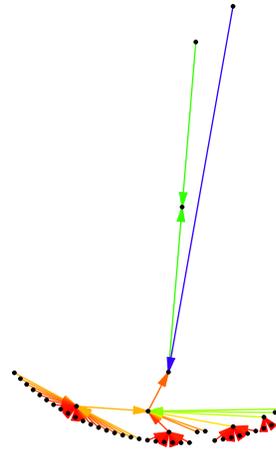
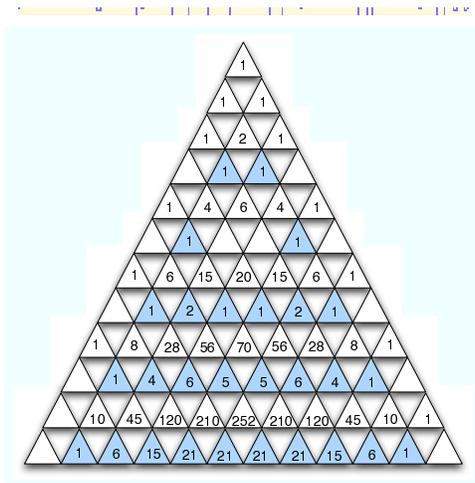
$$f(p) = pq^2 + p^2q$$



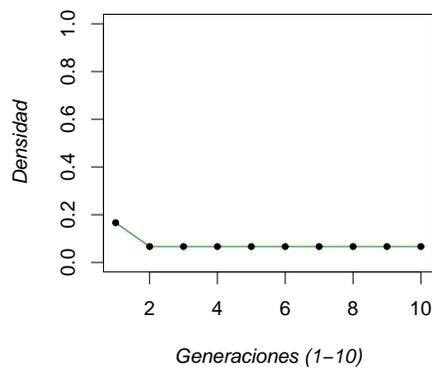
Generación: 1
 Densidad: 0.166667 \mapsto (1/6).

Regla: 36

{0,0,1,0,0,1,0,0}



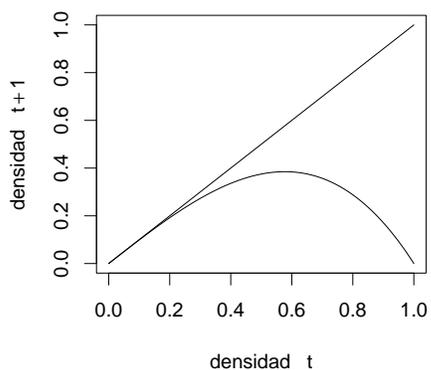
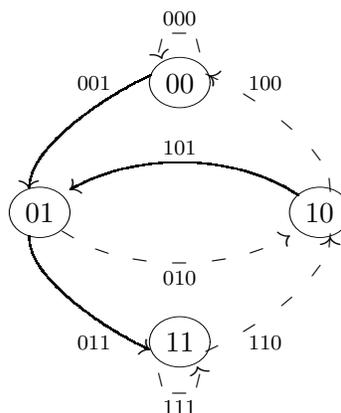
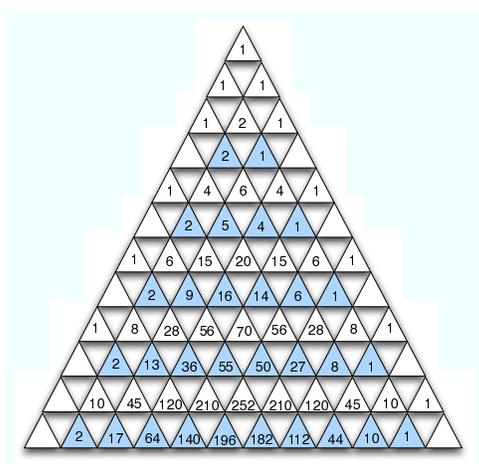
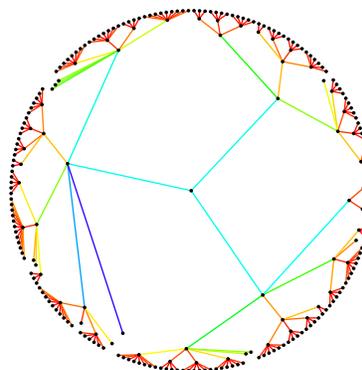
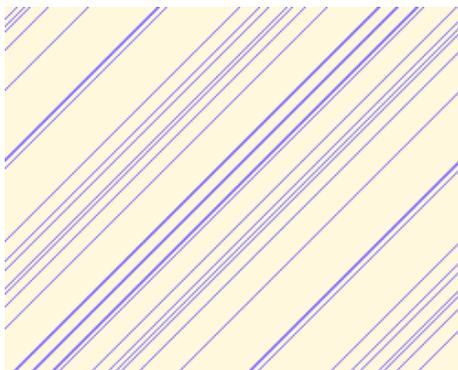
$$f(p) = pq^4 + p^4q$$



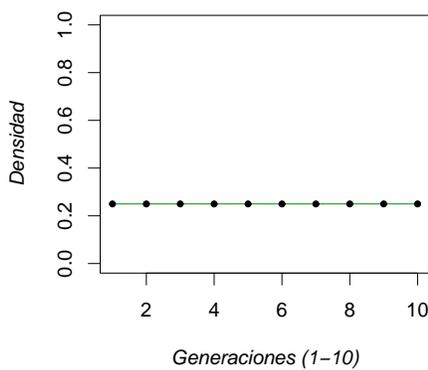
Generación: 2
 Densidad: 0.0666 \mapsto (1/15).

Regla: 42

{0,0,1,0,1,0,1,0}



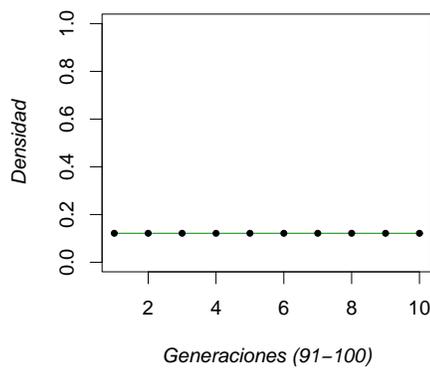
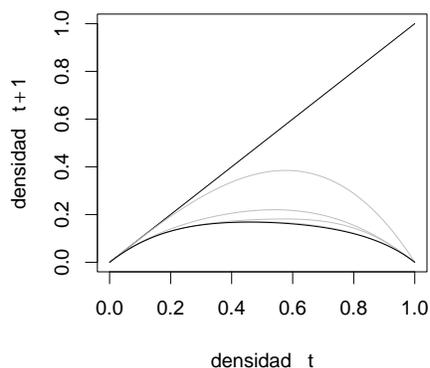
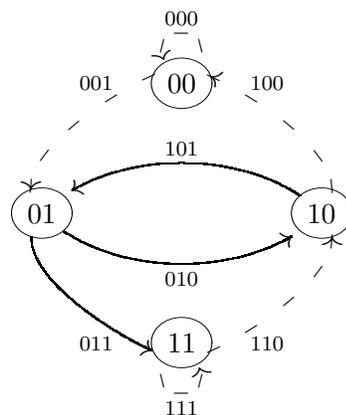
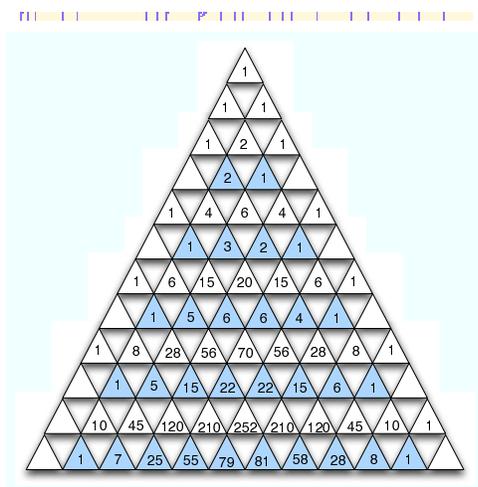
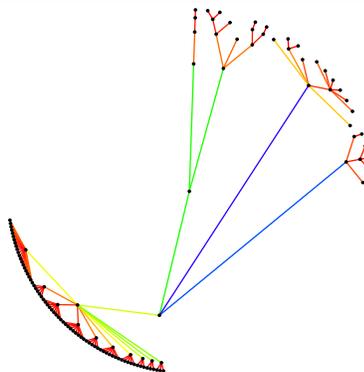
$$f(p) = pq^2 + 2p^2q$$



Generación: 1
Densidad: 0.25

Regla: 44

{0,0,1,0,1,1,0,0}

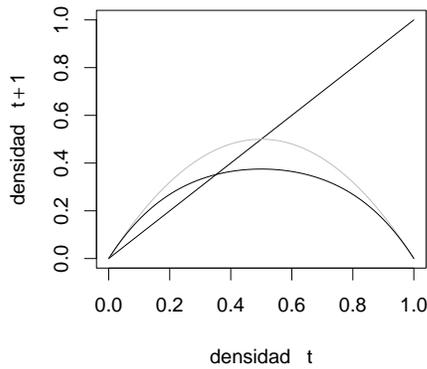
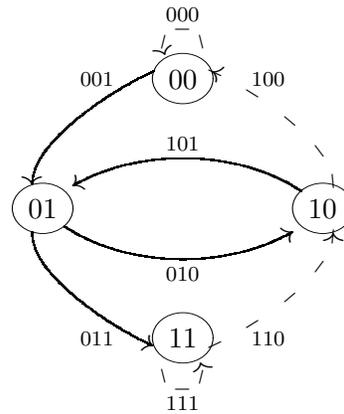
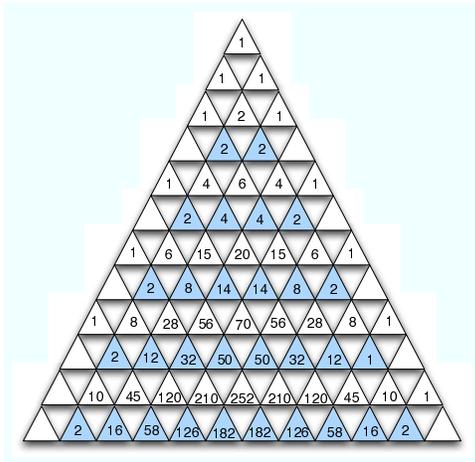
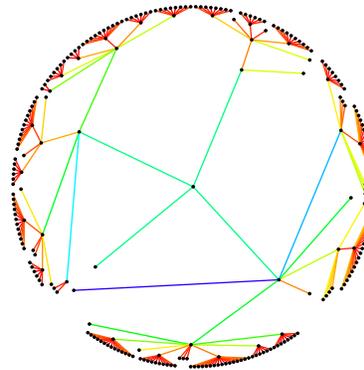
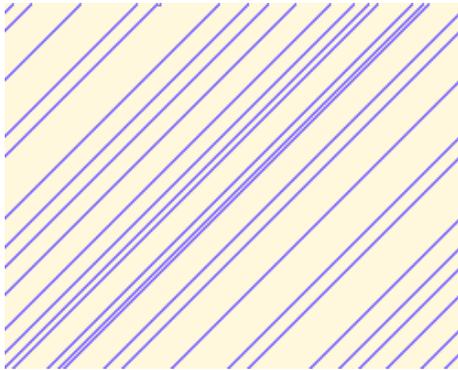


$$f(p) = pq^{10} + 8p^2q^9 + 28p^3q^8 + 58p^4q^7 + 81p^5q^6 + 79p^6q^5 + 55p^7q^4 + 25p^8q^3 + 7p^9q^2 + p^{10}q$$

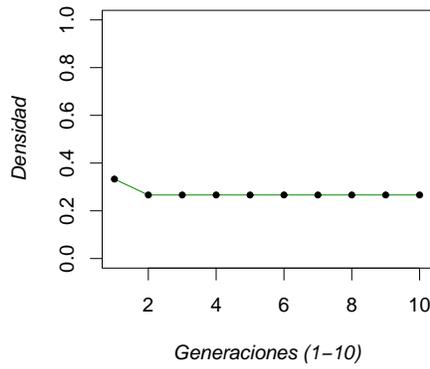
Generación: 5
 Densidad: 0.122042 \mapsto (3383/27720).

Regla: 46

{0,0,1,0,1,1,1,0}



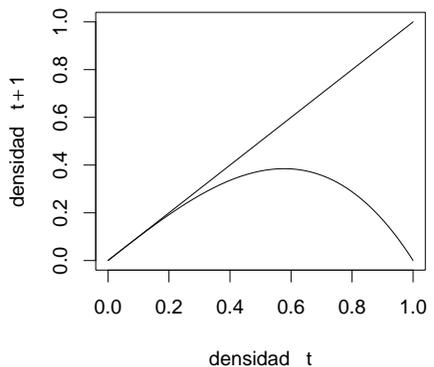
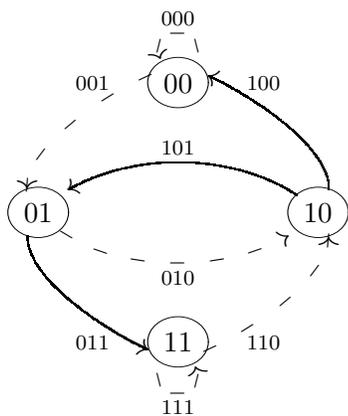
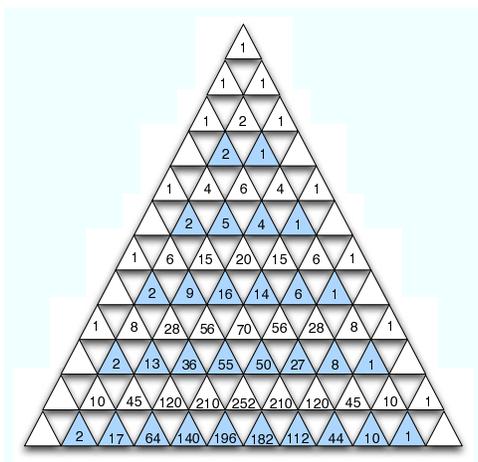
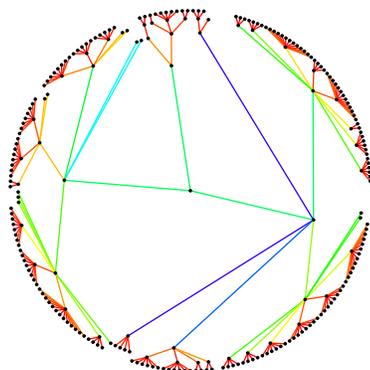
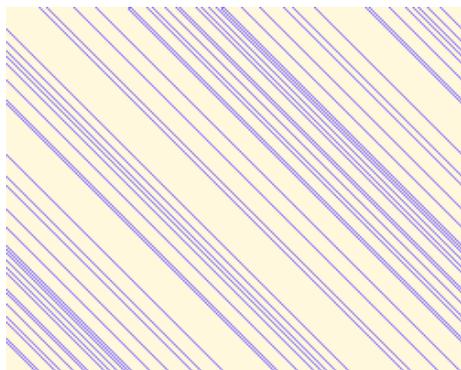
$$f(p) = 2pq^4 + 4p^2q^3 + 4p^3q^2 + 2p^4q$$



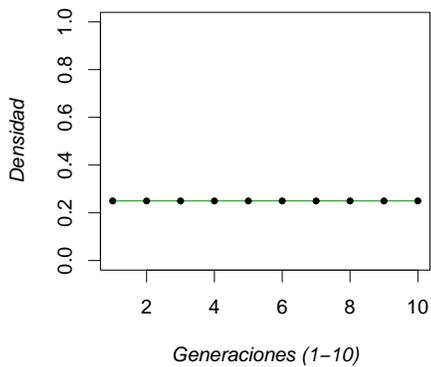
Generación: 2.
 Densidad: 0.266667 \mapsto (4/15).

Regla: 56

{0,0,1,1,1,0,0,0}



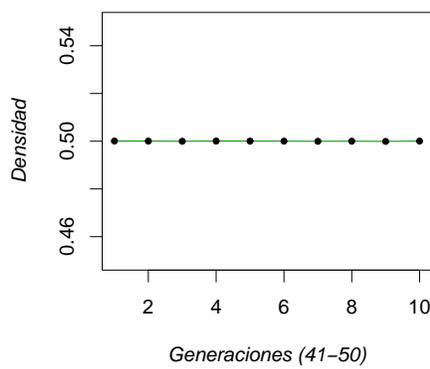
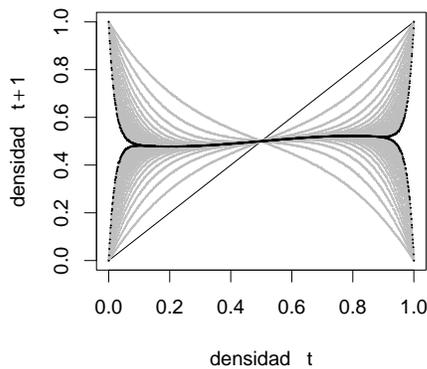
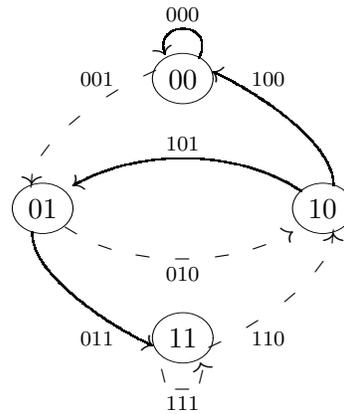
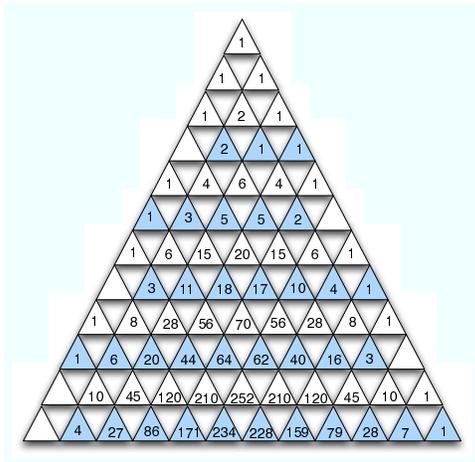
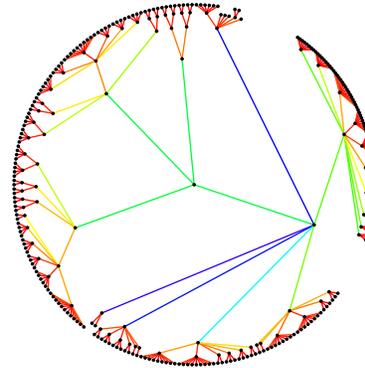
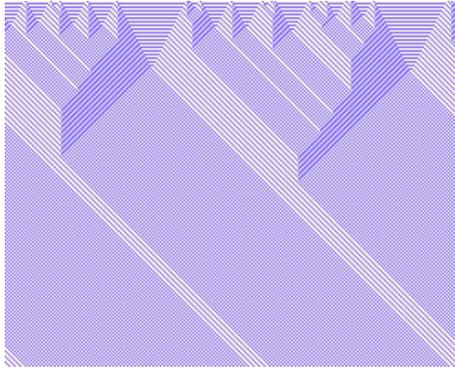
$$f(p) = pq^2 + 2p^2q$$



Generación: 1
Densidad: 0.25 \mapsto (1/4).

Regla: 57

{0,0,1,1,1,0,0,1}

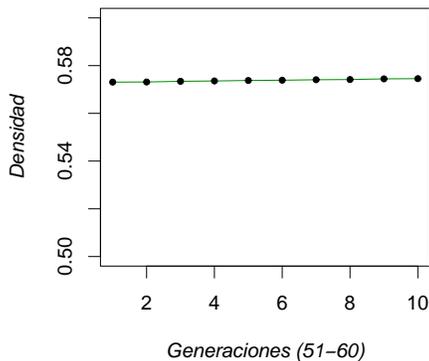
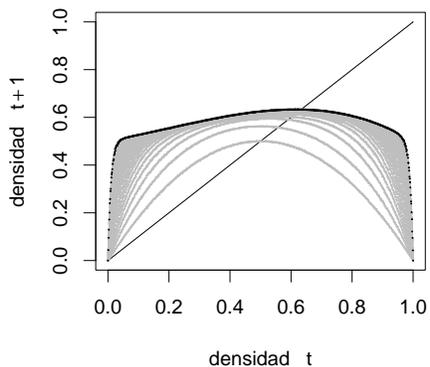
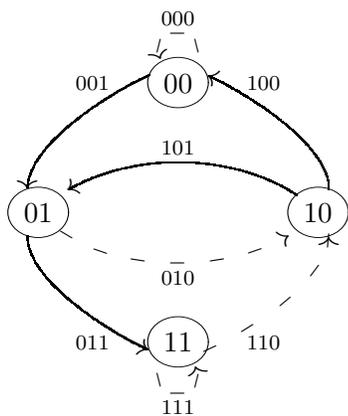
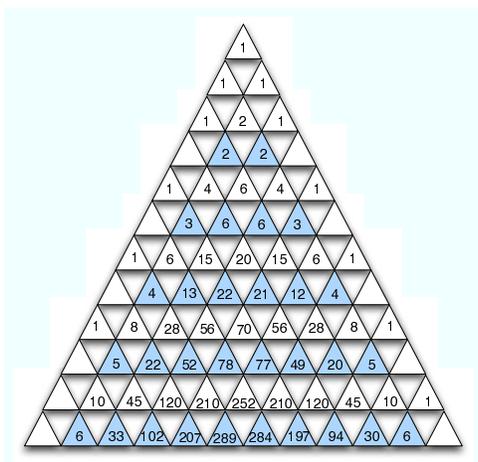
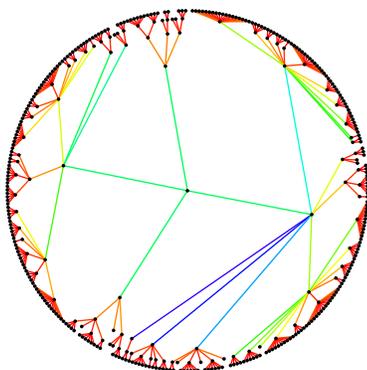
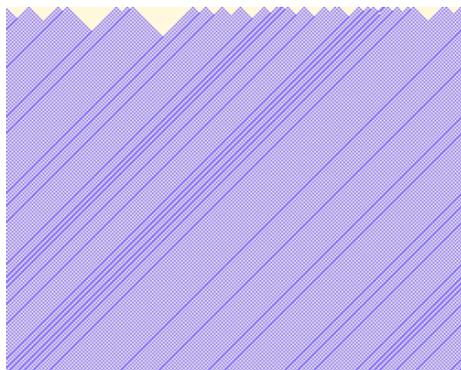


$$f(p) = q^3 + q^2p + 2qp^2 + 2q^4p + 5q^3p^2 + 5q^2p^3 + 3qp^4 + p^5$$

Generación: 49 y 50.
 Densidad aproximada: 0.5
 Dos funciones, una densidad.
 Convergencia por complemento

Regla: 58

{0,0,1,1,1,0,1,0}



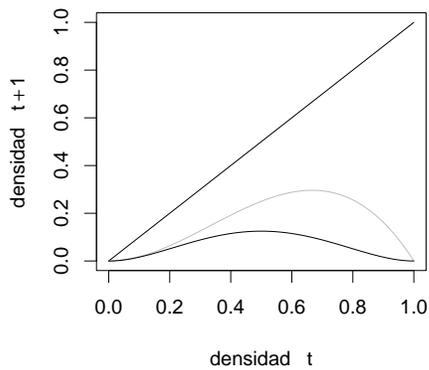
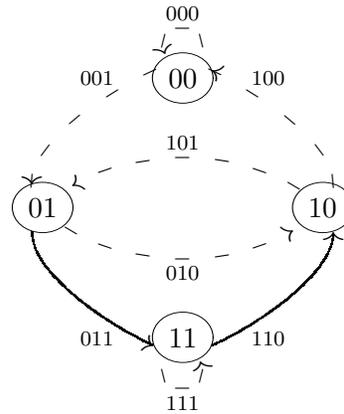
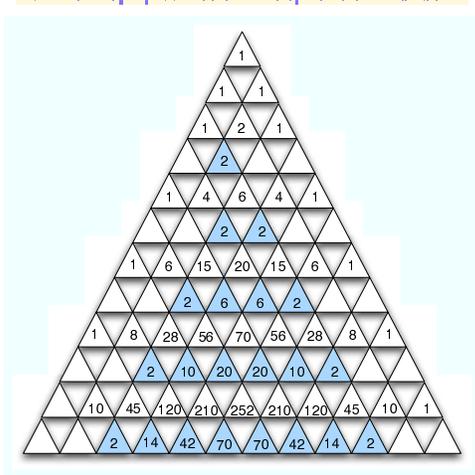
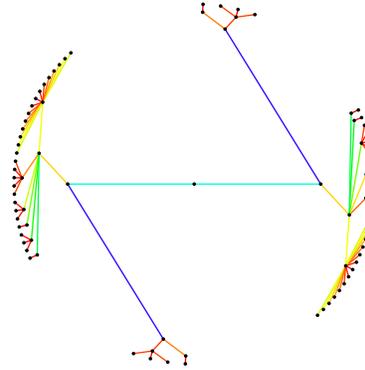
$$f(p) = q^3 + q^2p + 2qp^2$$

$$f(p) = 3q^4p + 5q^3p^2 + 5q^2p^3 + 2qp^4 + p^5$$

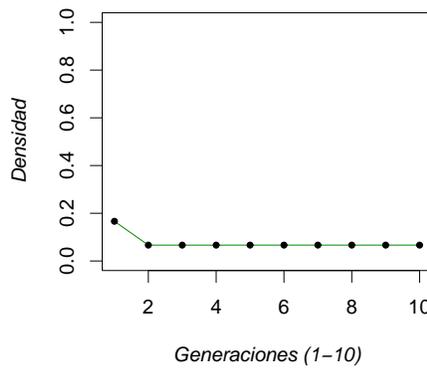
Generación: 51 y 60.
 Densidad aproximada: 0.572891
 Convergencia por complemento.

Regla: 72

{0,1,0,0,1,0,0,0}



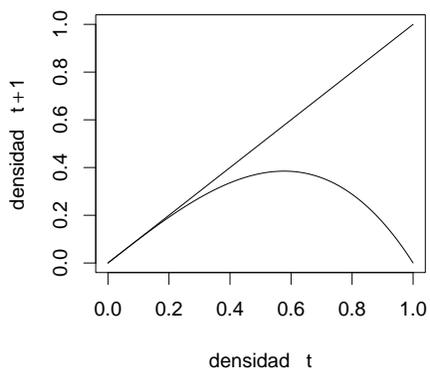
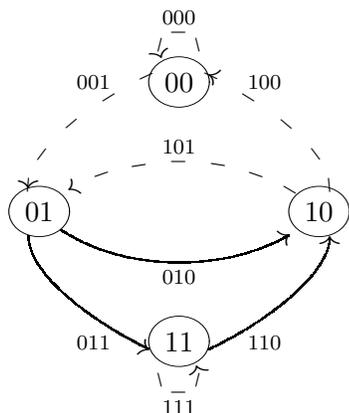
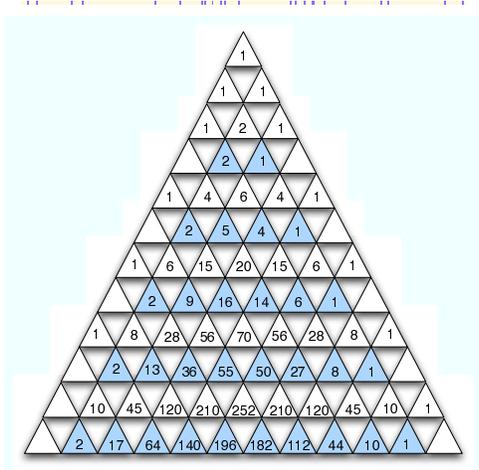
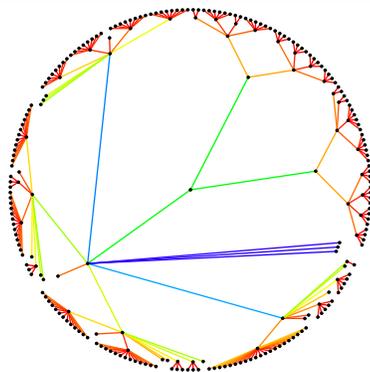
$$f(p) = 2p^2q^3 + 2p^3q^2$$



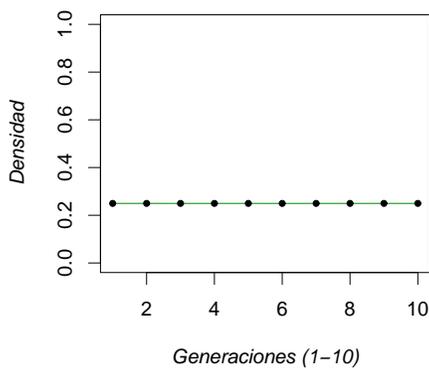
Generación: 2
 Densidad: 0.0666667 \mapsto (1/15).

Regla: 76

{0,1,0,0,1,1,0,0}



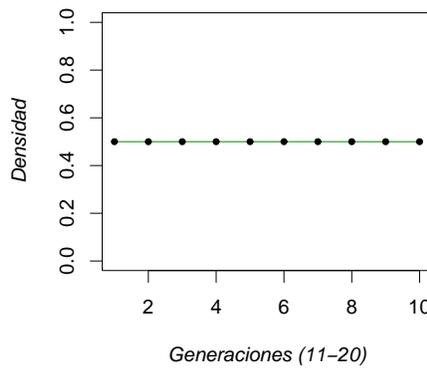
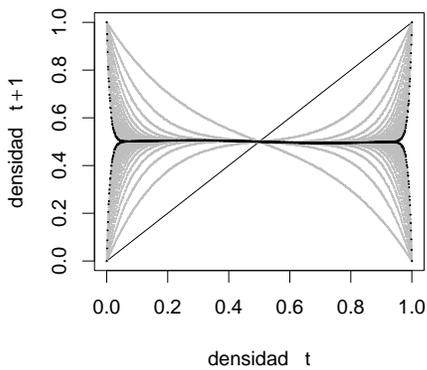
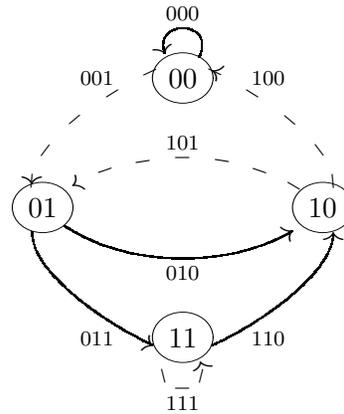
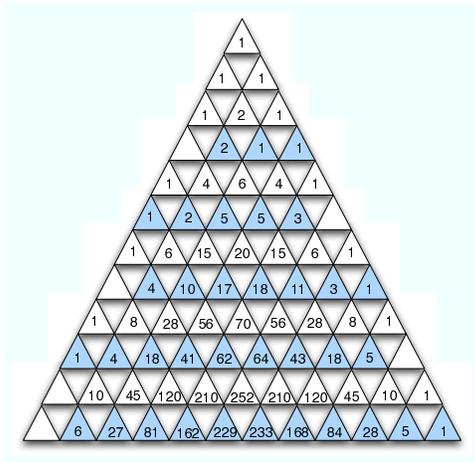
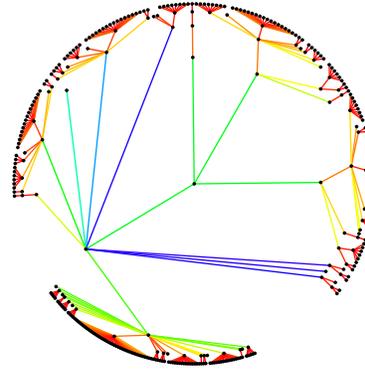
$$f(p) = pq^2 + 2p^2q$$



Generación: 1
 Densidad: 0.25 \mapsto (1/4).

Regla: 77

{0,1,0,0,1,1,0,1}

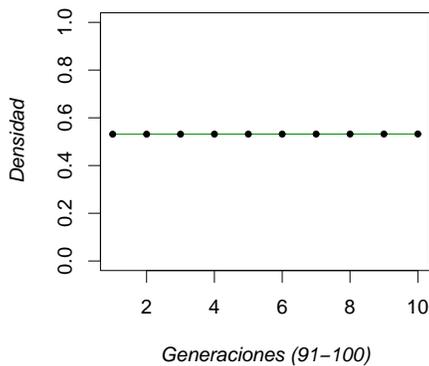
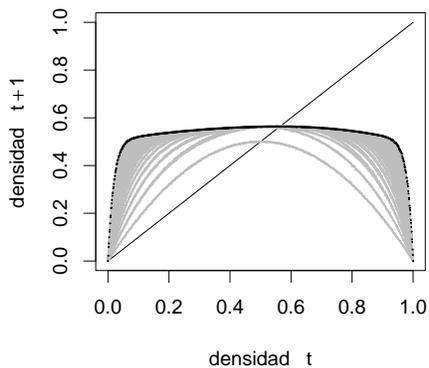
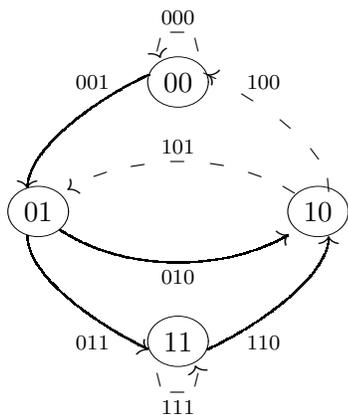
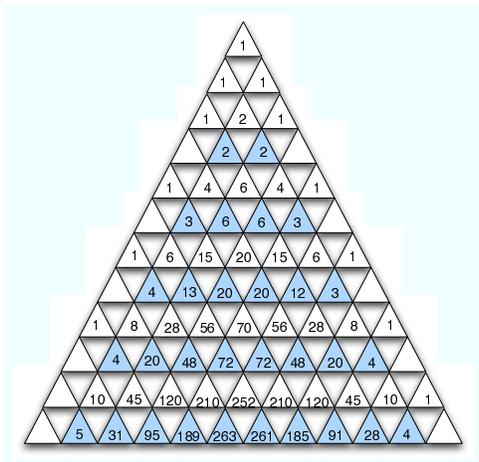
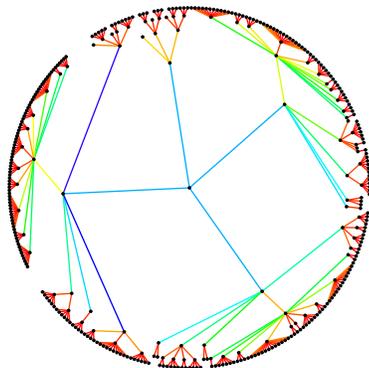


Función de densidad no determinada.

Generación: 11- 20.
Densidad aproximada: 0.5.

Regla: 78

{0,1,0,0,1,1,1,0}



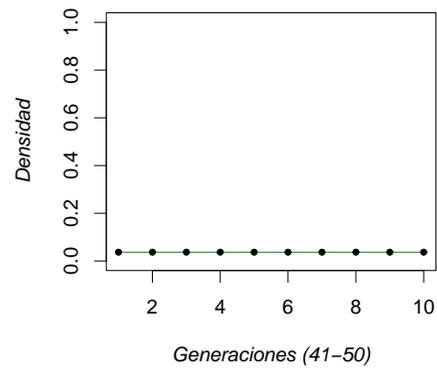
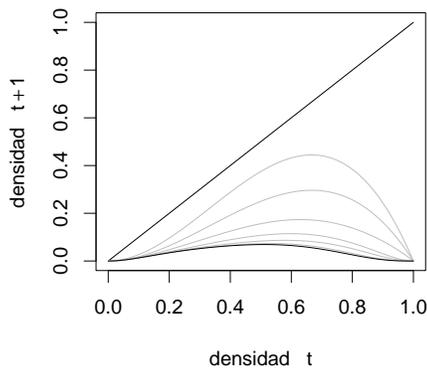
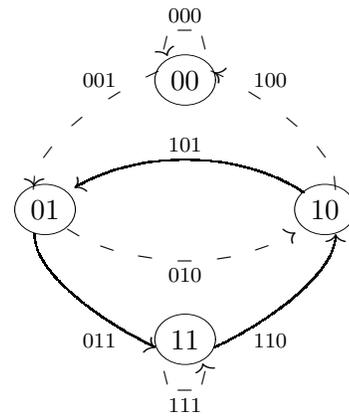
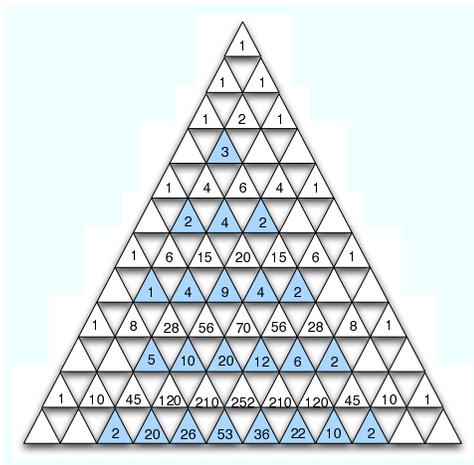
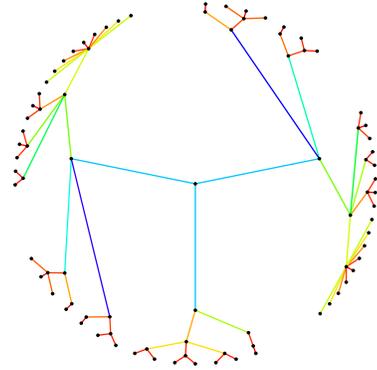
Función de densidad no determinada.

Generación: 50.

Densidad aproximada: 0.523548

Regla: 104

{0,1,1,0,1,0,0,0}

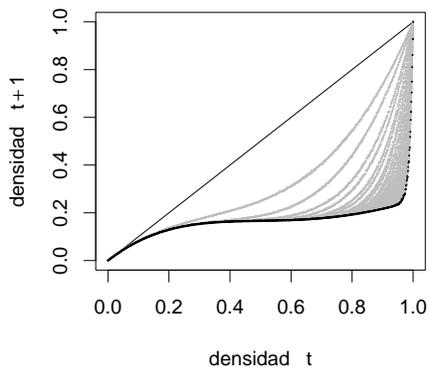
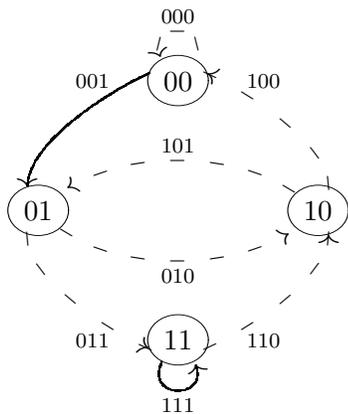
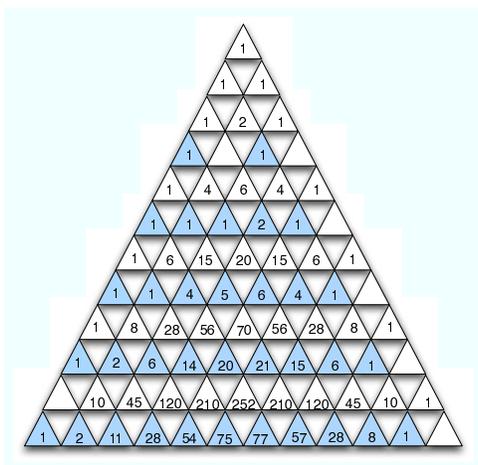
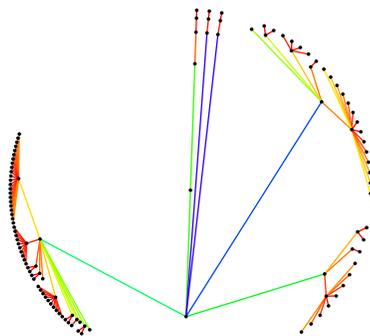


$$f(p) = 2p^2q^{13} + 18p^3q^{12} + 72p^4q^{11} + 180p^5q^{10} + 336p^6q^9 + 476p^7q^8 + 507p^8q^7 + 388p^9q^6 + 205p^{10}q^5 + 66p^{11}q^4 + 9p^{12}q^3$$

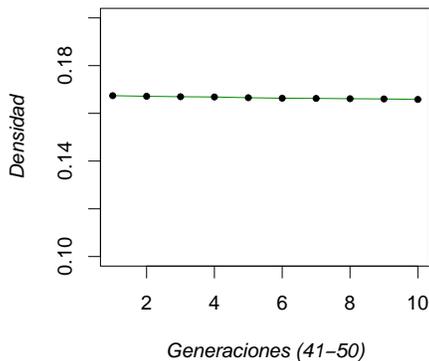
Generación: 7
 Densidad: 0.0378191 \mapsto (27257/720720)

Regla: 130

{1,0,0,0,0,1,0}



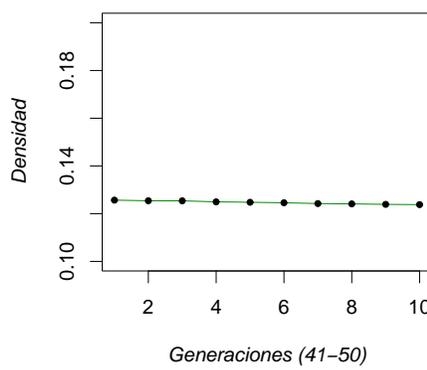
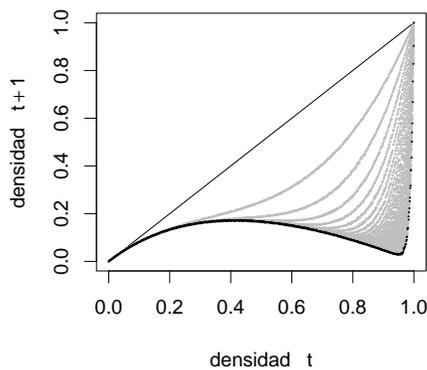
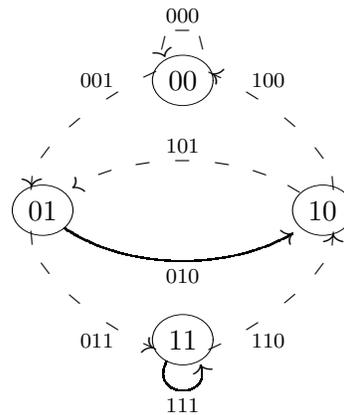
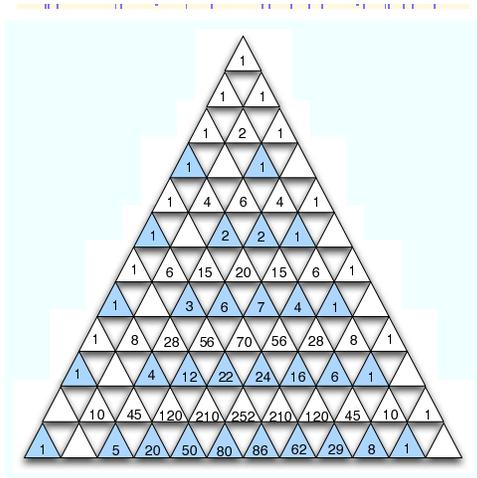
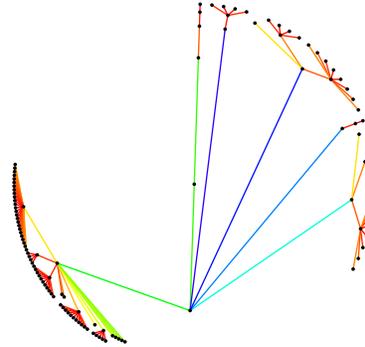
Función de densidad no determinada.



Generación: 41- 50.
Densidad aproximada: 0.165834

Regla: 132

{1,0,0,0,0,1,0,0}

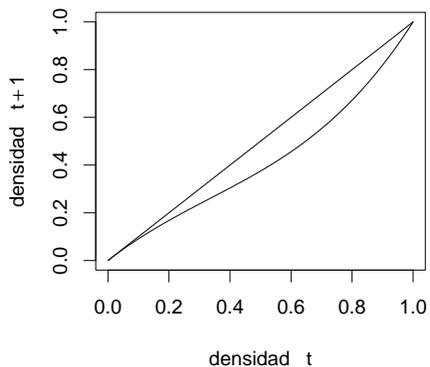
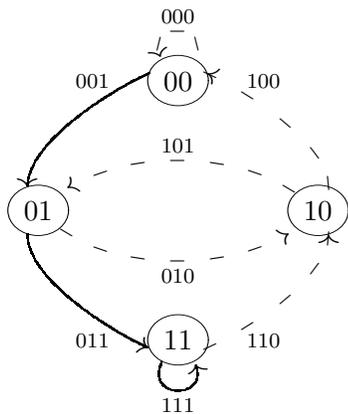
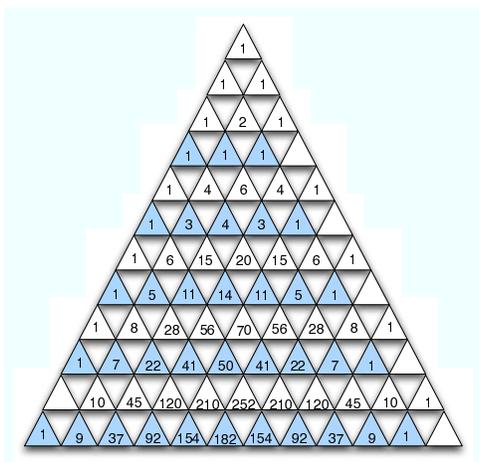
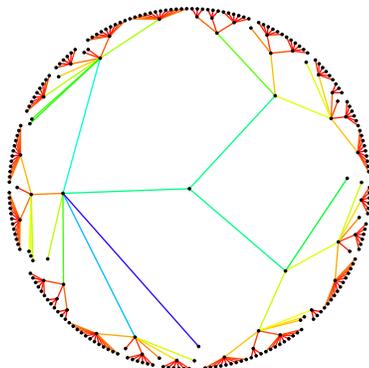
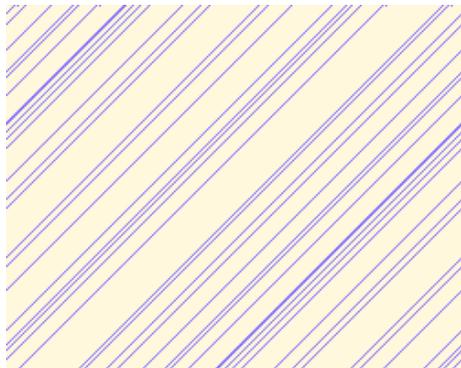


Función de densidad no determinada.

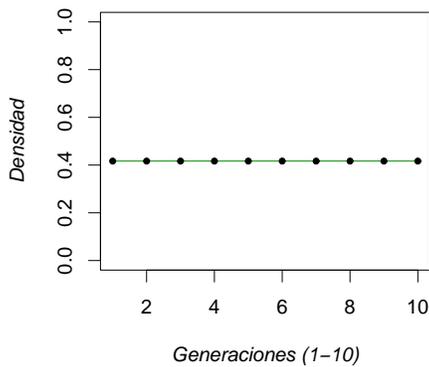
Generación: 41- 50.
Densidad aproximada: 0.123797

Regla: 138

{1,0,0,0,1,0,1,0}



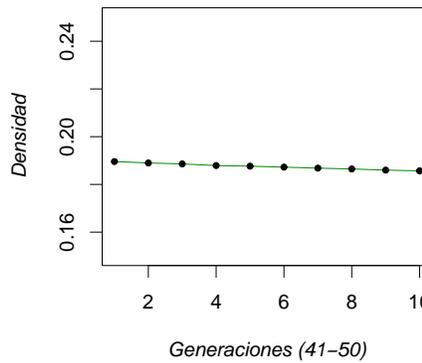
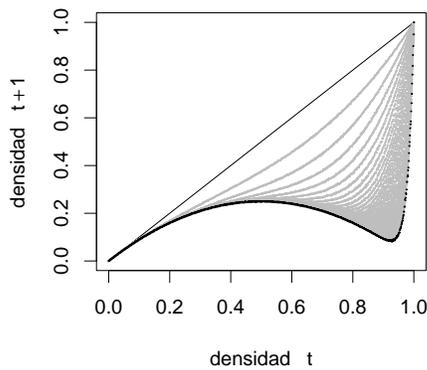
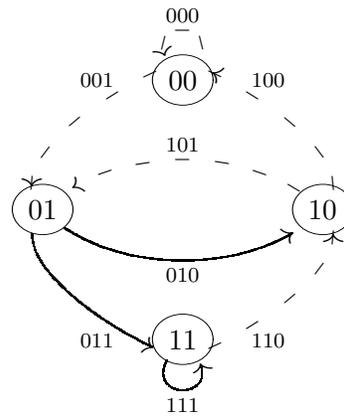
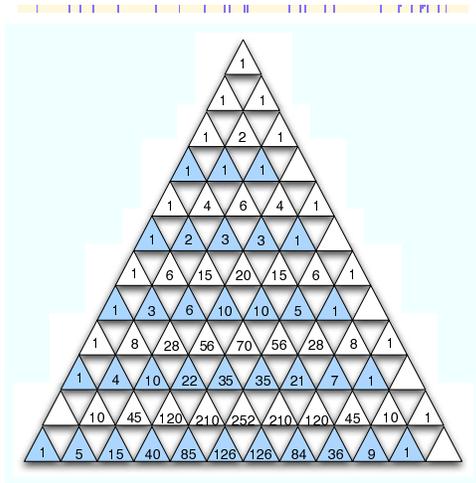
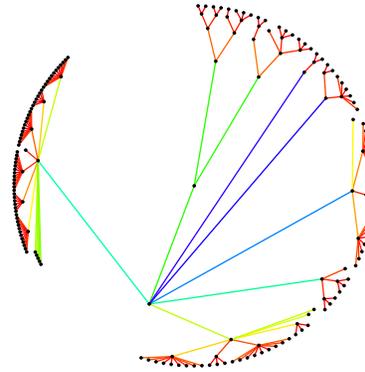
$$f(p) = p^3 + qp^2 + q^2p$$



Generación: 1
Densidad: 0.416667

Regla: 140

{1,0,0,0,1,1,0,0}

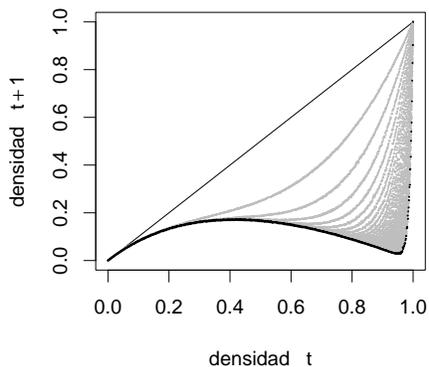
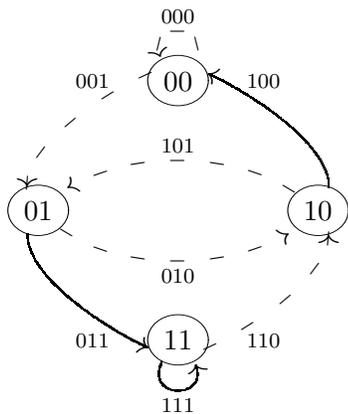
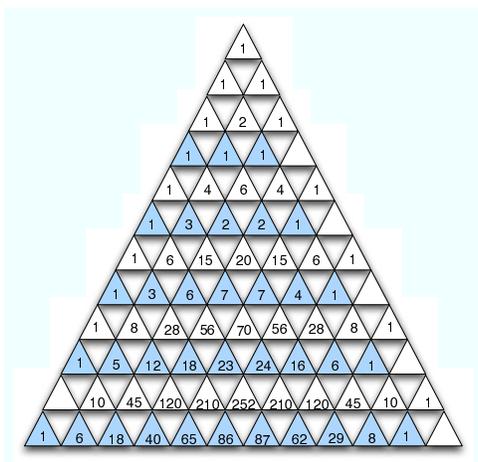
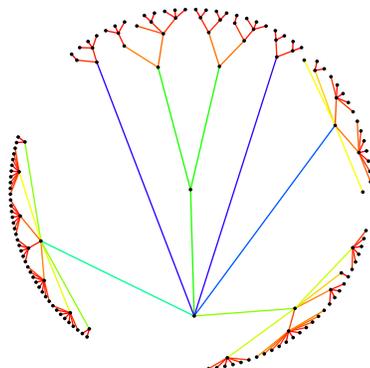


Función de densidad no determinada.

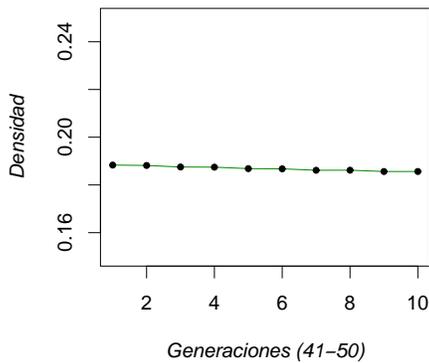
Generación: 41- 50.
Densidad aproximada: 0.185674

Regla: 152

{1,0,0,1,1,0,0,0}



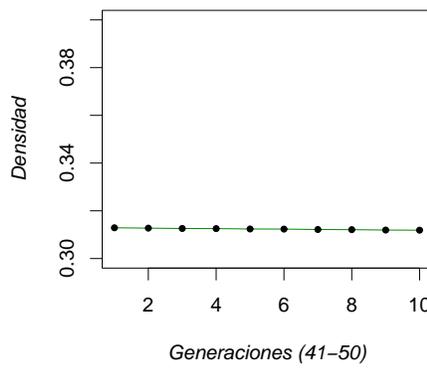
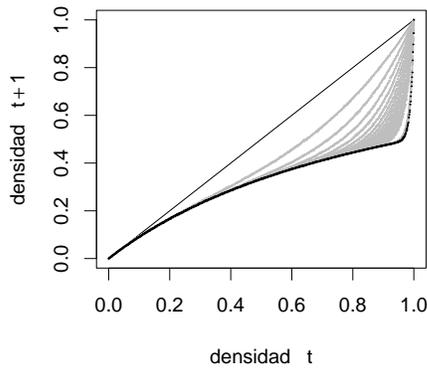
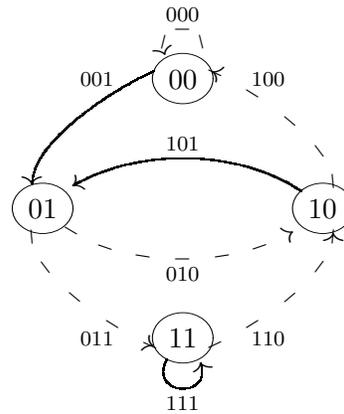
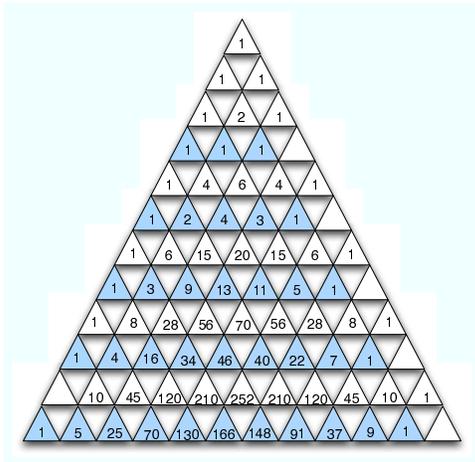
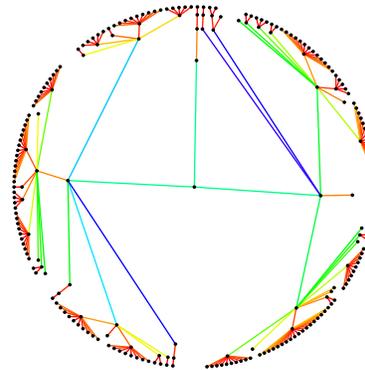
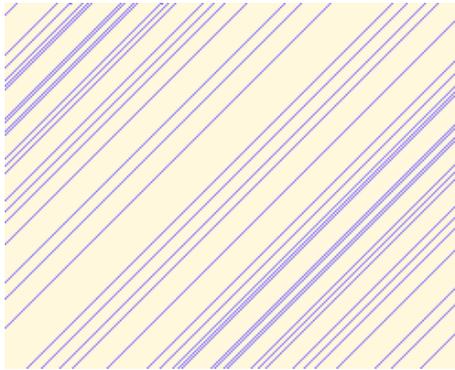
Función de densidad no determinada.



Generación: 41- 50.
Densidad aproximada: 0.185642

Regla: 162

{1,0,1,0,0,0,1,0}

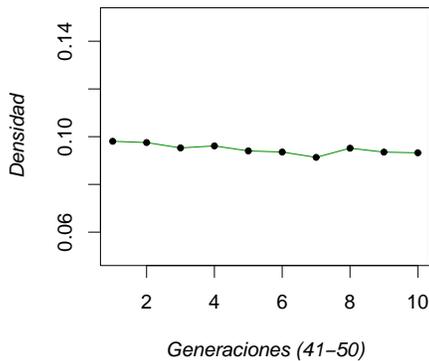
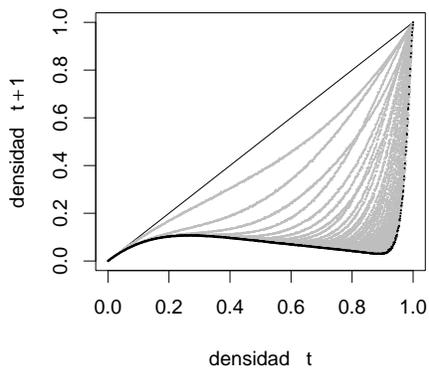
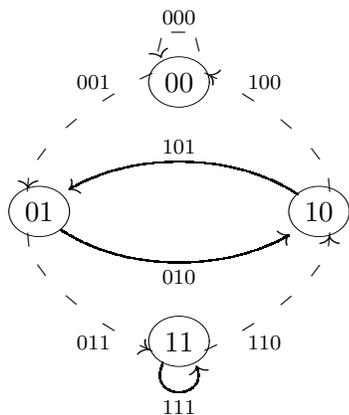
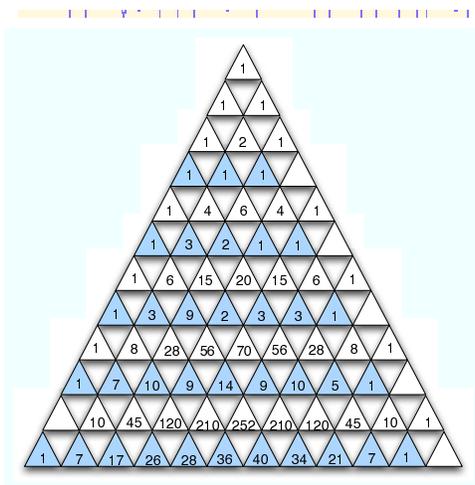
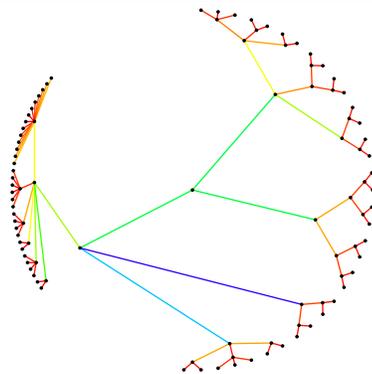


Función de densidad no determinada.

Generación: 41- 50.
Densidad aproximada: 0.311886

Regla: 164

{1,0,1,0,0,1,0,0}



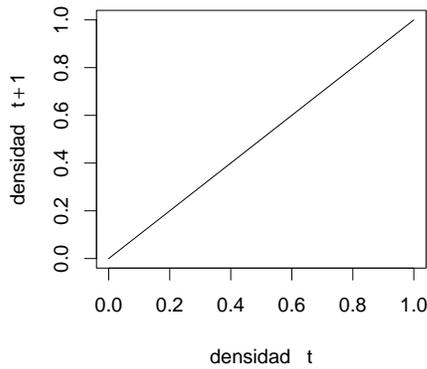
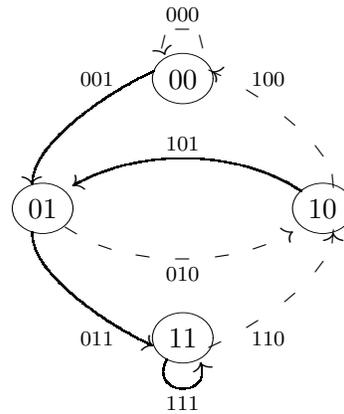
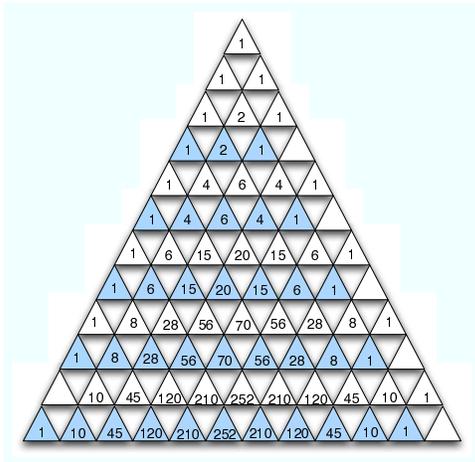
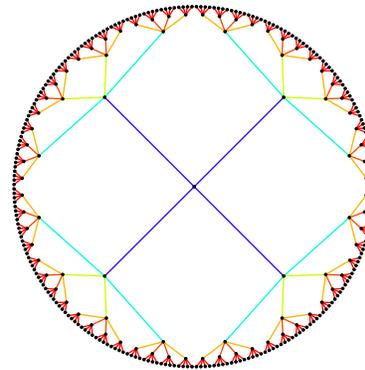
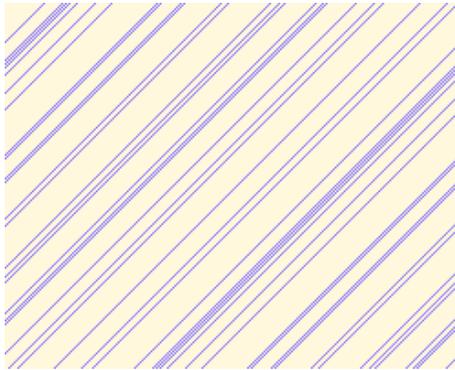
Función de densidad no determinada.

Generación: 41- 50.

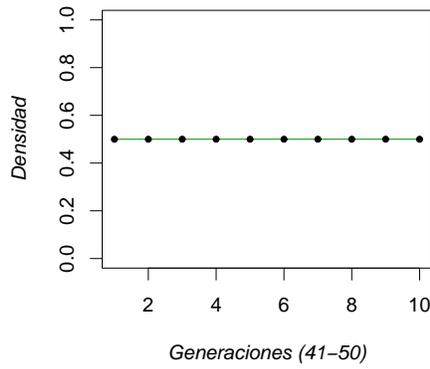
Densidad aproximada: 0.093532
Comportamiento oscilatorio (± 0.002).

Regla: 170

{1,0,1,0,1,0,1,0}



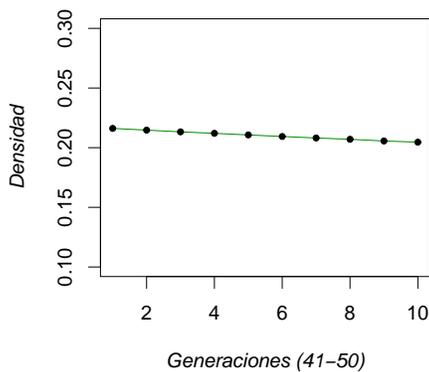
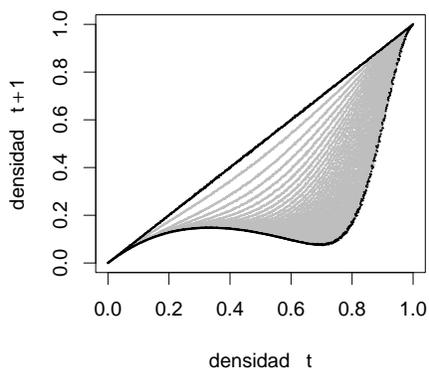
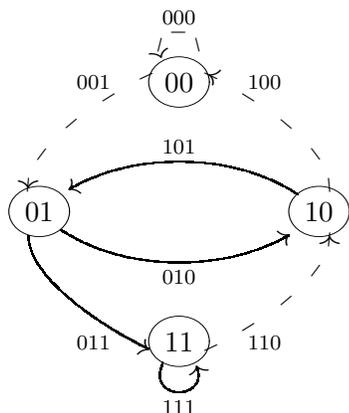
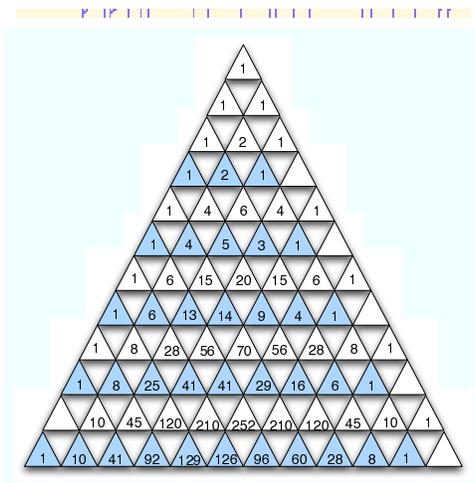
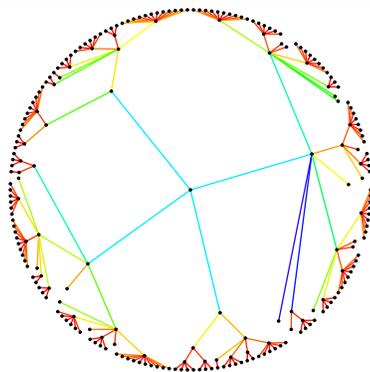
$$f(p) = p^3 + 2qp^2 + q^2p$$



Generación: 1
 Densidad: 0.5 \mapsto (1/2).

Regla: 172

{1,0,1,0,1,1,0,0}

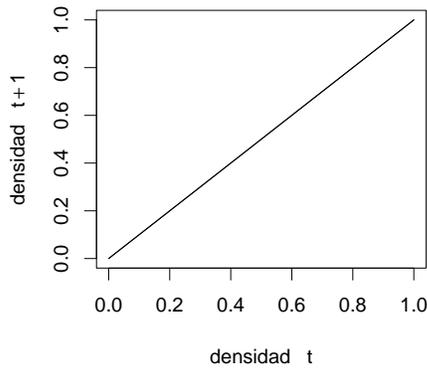
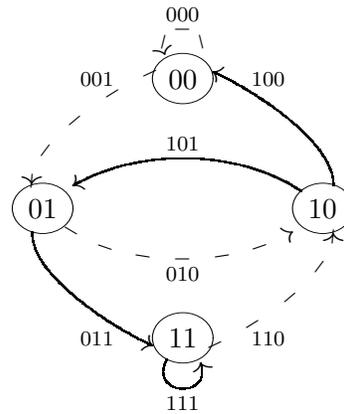
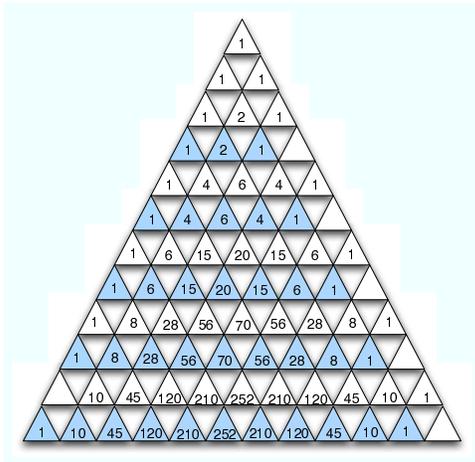
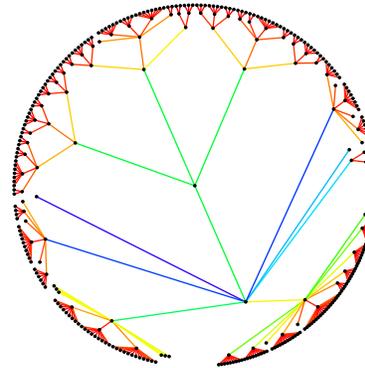
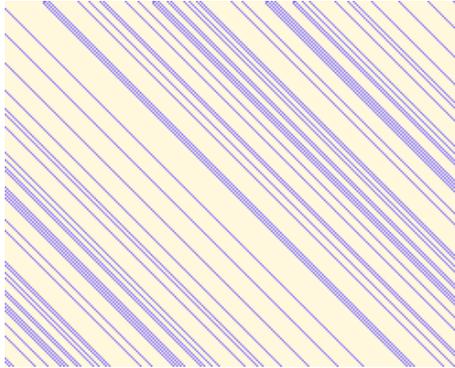


Función de densidad no determinada.

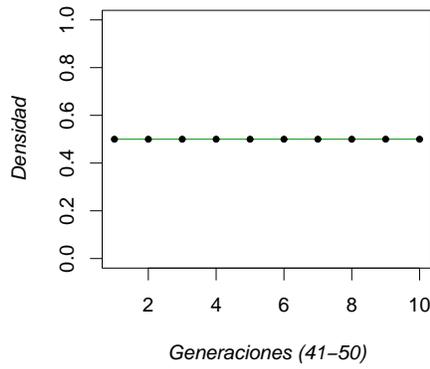
Generación: 41-50.
Densidad aproximada: 0.204614

Regla: 184

{1,0,1,1,1,0,0,0}



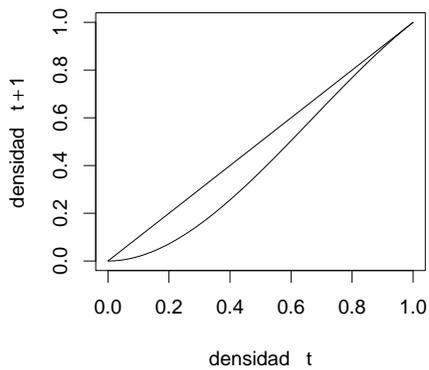
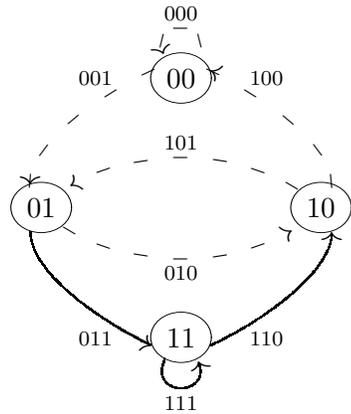
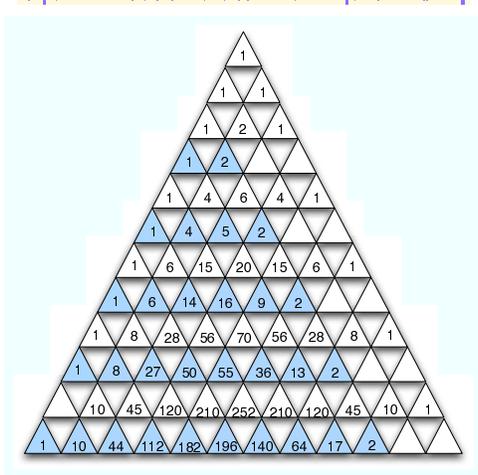
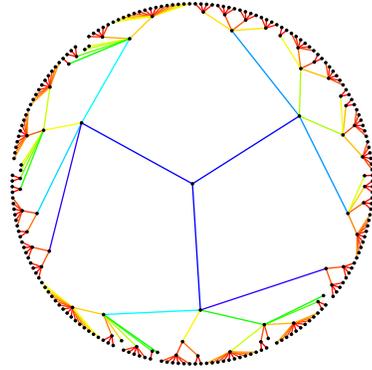
$$f(p) = p^3 + 2qp^2 + q^2p$$



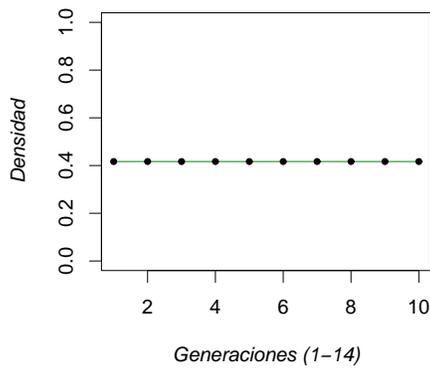
Generación: 1
 Densidad: 0.5 \mapsto (1/2).

Regla: 200

{1,1,0,0,1,0,0,0}



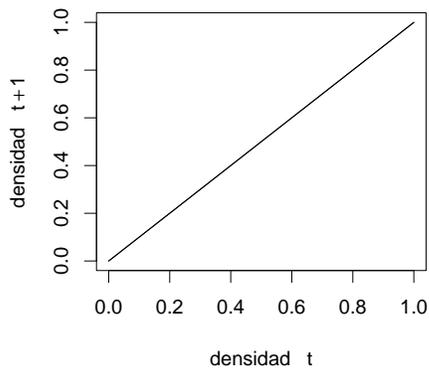
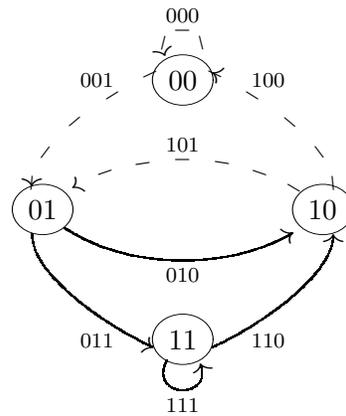
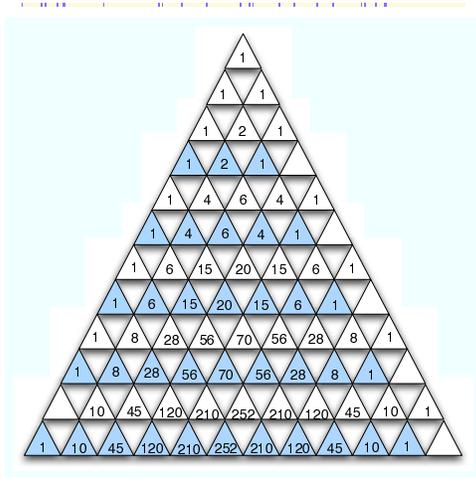
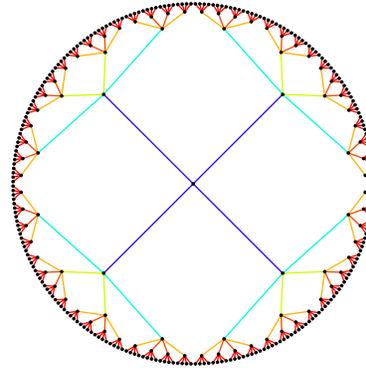
$$f(p) = p^3 + 2qp^2$$



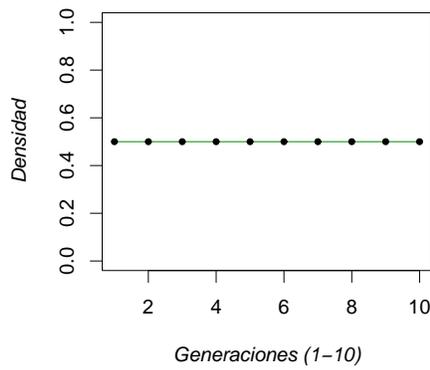
Generación: 1
 Densidad: 0.416667 \mapsto (5/12).

Regla: 204

{1,1,0,0,1,1,0,0}



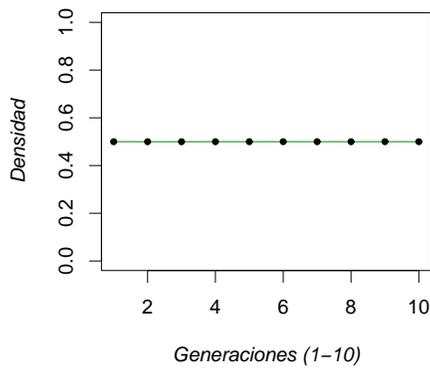
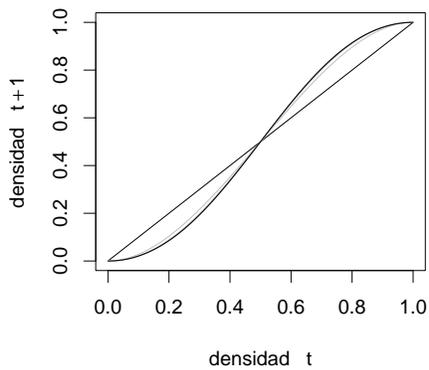
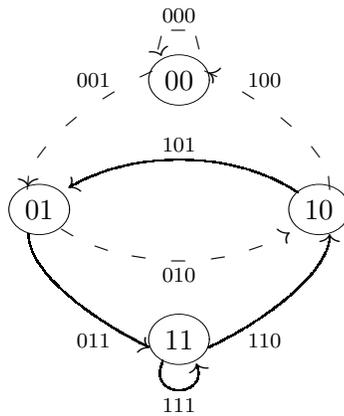
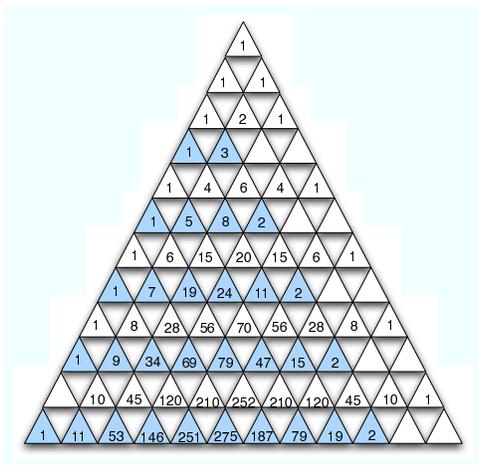
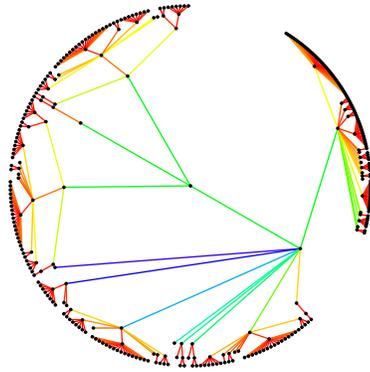
$$f(p) = p^3 + 2qp^2 + q^2p$$



Generación: 1
 Densidad: 0.5 \mapsto (1/2).

Regla: 232

{1,1,1,0,1,0,0,0}

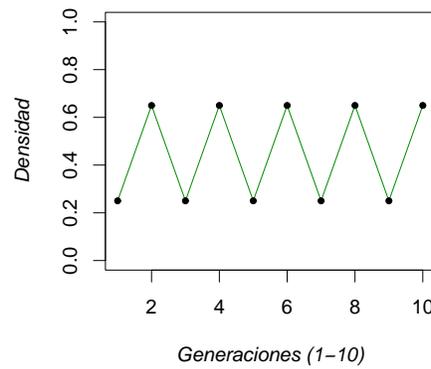
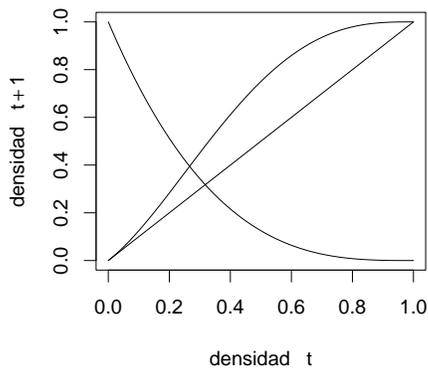
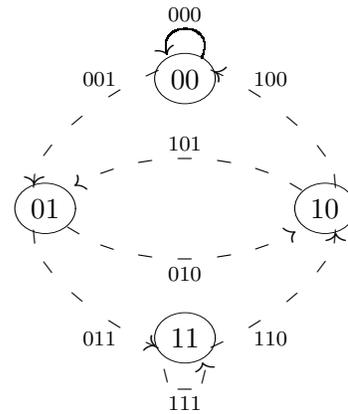
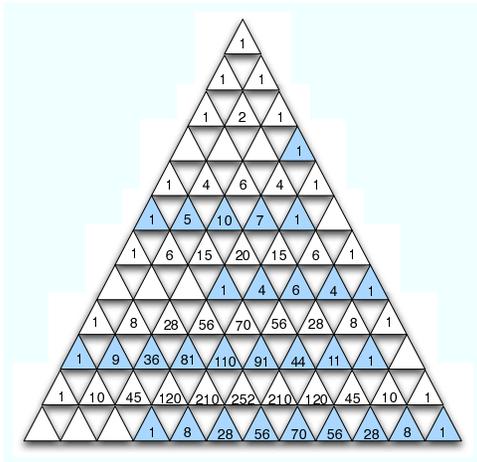
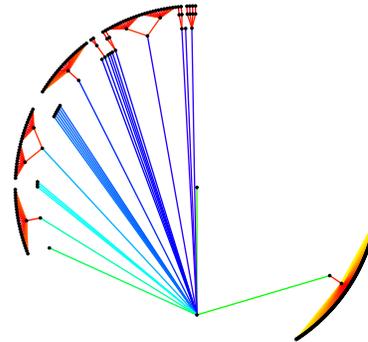
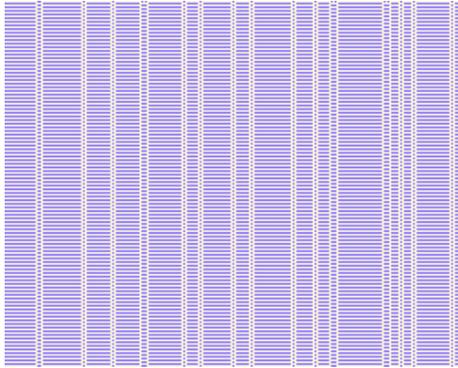


$$f(p) = p^7 + 7qp^6 + 19q^2p^5 + 24q^3p^4 + 11q^4p^3 + 2q^5p^2$$

Generación: 3
 Densidad: 0.5 \mapsto (1/2).

Regla: 1

{0,0,0,0,0,0,1}



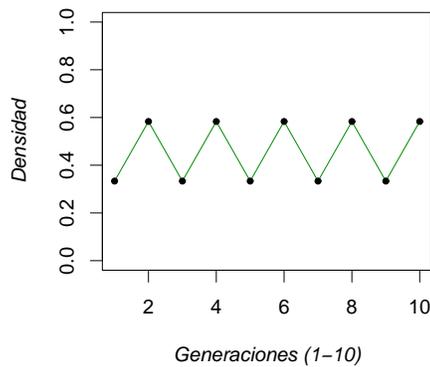
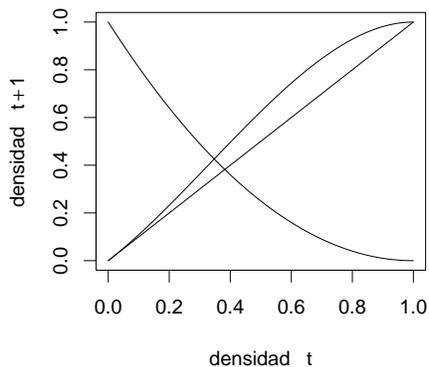
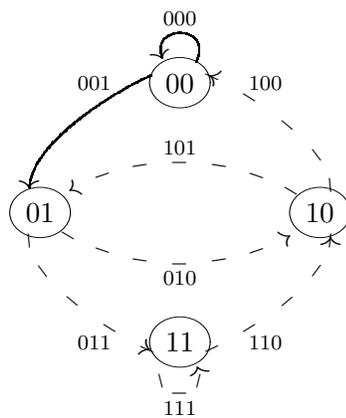
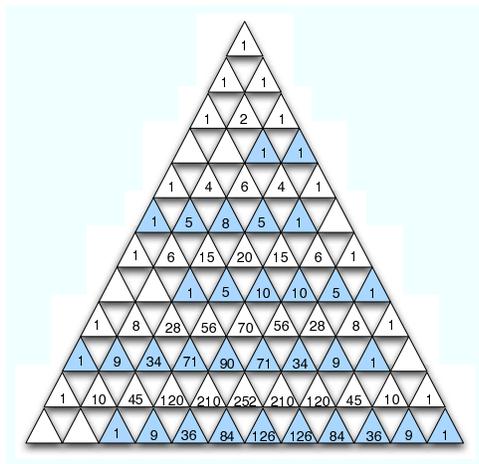
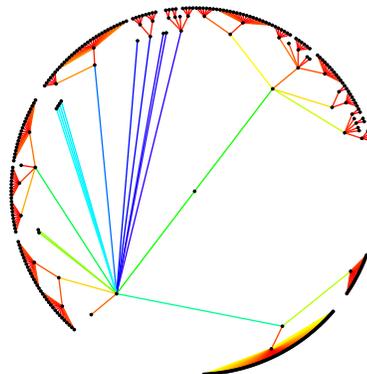
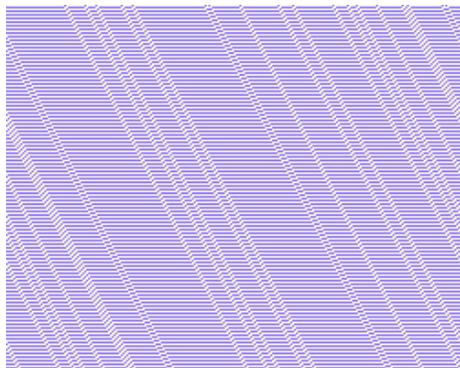
$$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 10q^2p^3 + 7q^3p^2 + q^4p$$

$$f(p) = q^3$$

Generación: 1 y 2.
 Densidad: (0.25,0.65).
 Densidad: (1/4,13/20).
 Periódico: ciclo 2.

Regla: 3

{0,0,0,0,0,0,1,1}

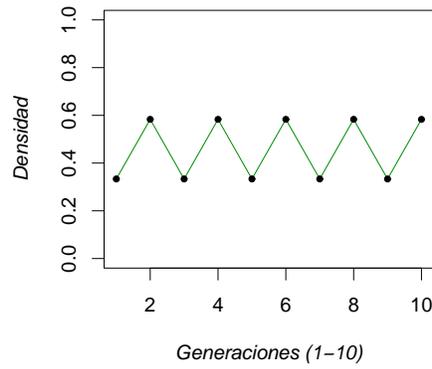
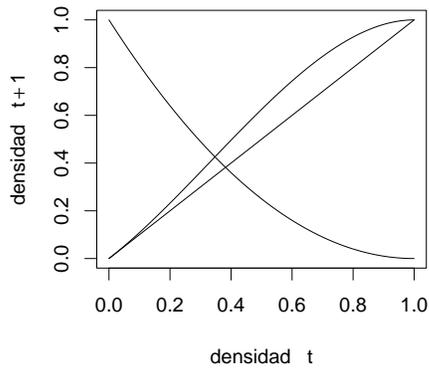
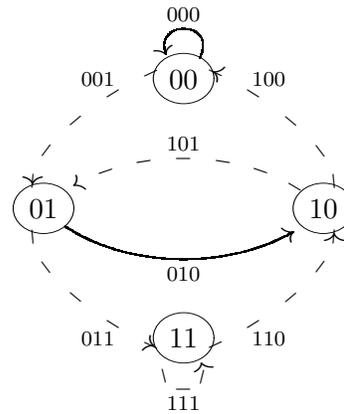
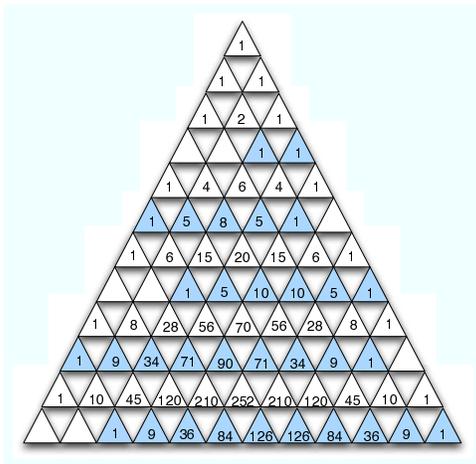
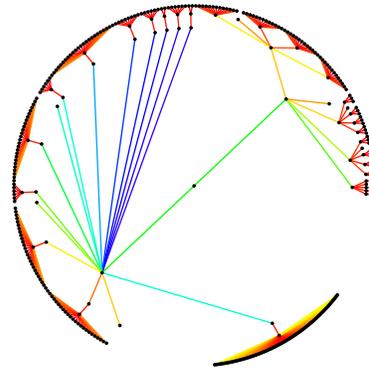
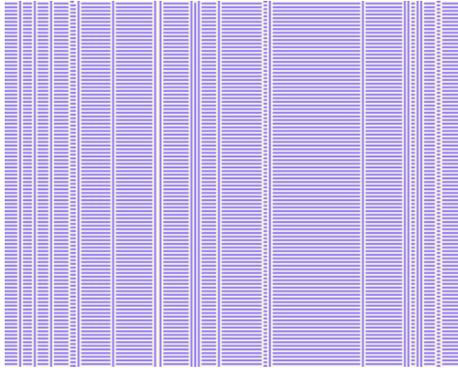


$$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 8q^2p^3 + 5q^3p^2 + q^4p$$

Generación: 1.
 Densidad: (0.333333, 0.583333).
 Densidad: (1/3, 7/12).
 Periódico: ciclo 2.

Regla: 5

{0,0,0,0,0,1,0,1}

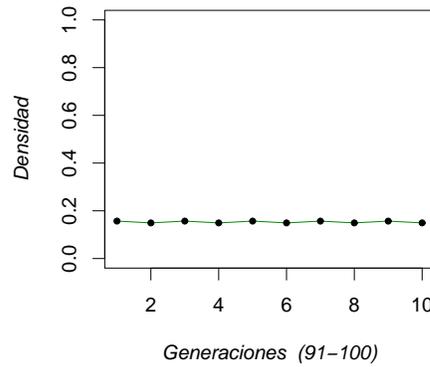
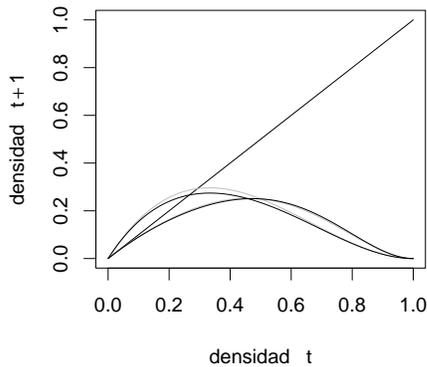
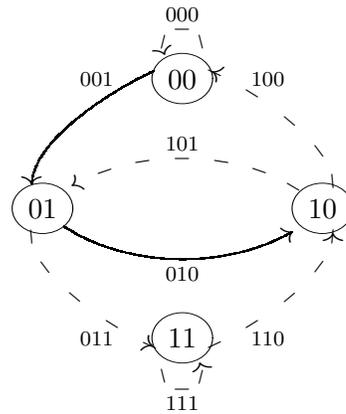
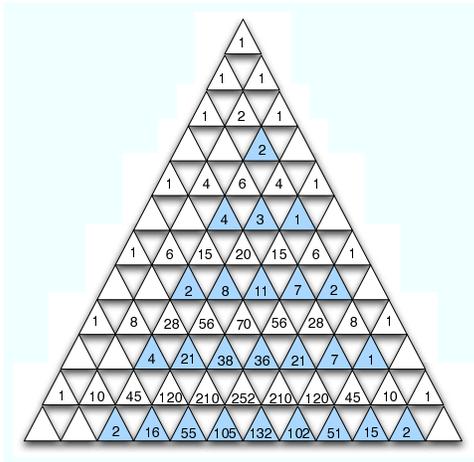
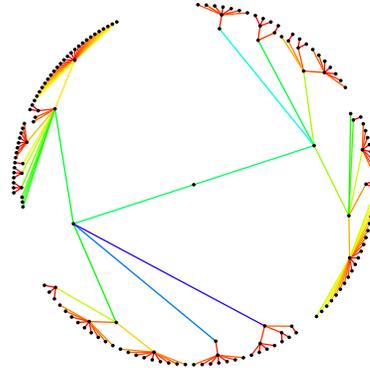
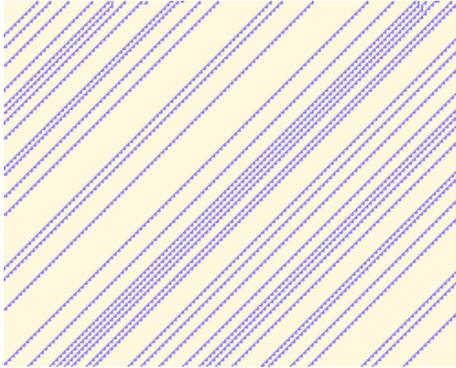


$$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 8q^2p^3 + 5q^3p^2 + q^4p$$

Generación: 1 y 2.
 Densidad: (0.333333, 0.583333).
 Densidad: (1/3, 7/12).
 Periódico: ciclo 2.

Regla: 6

{0,0,0,0,0,1,1,0}



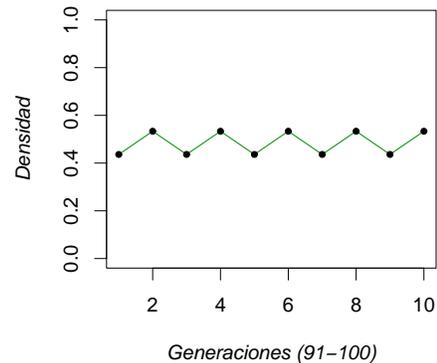
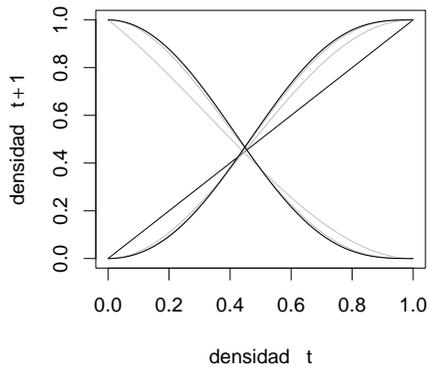
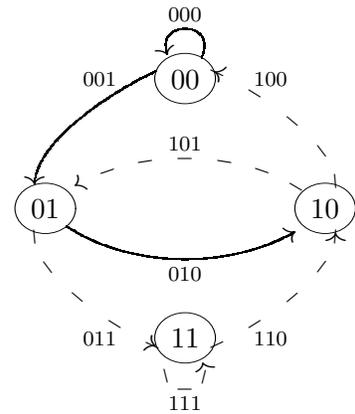
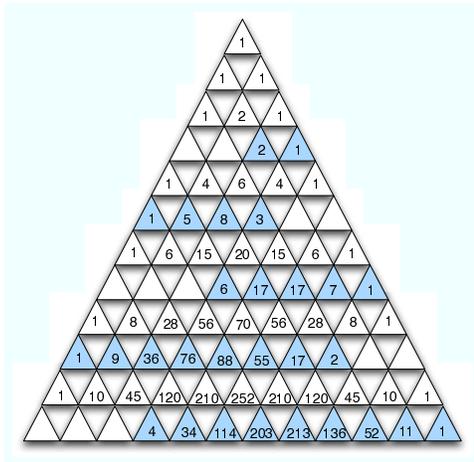
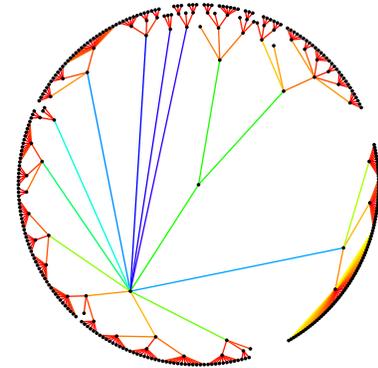
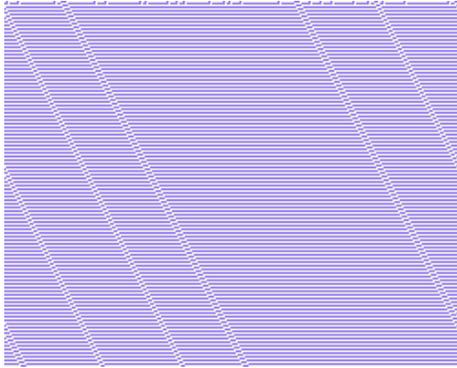
$$f(p) = 2pq^6 + 7p^2q^5 + 11p^3q^4 + 8p^4q^3 + 2p^5q^2$$

$$f(p) = pq^8 + 7p^2q^7 + 21p^3q^6 + 36p^4q^5 + 38p^5q^4 + 21p^6q^3 + 4p^7q^2$$

Generación: 3 y 4.
 Densidad: 0.157143 \mapsto (11/70).
 Dos funciones, una densidad.
 Comportamiento oscilatorio (± 0.007).

Regla: 7

{0,0,0,0,0,1,1,1}



$$f(p) = q^{15} + 15pq^{14} + 102p^2q^{13} + 415p^3q^{12} + 1121p^4q^{11} + 2109p^5q^{10} + 2823p^6q^9 + 2701p^7q^8 + 1830p^8q^7 + 856p^9q^6 + 263p^{10}q^5 + 48p^{11}q^4 + 4p^{12}q^3$$

$$f(p) = 2q^{15}p^2 + 32q^{14}p^3 + 237q^{13}p^4 + 1076q^{12}p^5 + 3336q^{11}p^6 + 7449q^{10}p^7 + 12331q^9p^8 + 15376q^8p^9 + 14552q^7p^{10} + 10463q^6p^{11} + 5683q^5p^{12} + 2299q^4p^{13} + 674q^3p^{14} + 136q^2p^{15} + 17qp^{16} + p^{17}$$

Generación: 7 y 8.

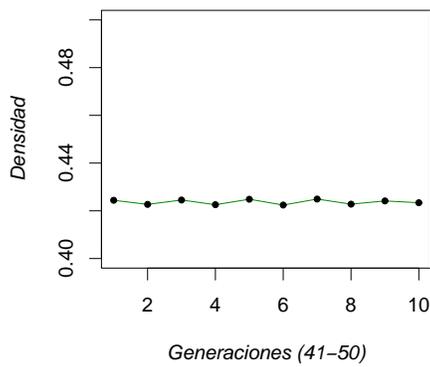
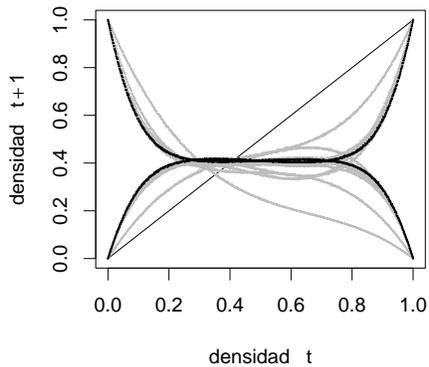
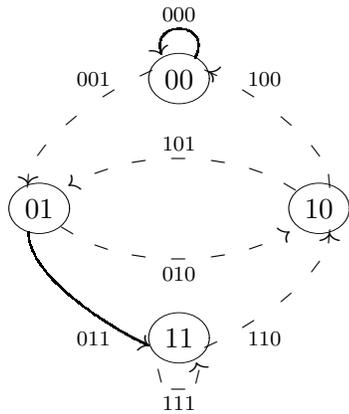
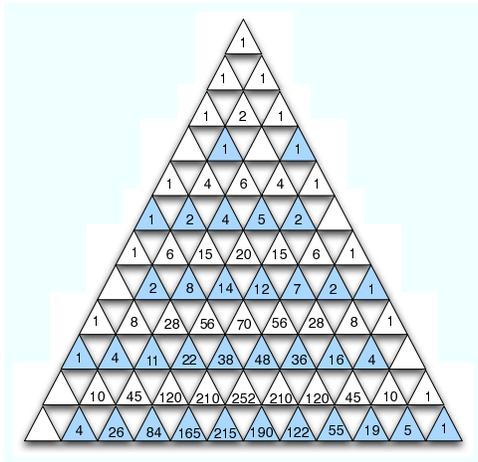
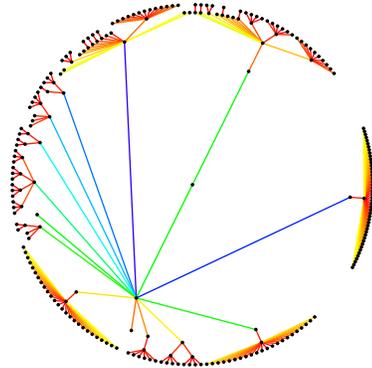
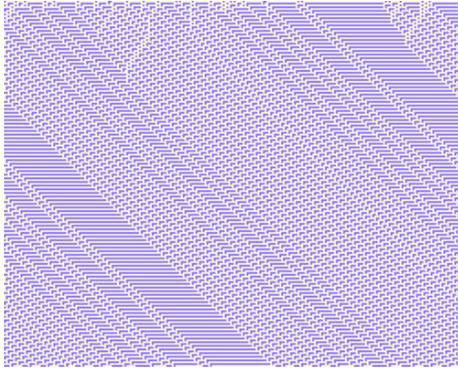
Densidad: (0.436111, 0.533152).

Densidad: (56599/360360, 183305/1225224).

Periódico: ciclo 2.

Regla: 9

{0,0,0,0,1,0,0,1}

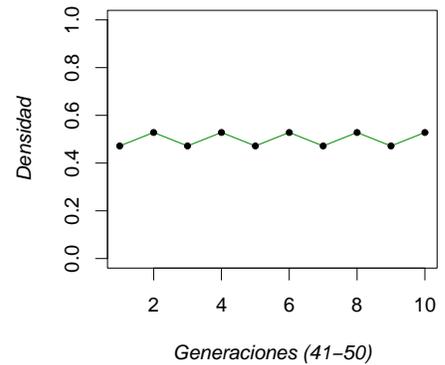
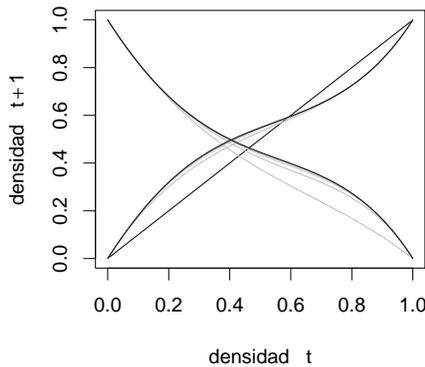
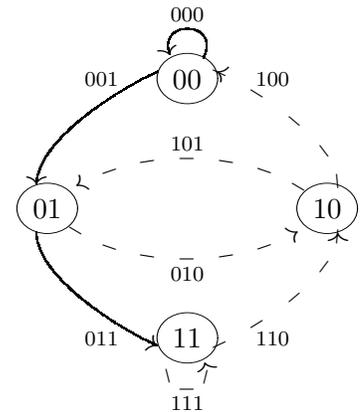
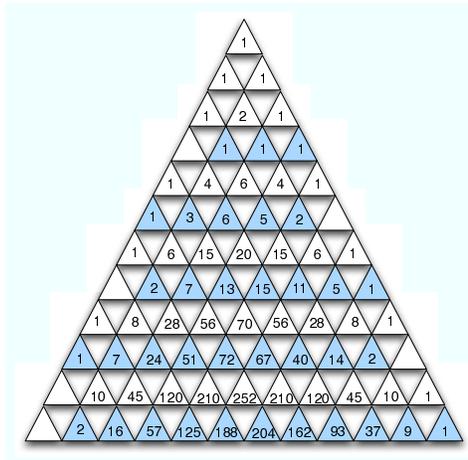
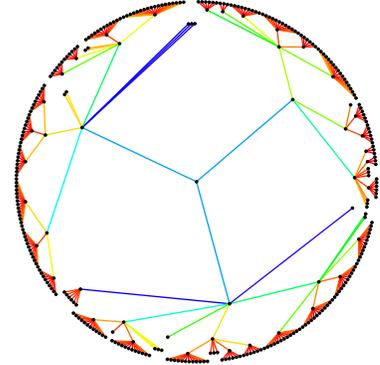
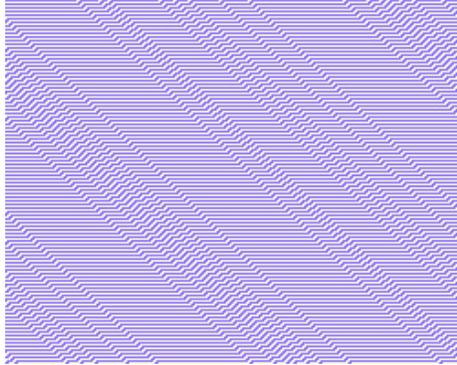


Función de densidad no determinada.

Generación: 50.
 Densidad aproximada: 0.423386
 Dos funciones.

Regla: 11

{0,0,0,0,1,0,1,1}

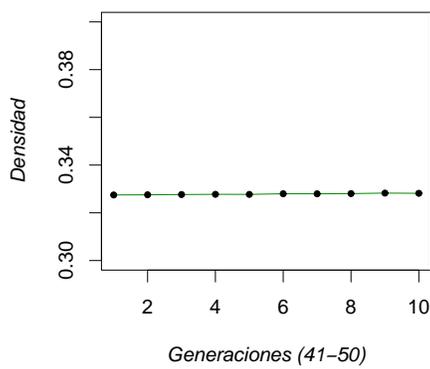
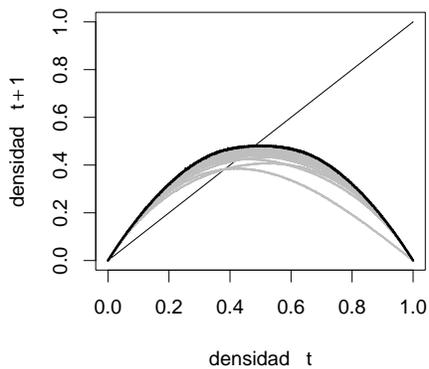
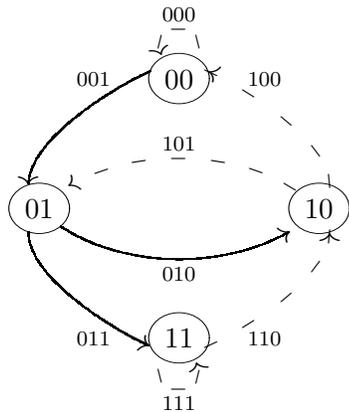
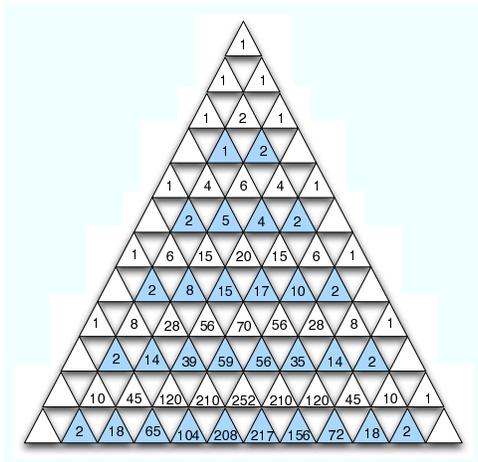
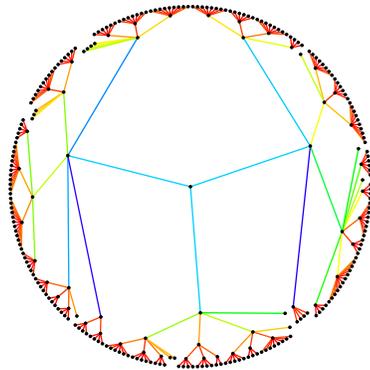
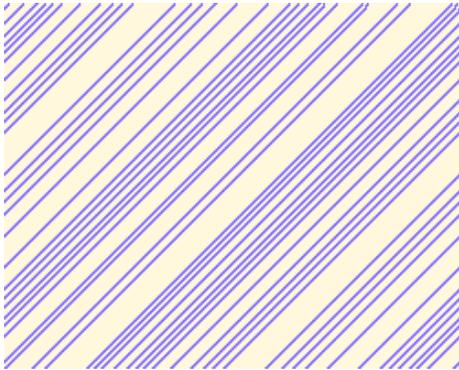


$$\begin{aligned}
 f(p) &= p^{17} + 15qp^{16} + 108q^2p^{15} + 495q^3p^{14} + \\
 &1614q^4p^{13} + 3962q^5p^{12} + 7558q^6p^{11} + 11401q^7p^{10} + \\
 &13710q^8p^9 + 13155q^9p^8 + 10014q^{10}p^7 + 5967q^{11}p^6 + \\
 &2718q^{12}p^5 + 910q^{13}p^4 + 210q^{14}p^3 + 30q^{15}p^2 + 2q^{16}p \\
 f(p) &= q^{19} + 17pq^{18} + 137p^2q^{17} + 697p^3q^{16} + \\
 &2516p^4q^{15} + 6866p^5q^{14} + 14729p^6q^{13} + 25439p^7q^{12} + \\
 &35867p^8q^{11} + 41559p^9q^{10} + 39617p^{10}q^9 + 30947p^{11}q^8 + \\
 &19626p^{12}q^7 + 9946p^{13}q^6 + 3929p^{14}q^5 + 1164p^{15}q^4 + \\
 &243p^{16}q^3 + 32p^{17}q^2 + 2p^{18}q
 \end{aligned}$$

Generación: 8 y 9.
 Densidad: (0.527254, 0.470135)
 Densidad: (6460039/12252240, 3126971/6651216).
 Periódico: ciclo 2.

Regla: 14

{0,0,0,0,1,1,1,0}

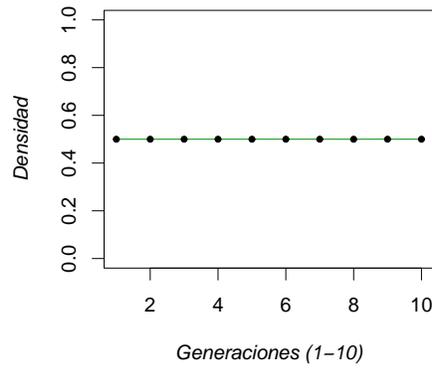
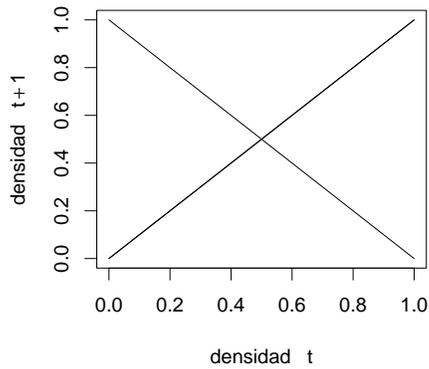
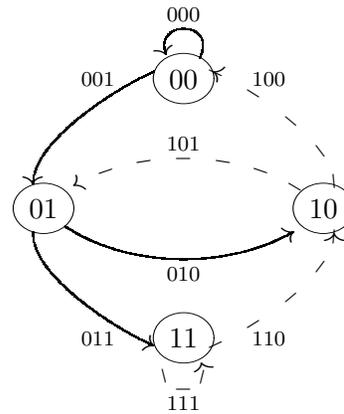
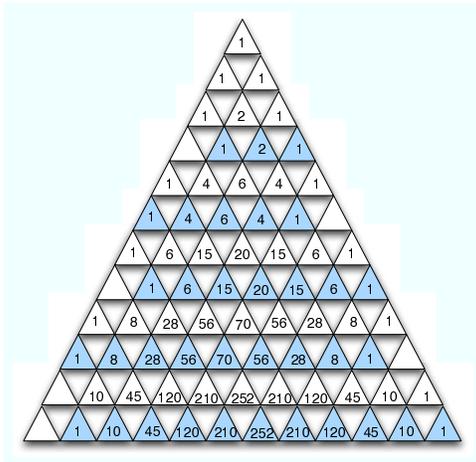
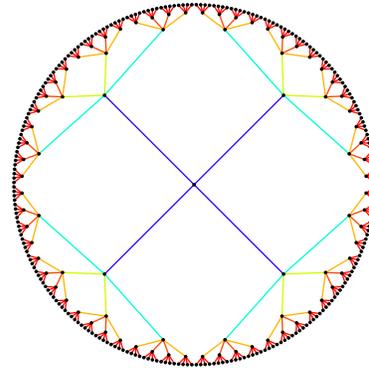
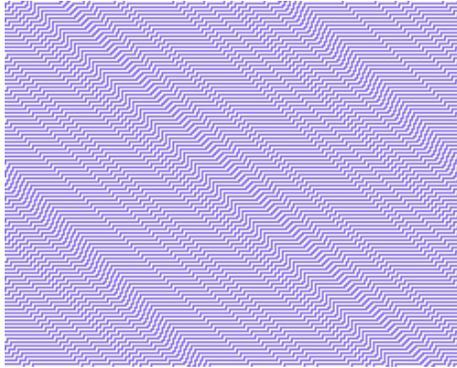


Función de densidad no determinada.

Generación: 50.
Densidad aproximada: 0.328173.

Regla: 15

{0,0,0,0,1,1,1,1}

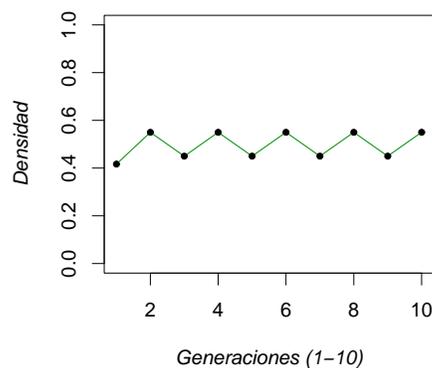
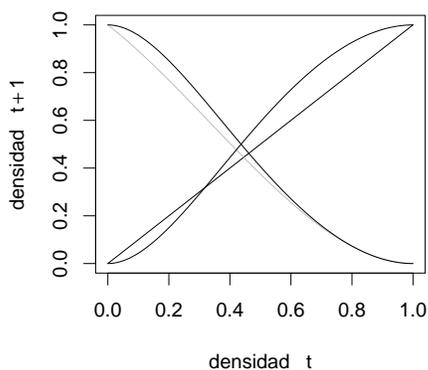
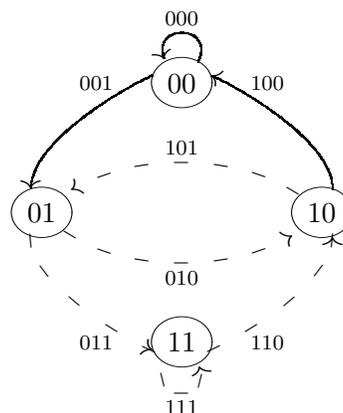
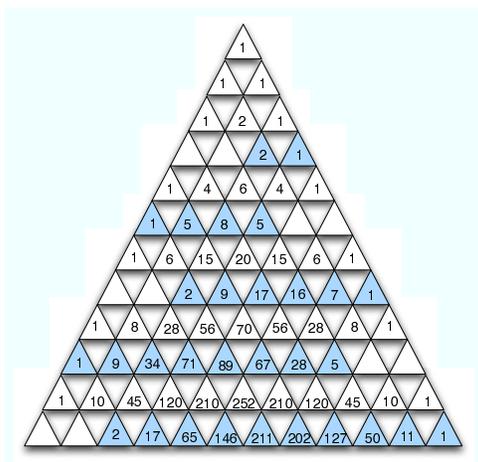
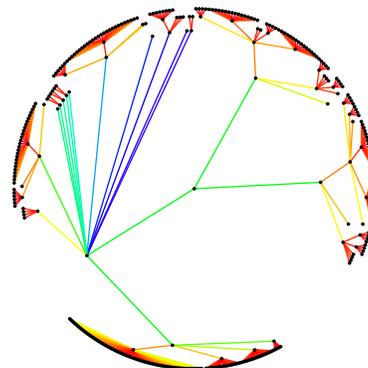
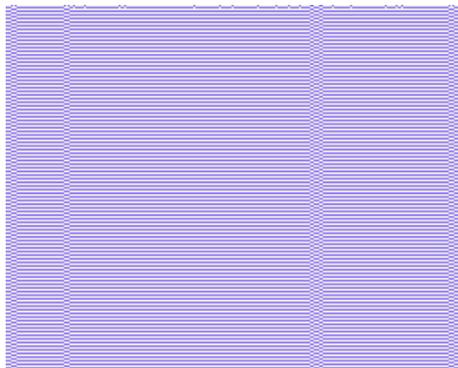


$$f(p) = p^5 + 4qp^4 + 6q^2p^3 + 4q^3p^2 + q^4p$$

Generación: 1 y 2.
 Densidad: $0.5 \mapsto (1/2)$.
 Dos funciones, una densidad.

Regla: 19

{0,0,0,1,0,0,1,1}



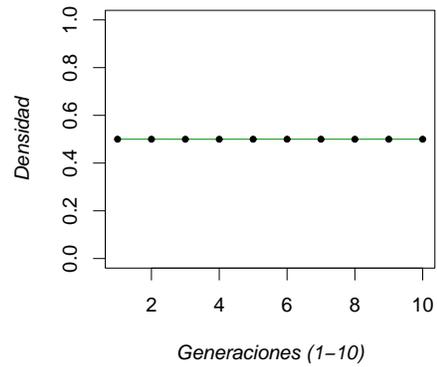
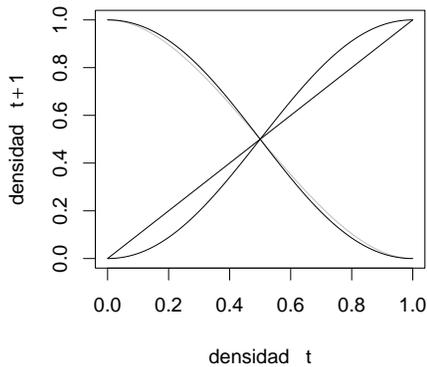
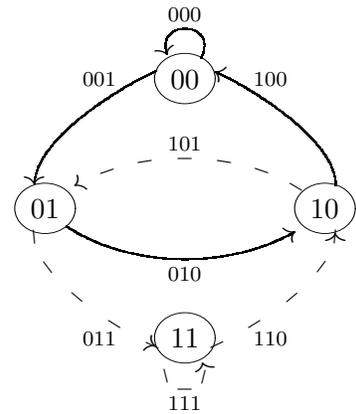
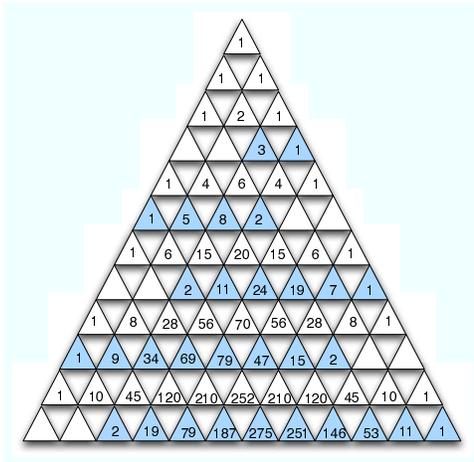
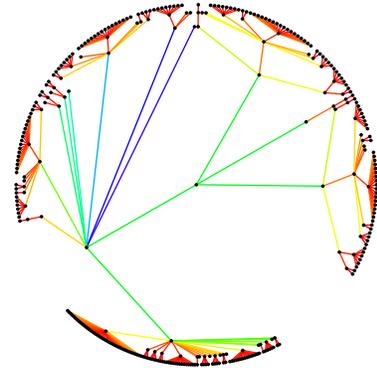
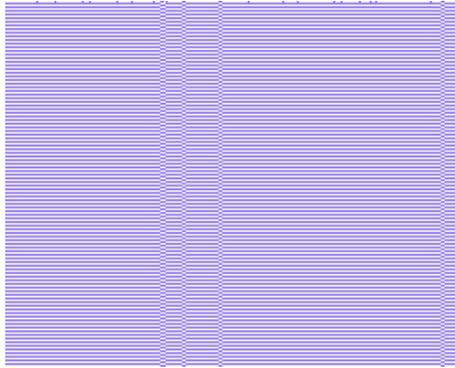
$$f(p) = p^5 + 5pq^4 + 8p^2q^3 + 5p^3q^2$$

$$f(q) = q^7 + 7pq^6 + 16p^2q^5 + 17p^3q^4 + 9p^4q^3 + 2p^5q^2$$

Generación: 2 y 3.
 Densidad: (0.55, 0.45).
 Densidad: (11/20, 9/20).
 Periódico: ciclo 2.

Regla: 23

{0,0,0,1,0,1,1,1}



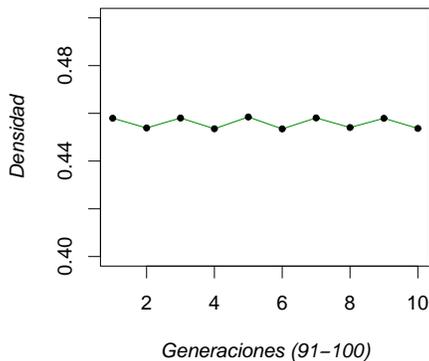
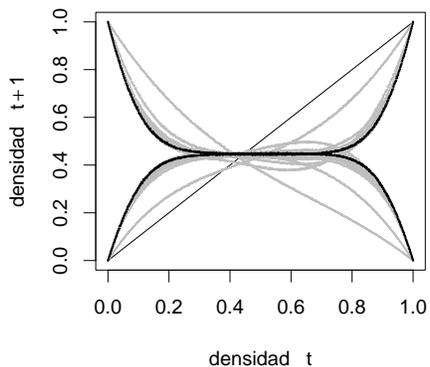
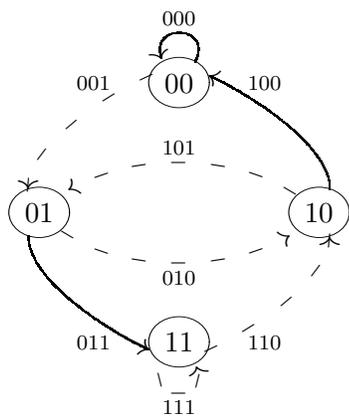
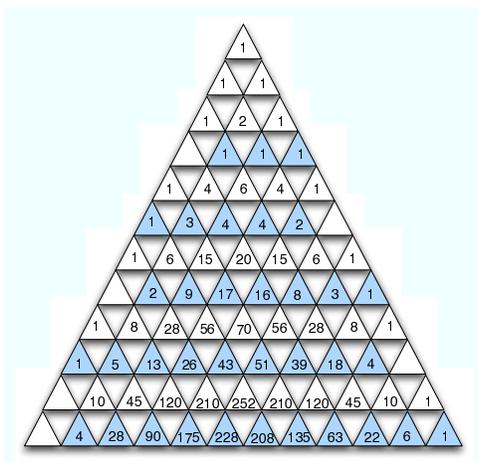
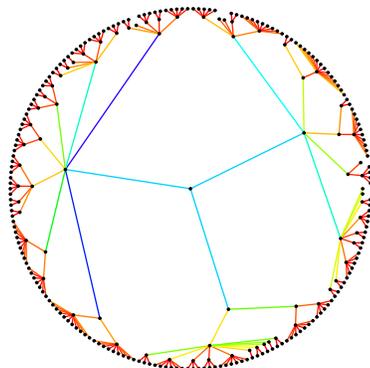
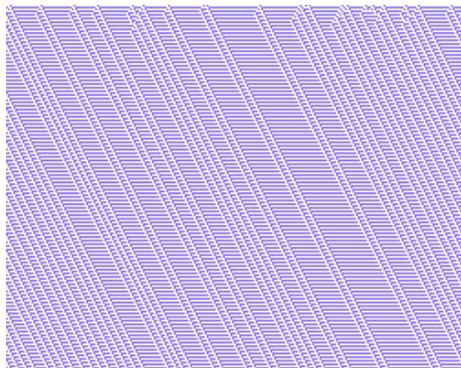
$$f(p) = p^5 + 5qp^4 + 8q^2p^3 + 2q^3p^2$$

$$f(q) = q^7 + 7pq^6 + 19p^2q^5 + 24p^3q^4 + 11p^4q^3 + 2p^5q^2$$

Generación: 2 y 3.
 Densidad: $0.5 \mapsto (1/2)$.
 Dos funciones, una densidad.
 Convergencia por complemento.

Regla: 25

{0,0,0,1,1,0,0,1}

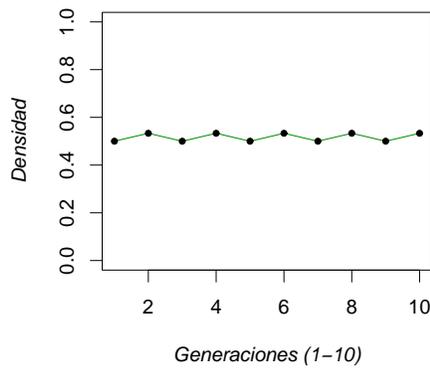
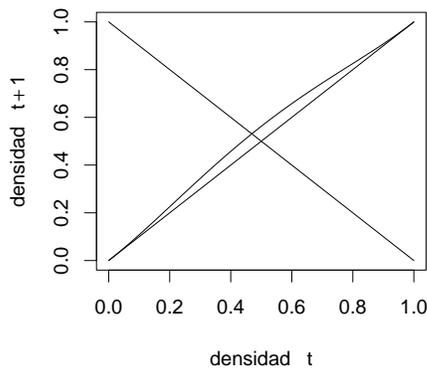
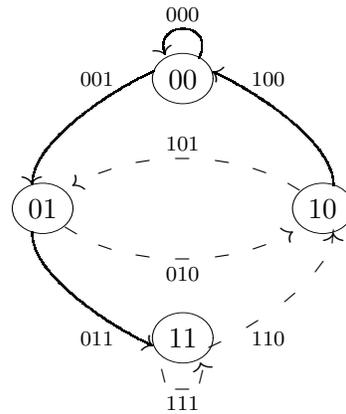
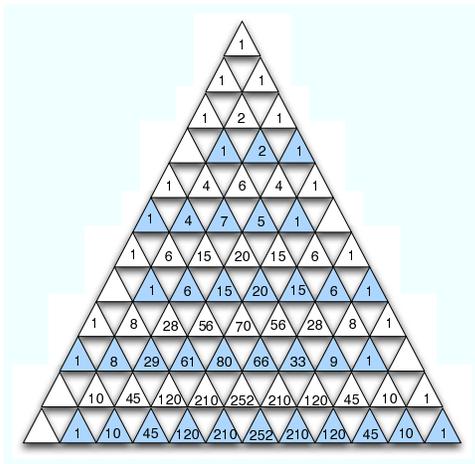
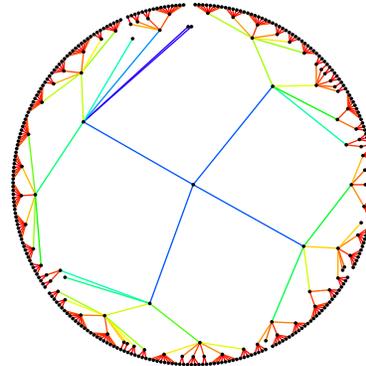
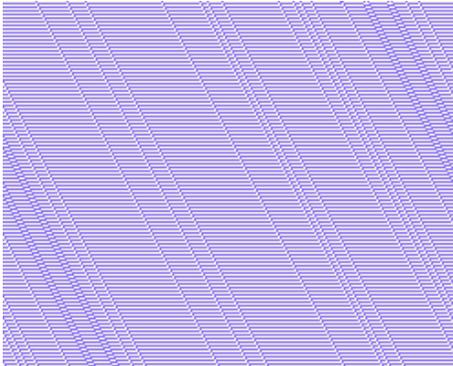


Función de densidad no determinada.

Generación: 49 y 50.
 Densidad aproximada: 0.457622.
 Dos funciones, una densidad.

Regla: 27

{0,0,0,1,1,0,1,1}



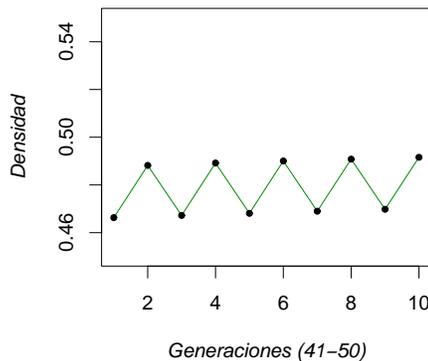
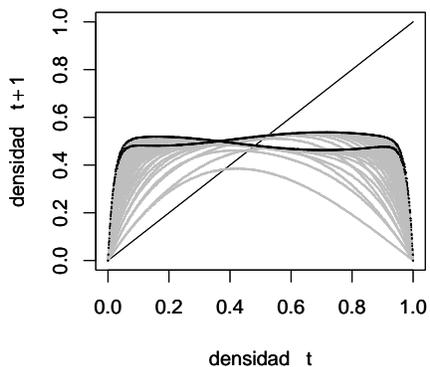
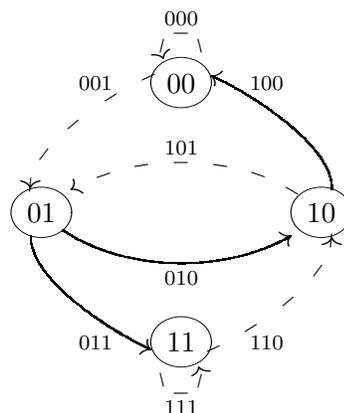
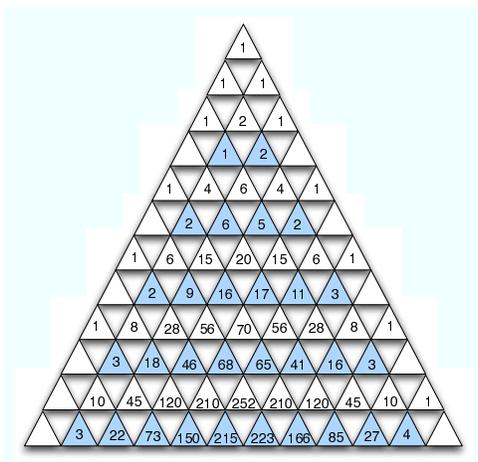
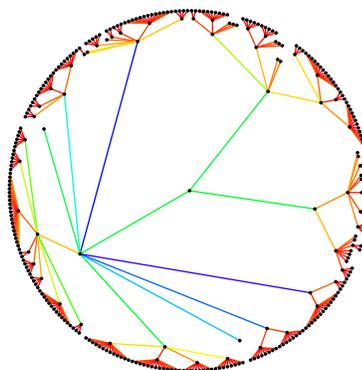
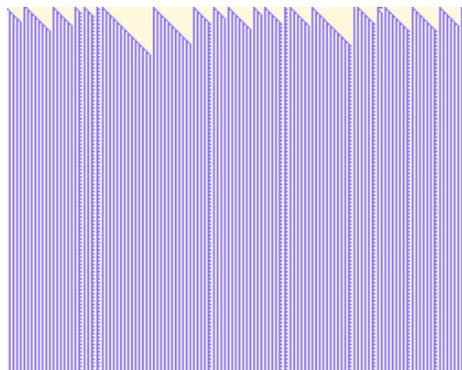
$$f(p) = q^3 + 2pq^2 + p^2q$$

$$p^5 + 4qp^4 + 7q^2p^3 + 5q^3p^2 + q^4p$$

Generación: 1 y 2
 Densidad: (0.5, 0.533333).
 Densidad: (1/2, 8/15).
 Periódico: ciclo 2.

Regla: 28

{0,0,0,1,1,1,0,0}



Función de densidad no determinada.

Generación: 49 y 50.

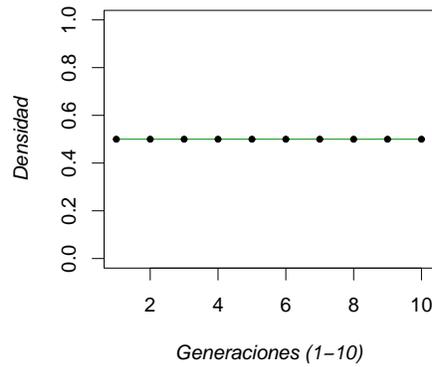
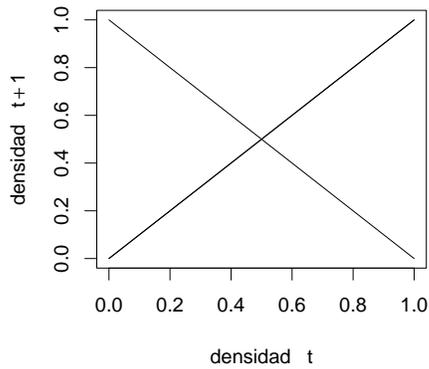
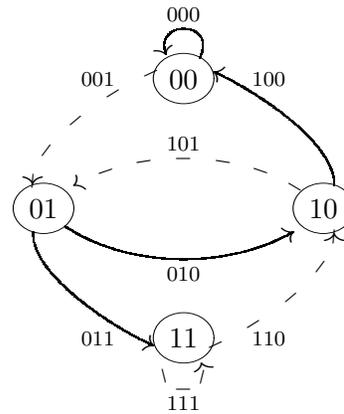
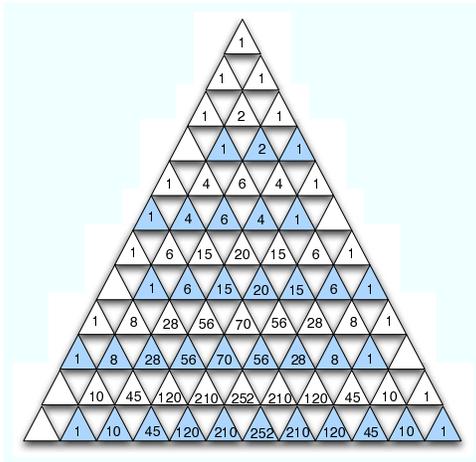
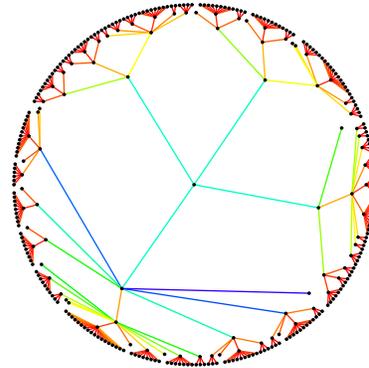
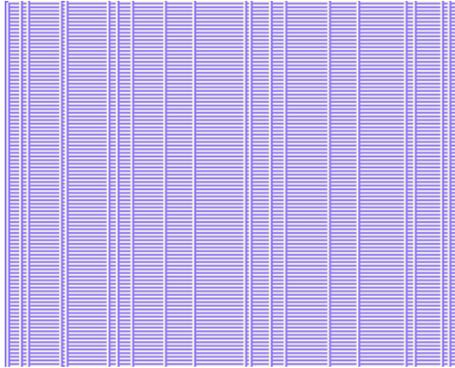
Densidad aproximada: (0.469807, 0.491578).

Periódico: ciclo 2.

Dos funciones.

Regla: 29

{0,0,0,1,1,1,0,0,1}



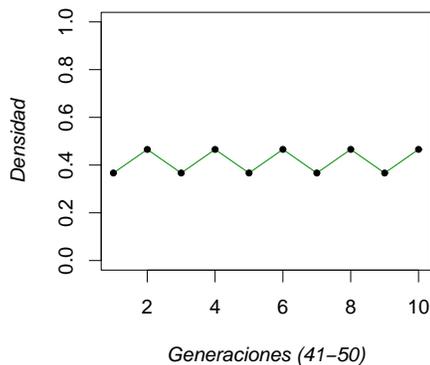
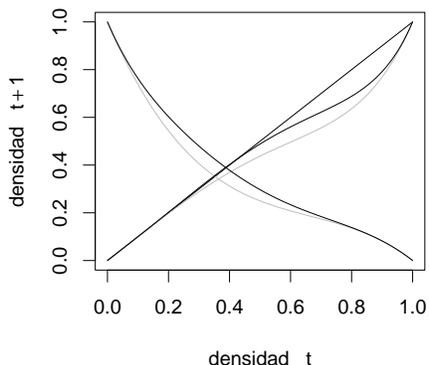
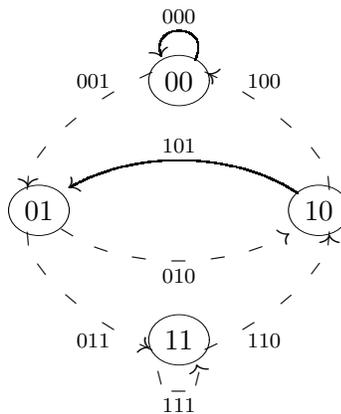
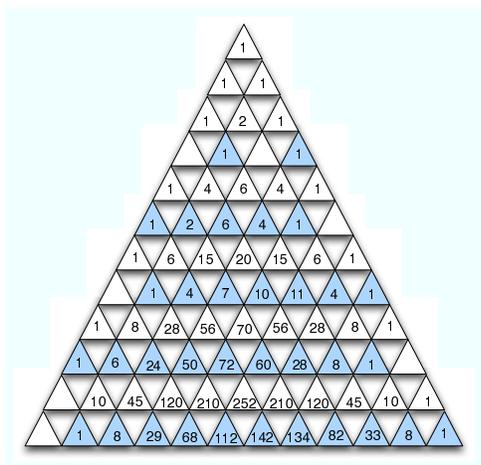
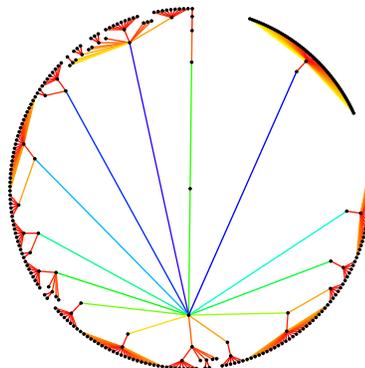
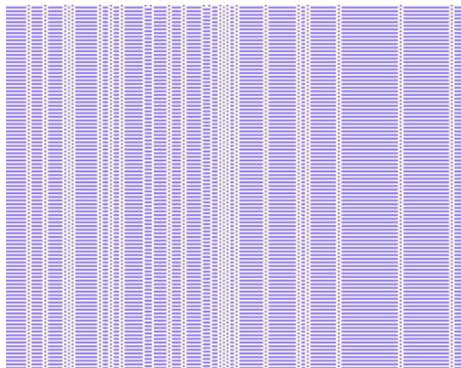
$$f(p) = p^5 + 4qp^4 + 6q^2p^3 + 4q^3p^2 + q^4p$$

$$f(p) = q^3 + 2pq^2 + p^2q$$

Generación: 1 y 2.
 Densidad: $0.5 \mapsto (1/2)$.
 Dos funciones, una densidad.

Regla: 33

{0,0,1,0,0,0,1}



$$f(p) = q^7 + 4pq^6 + 11p^2q^5 + 10p^3q^4 + 7p^4q^3 + 4p^5q^2 + p^6q$$

$$f(p) = p^9 + 6qp^8 + 24q^2p^7 + 50q^3p^6 + 72q^4p^5 + 60q^5p^4 + 28q^6p^3 + 8q^7p^2 + q^8p$$

Generación: 3 y 4.

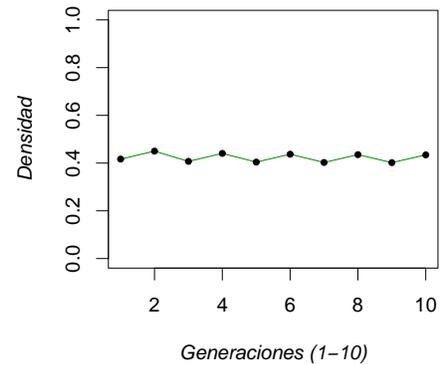
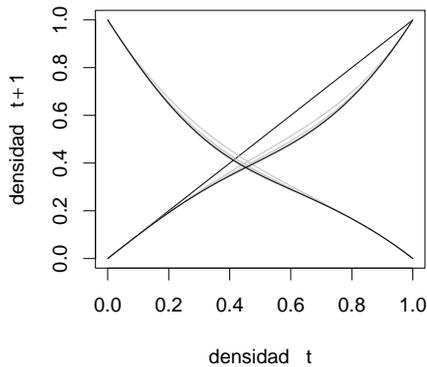
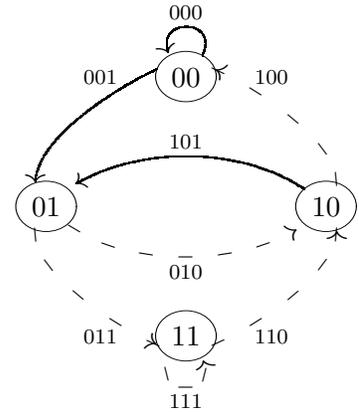
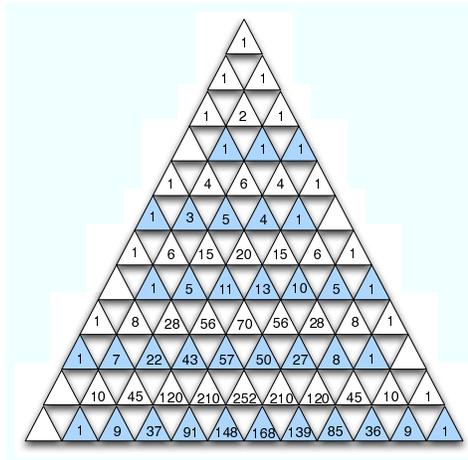
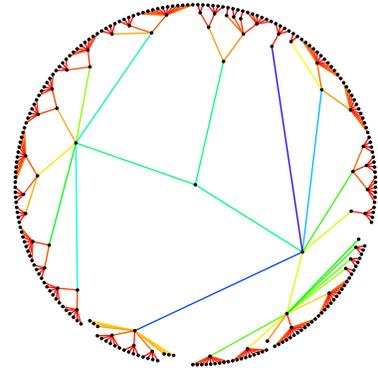
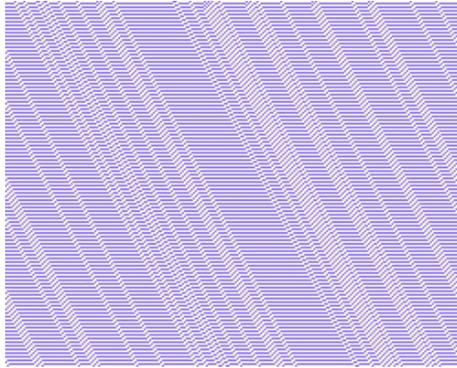
Densidad: (0.364286, 0.464286).

Densidad: (51/140, 13/28).

Periódico: ciclo 2.

Regla: 35

{0,0,1,0,0,0,1,1}

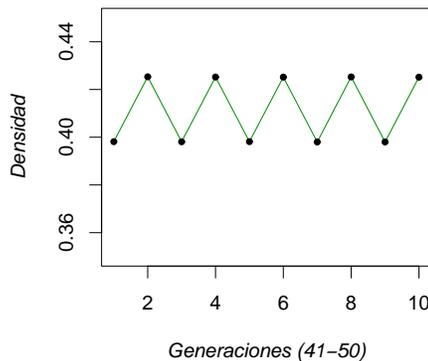
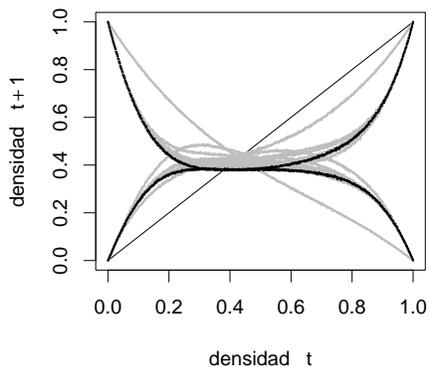
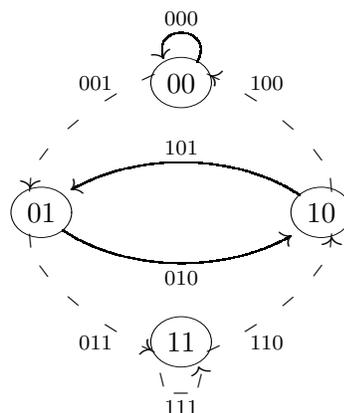
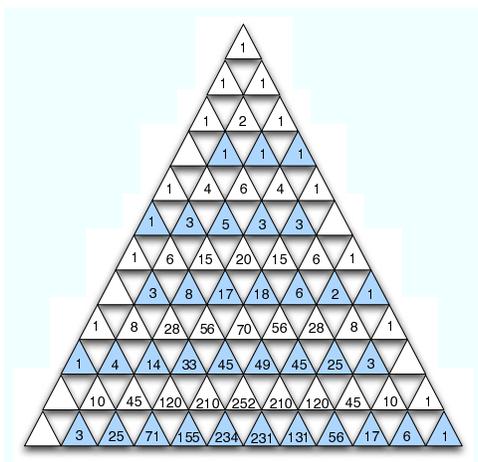
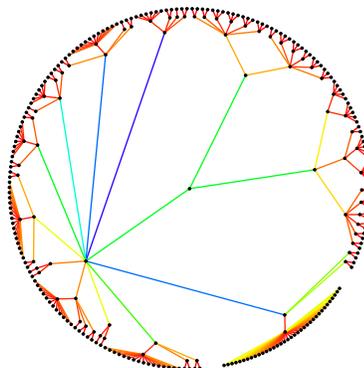
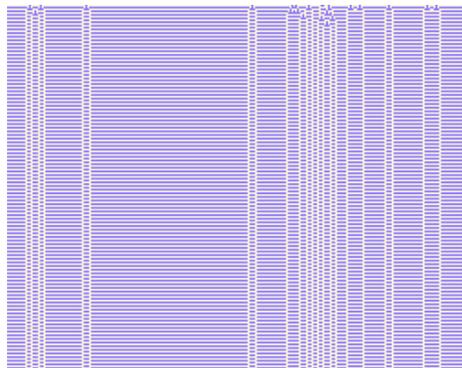


$$\begin{aligned}
 f(p) &= p^{17} + 15qp^{16} + 106q^2p^{15} + 469q^3p^{14} + \\
 &1457q^4p^{13} + 3393q^5p^{12} + 6164q^6p^{11} + 8920q^7p^{10} + \\
 &10350q^8p^9 + 9596q^9p^8 + 7033q^{10}p^7 + 4005q^{11}p^6 + \\
 &1729q^{12}p^5 + 546q^{13}p^4 + 119q^{14}p^3 + 16q^{15}p^2 + q^{16}p \\
 f(p) &= q^{19} + 17pq^{18} + 136p^2q^{17} + 681p^3q^{16} + \\
 &2396p^4q^{15} + 6308p^5q^{14} + 12977p^6q^{13} + 21512p^7q^{12} + \\
 &29249p^8q^{11} + 32804p^9q^{10} + 30260p^{10}q^9 + 22774p^{11}q^8 + \\
 &13821p^{12}q^7 + 6656p^{13}q^6 + 2486p^{14}q^5 + 695p^{15}q^4 + \\
 &137p^{16}q^3 + 17p^{17}q^2 + p^{18}q
 \end{aligned}$$

Generación: 8 y 9.
 Densidad: (0.435262, 0.401791)
 Densidad: (156851/360360, 289579/720720)
 Periódico: ciclo 2.

Regla: 37

{0,0,1,0,0,1,0,1}



Función de densidad no determinada.

Generación: 49 y 50.

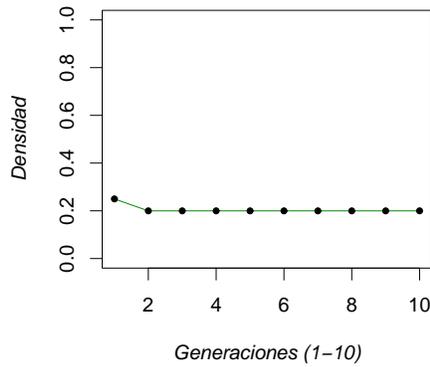
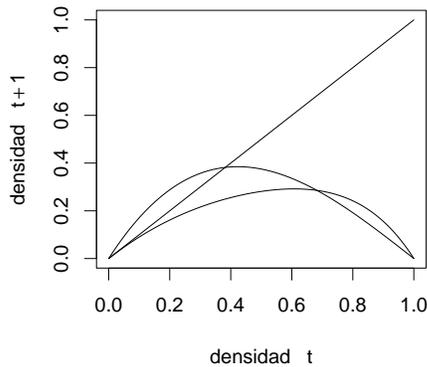
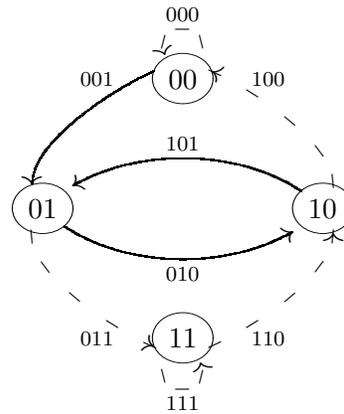
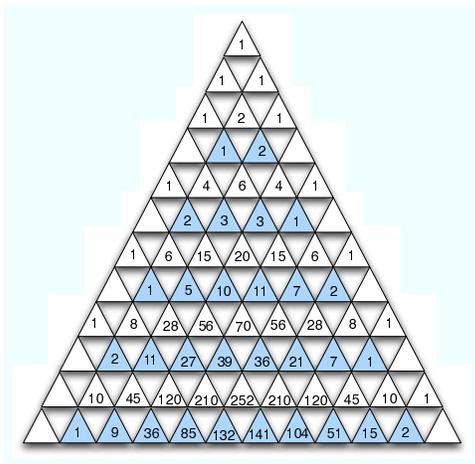
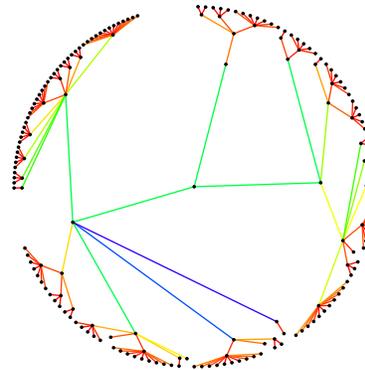
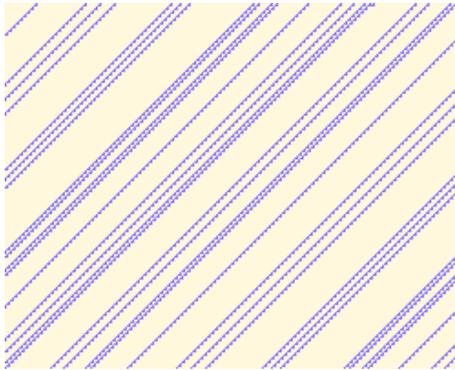
Densidad aproximada: (0.398016, 0.425176).

Periódico: ciclo 2.

Dos funciones.

Regla: 38

{0,0,1,0,0,1,1,0}



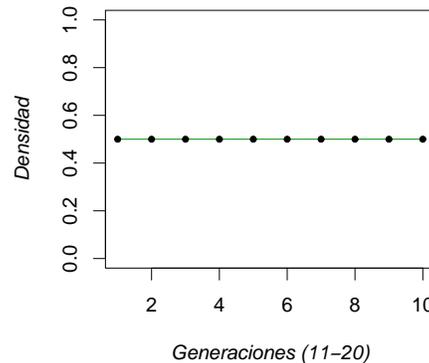
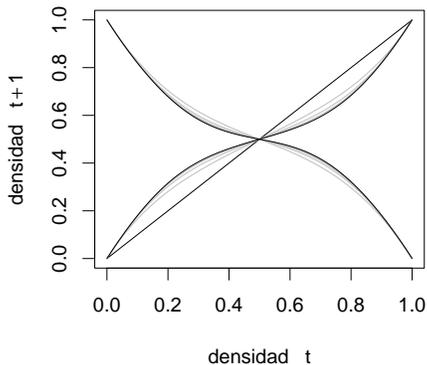
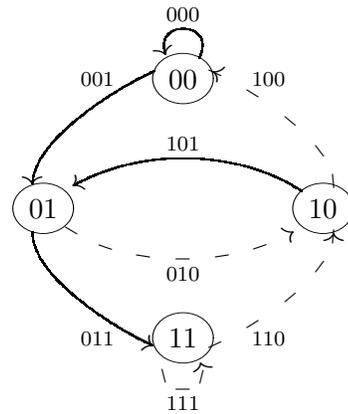
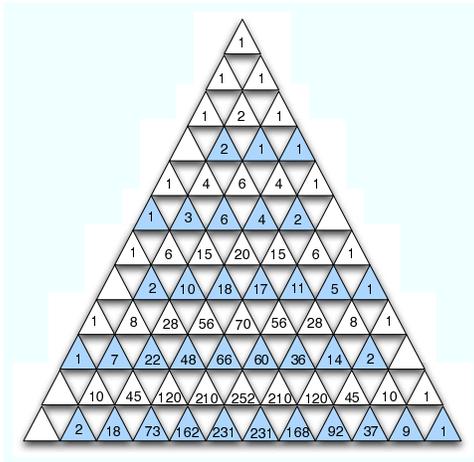
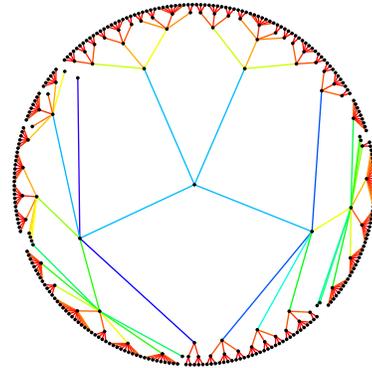
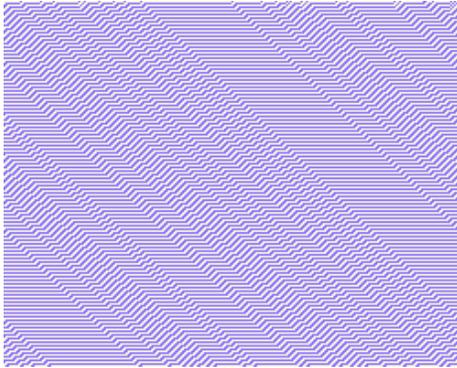
$$f(p) = 2pq^2 + p^2q$$

$$f(p) = pq^4 + 3p^2q^3 + 3p^3q^2 + 2p^4q$$

Generación: 1 y 2.
 Densidad: (0.25, 0.2).
 Densidad: (1/4, 1/5).
 Periódico: ciclo 2.

Regla: 43

{0,0,1,0,1,0,1,1}

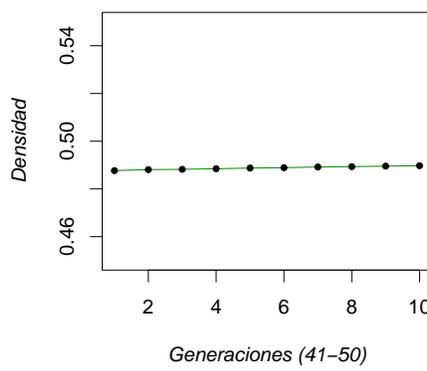
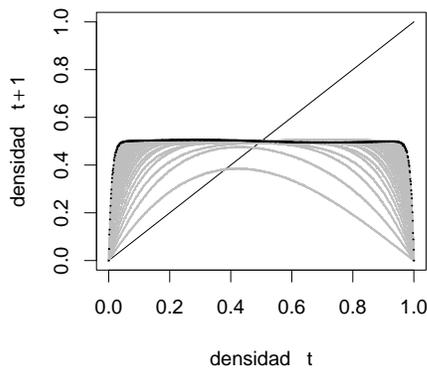
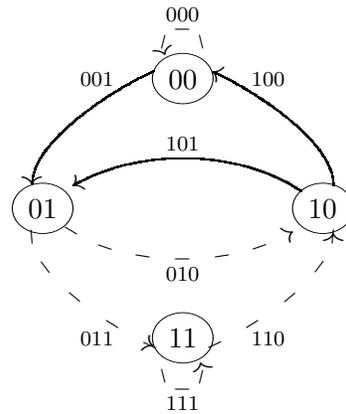
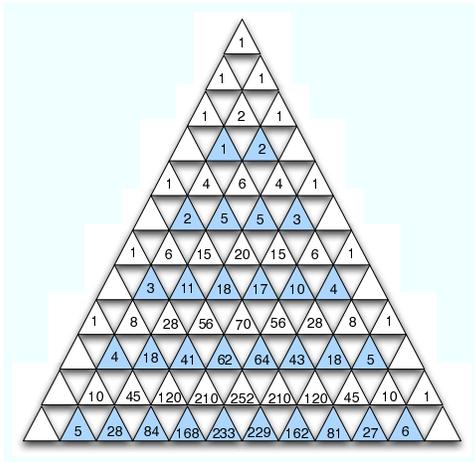
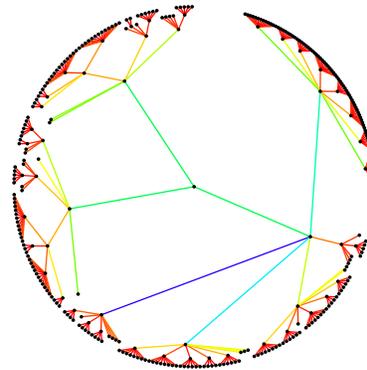
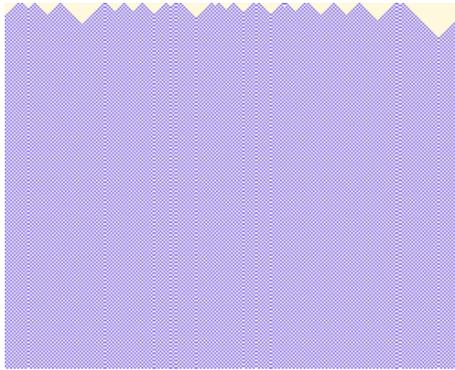


$$\begin{aligned}
 f(p) &= p^{17} + 15qp^{16} + 106q^2p^{15} + 469q^3p^{14} + \\
 &1458q^4p^{13} + 3536q^5p^{12} + 6759q^6p^{11} + 10244q^7p^{10} + \\
 &12370q^8p^9 + 11940q^9p^8 + 9204q^{10}p^7 + 5617q^{11}p^6 + \\
 &2652q^{12}p^5 + 922q^{13}p^4 + 211q^{14}p^3 + 30q^{15}p^2 + 2q^{16}p \\
 f(p) &= q^{19} + 17pq^{18} + 137p^2q^{17} + 696p^3q^{16} + \\
 &2502p^4q^{15} + 6778p^5q^{14} + 14680p^6q^{13} + 26078p^7q^{12} + \\
 &38250p^8q^{11} + 46311p^9q^{10} + 46067p^{10}q^9 + 37332p^{11}q^8 + \\
 &24310p^{12}q^7 + 12452p^{13}q^6 + 4850p^{14}q^5 + 1374p^{15}q^4 + \\
 &273p^{16}q^3 + 34p^{17}q^2 + 2p^{18}q
 \end{aligned}$$

Generación: 8 y 9
 Densidad: 0.5 \leftrightarrow (1/2).
 Dos funciones, una densidad.
 Convergencia por complemento.

Regla: 50

{0,0,1,1,0,0,1,0}

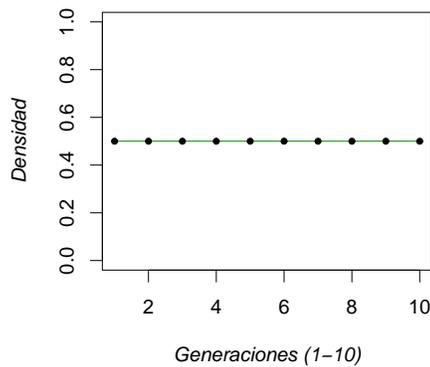
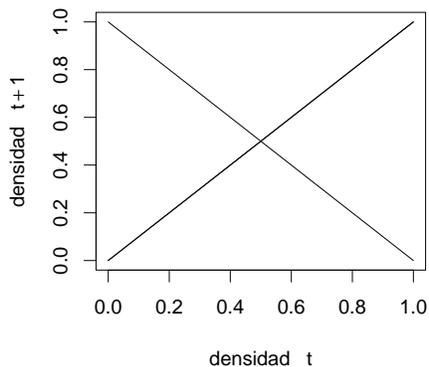
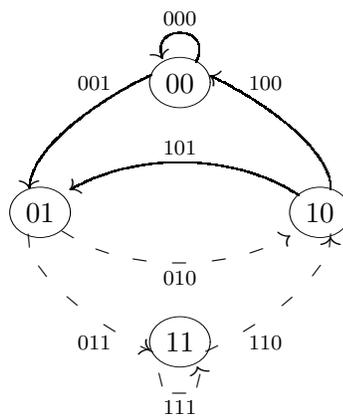
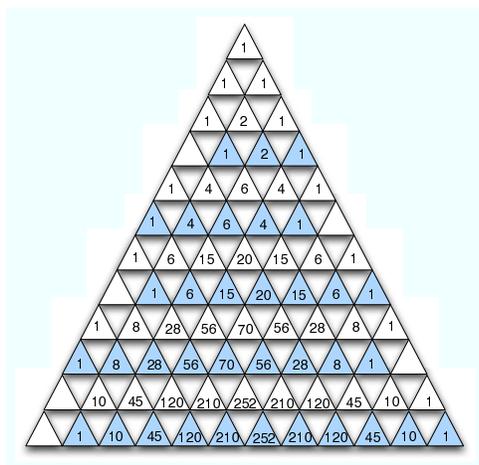
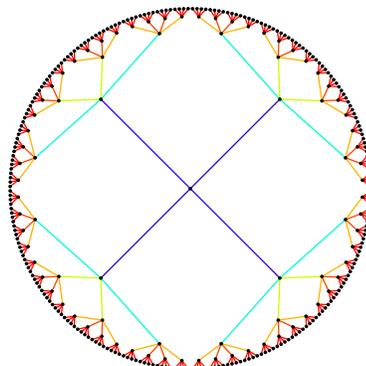
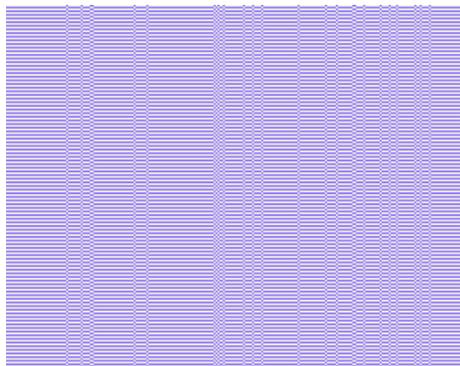


Función de densidad no determinada.

Generación: 49 y 50.
Densidad aproximada: 0.489744

Regla: 51

{0,0,1,1,0,0,1,1}

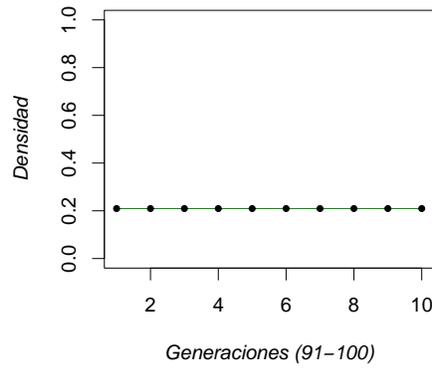
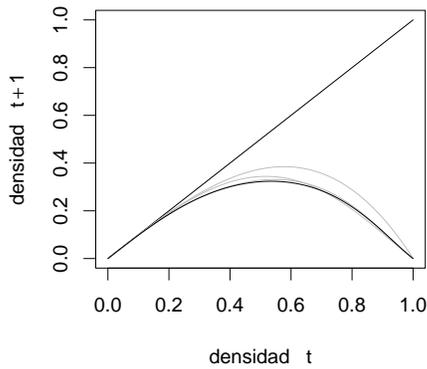
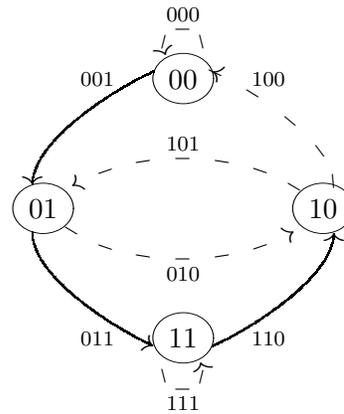
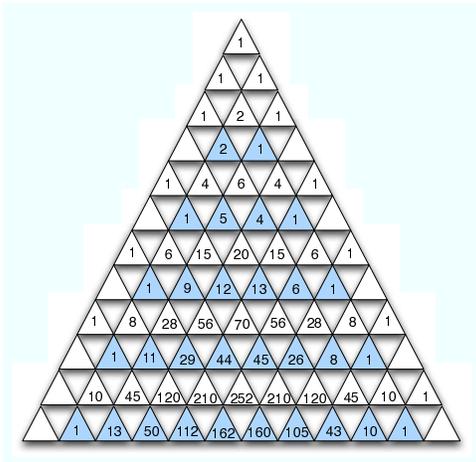
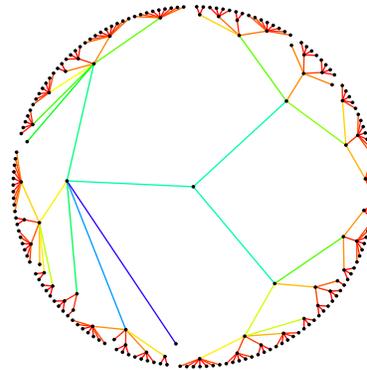
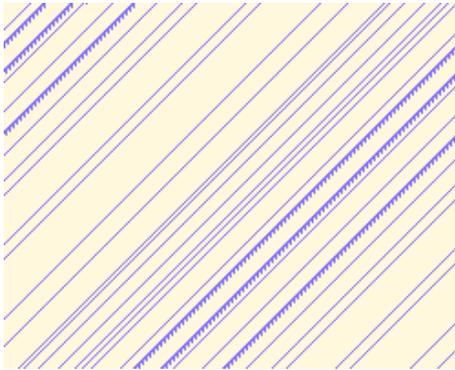


$$f(p) = p^5 + 4qp^4 + 6q^2p^3 + 4q^3p^2 + q^4p$$

Generación: 1 y 2
 Densidad: $0.5 \mapsto (1/2)$.
 Dos funciones, una densidad.

Regla: 74

{0,1,0,0,1,0,1,0}

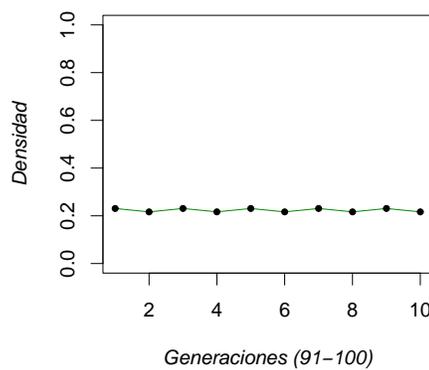
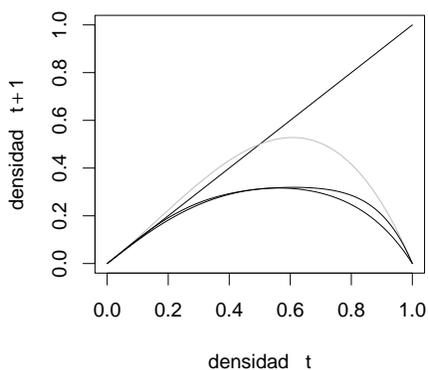
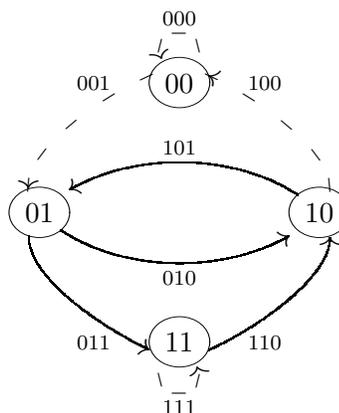
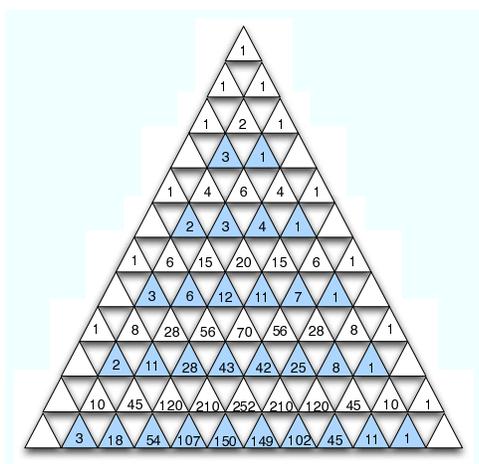
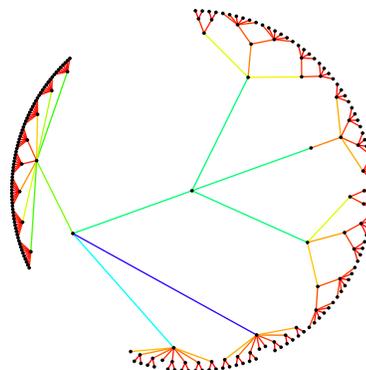
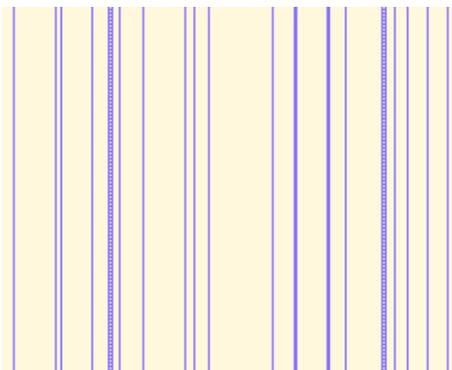


$$f(p) = pq^8 + 8p^2q^7 + 26p^3q^6 + 45p^4q^5 + 44p^5q^4 + 29p^6q^3 + 11p^7q^2 + p^8q$$

Generación: 4
 Densidad: 0.211111 \mapsto (19/20).

Regla: 108

{0,1,1,0,1,1,0,0}



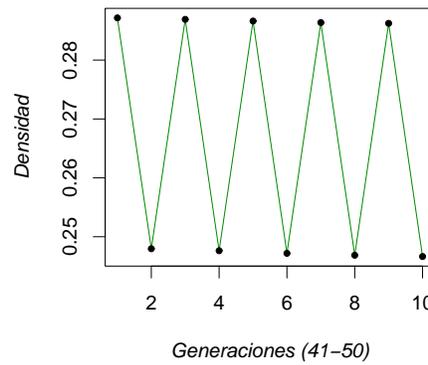
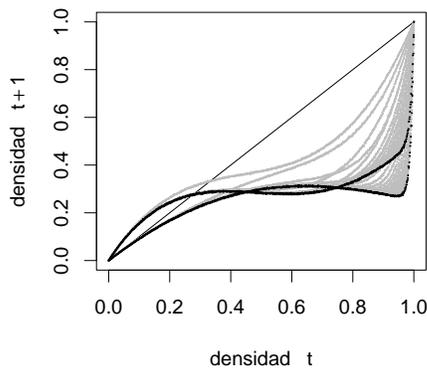
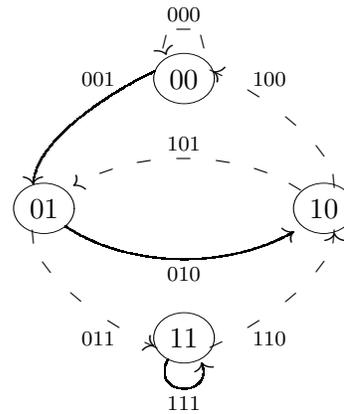
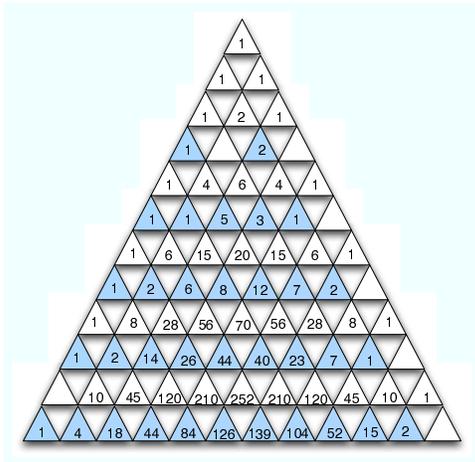
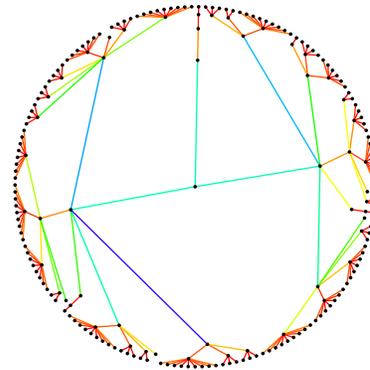
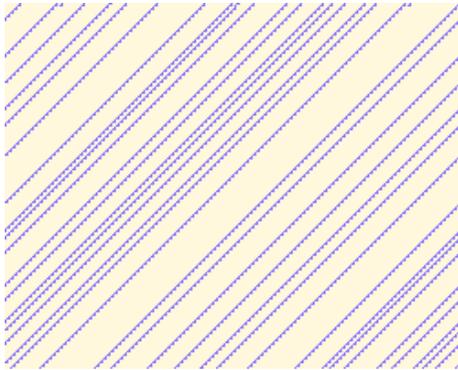
$$f(p) = pq^4 + 4p^2q^3 + 3p^3q^2 + 2p^4q$$

$$f(p) = pq^6 + 7p^2q^5 + 11p^3q^4 + 12p^4q^3 + 6p^5q^2 + 3p^6q$$

Generación: 2 y 3.
 Densidad: (0.216667, 0.230952)
 Densidad: (13/60, 97/420)
 Periódico: ciclo 2.

Regla: 134

{1,0,0,0,0,1,1,0}



Función de densidad no determinada.

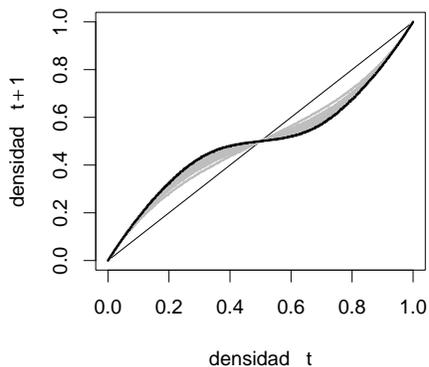
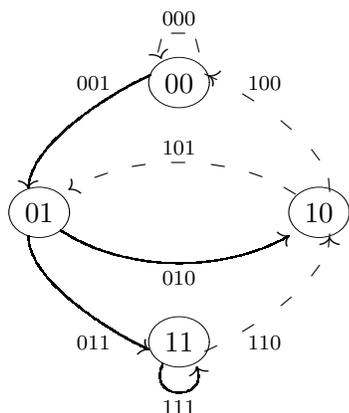
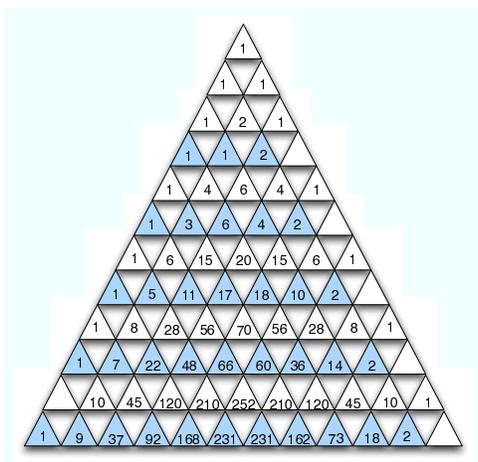
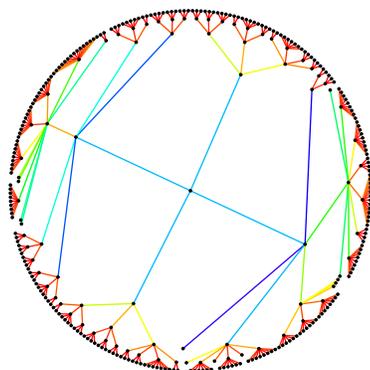
Generación: 41- 50.

Densidad aproximada: (0.286241, 0.246637)

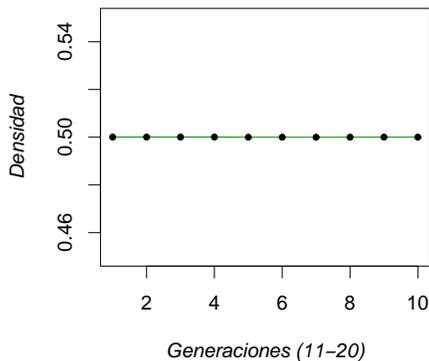
Periódico: ciclo 2.

Regla: 142

{1,0,0,0,1,1,1,0}



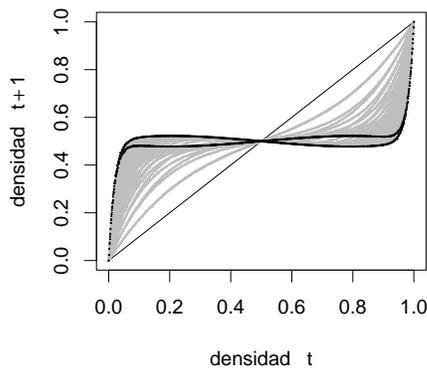
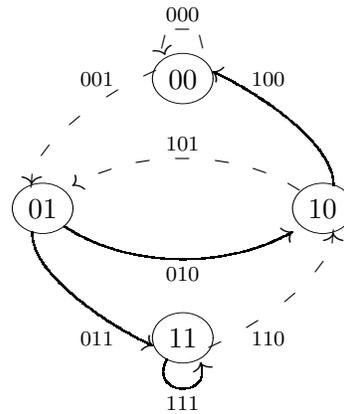
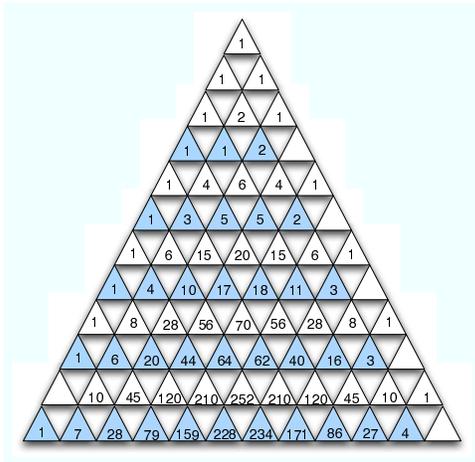
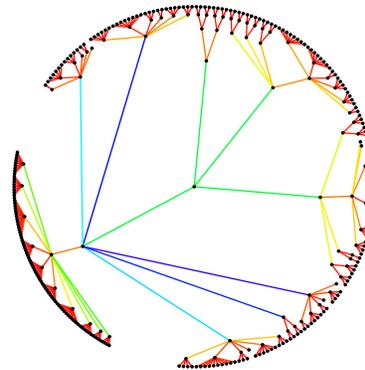
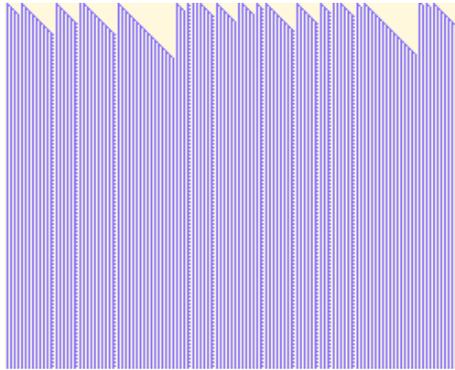
$$f(p) = 2q^2p + qp^2 + p^3$$



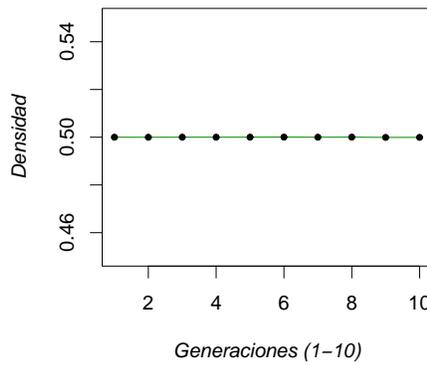
Generación: 50.
 Densidad aproximada: 0.5
 Dos funciones, una densidad.
 Convergencia por complemento.

Regla: 156

{1,0,0,1,1,1,0,0}



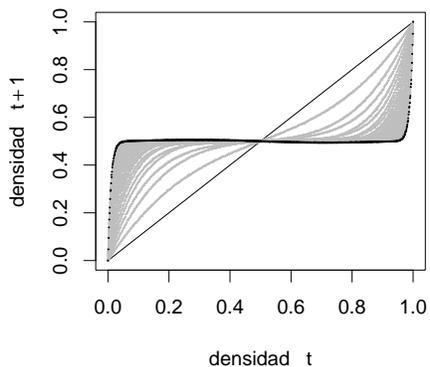
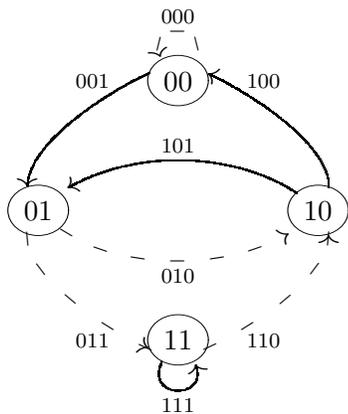
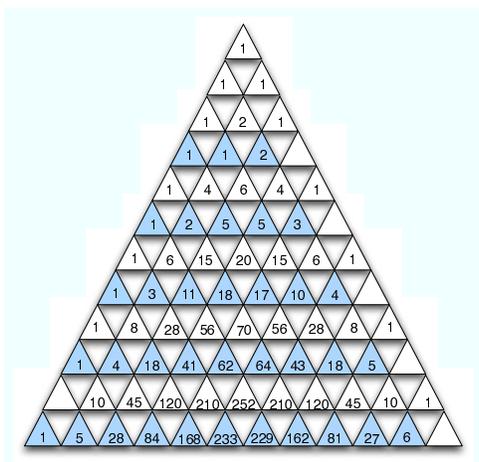
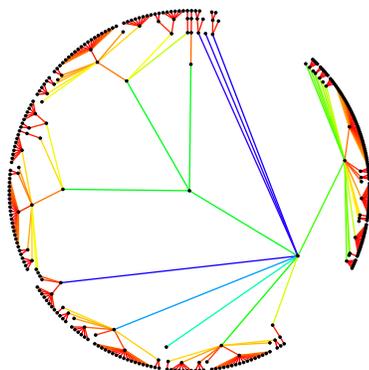
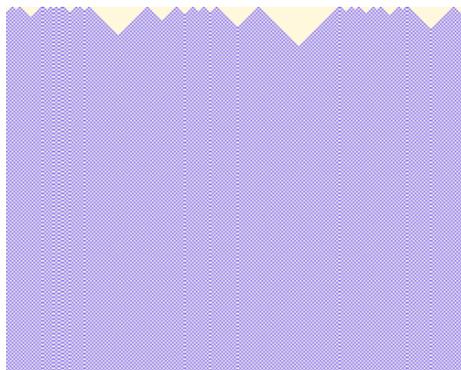
$$f(p) = 2q^2p + qp^2 + p^3$$



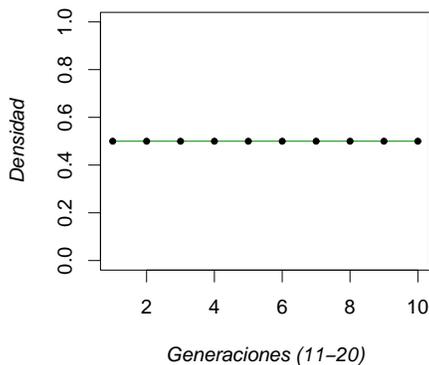
Generación: 50.
 Densidad aproximada: 0.5
 Dos funciones, una densidad.
 Convergencia por complemento.

Regla: 178

{1,0,1,1,0,0,1,0}



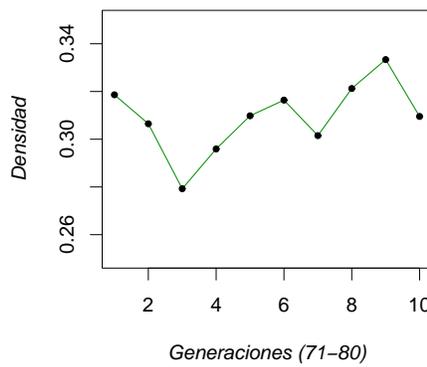
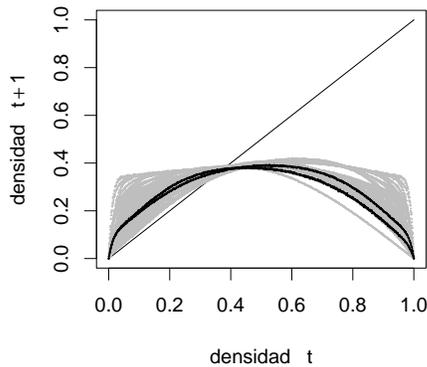
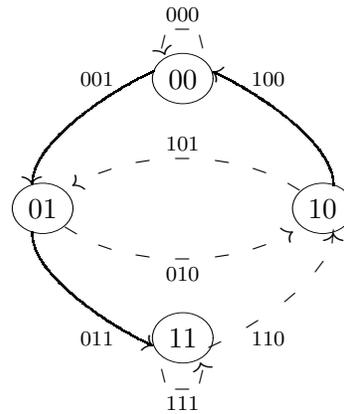
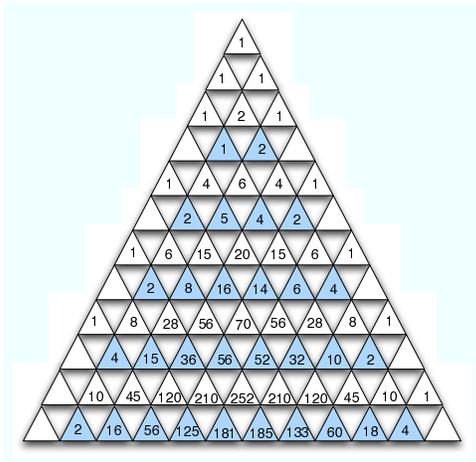
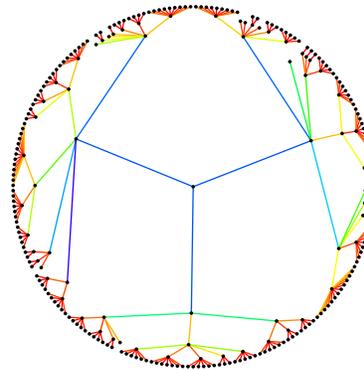
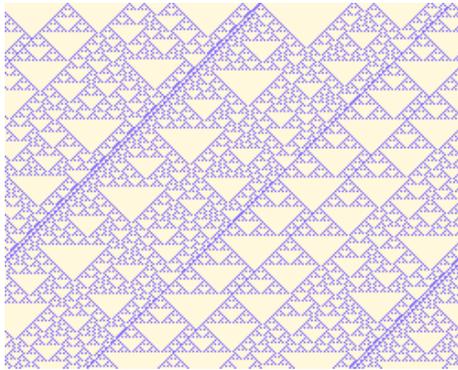
$$f(p) = 2q^2p + qp^2 + p^3$$



Generación: 50.
 Densidad aproximada: 0.5
 Dos funciones, una densidad.
 Convergencia por complemento.

Regla: 26

{0,0,0,1,1,0,1,0}



Función de densidad no determinada.

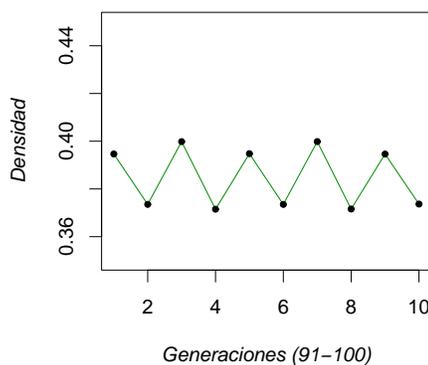
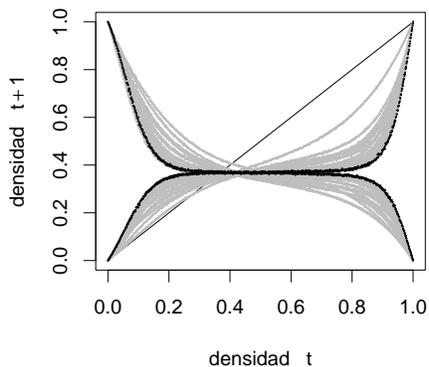
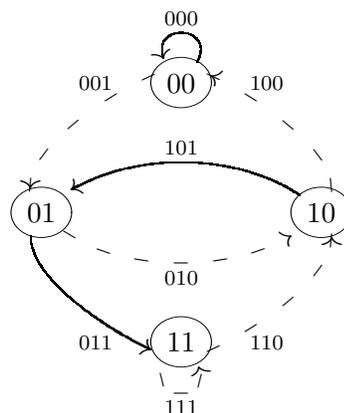
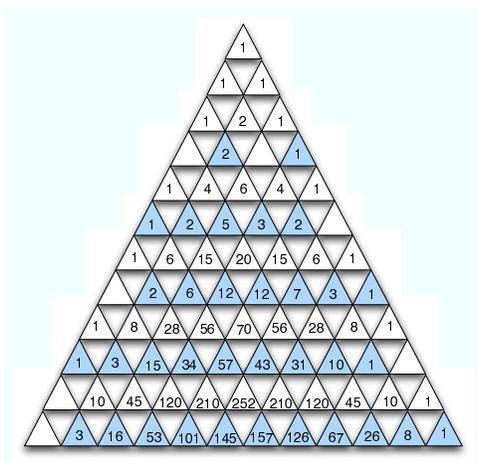
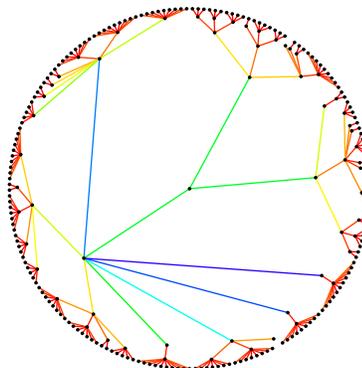
Generación: 49 y 50.

Densidad aproximada: 0.309544

Comportamiento oscilatorio (± 0.03).

Regla: 41

{0,0,1,0,1,0,0,1}



Función de densidad no determinada.

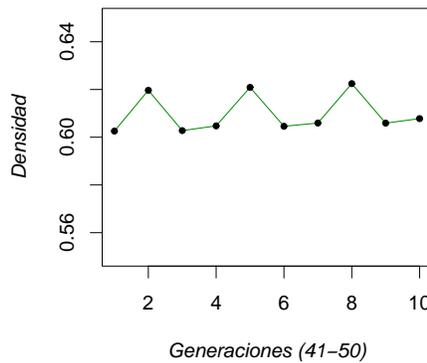
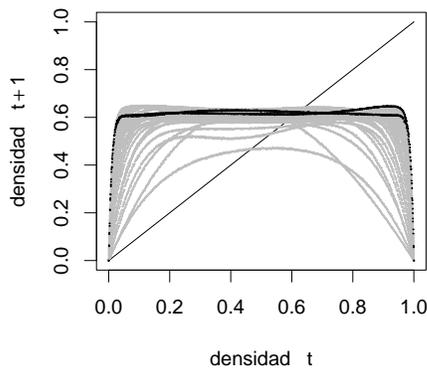
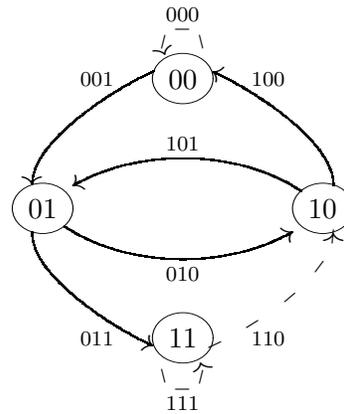
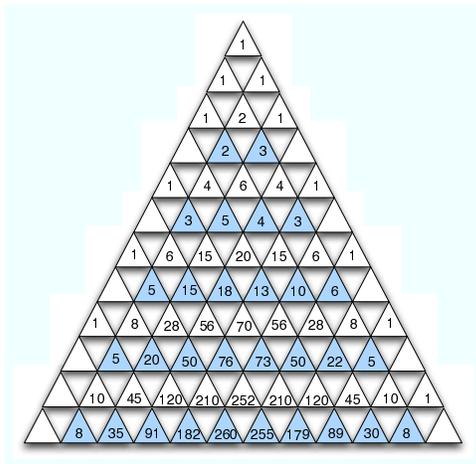
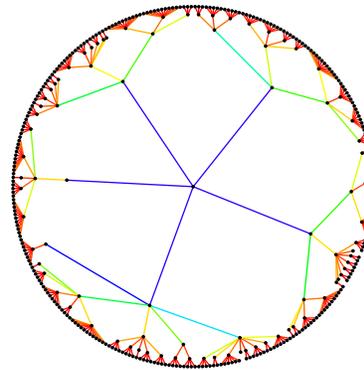
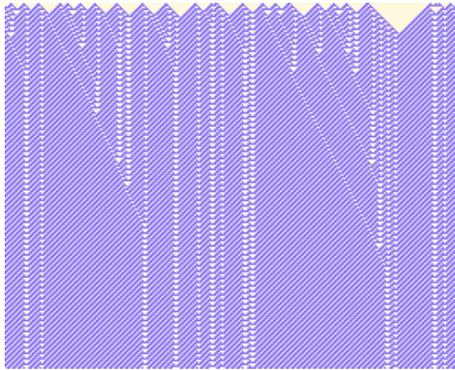
Generación: 49 y 50.

Densidad aproximada: (0.394617, 0.373666).

Comportamiento oscilatorio.

Regla: 62

{0,0,1,1,1,1,1,0}



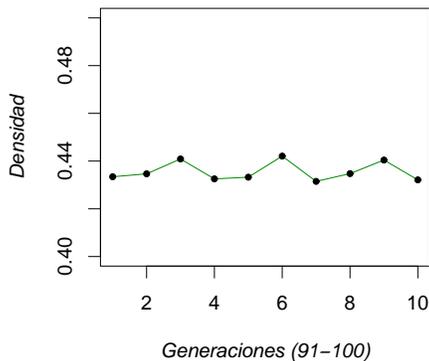
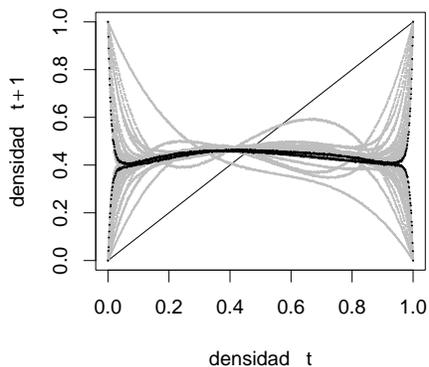
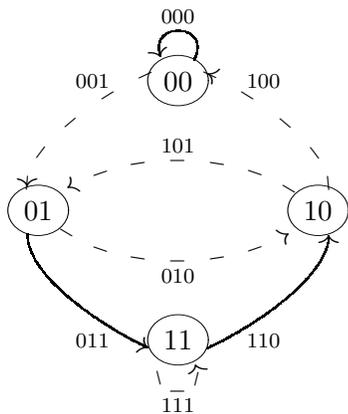
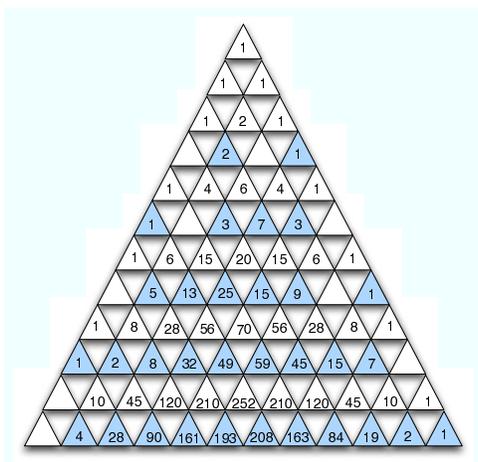
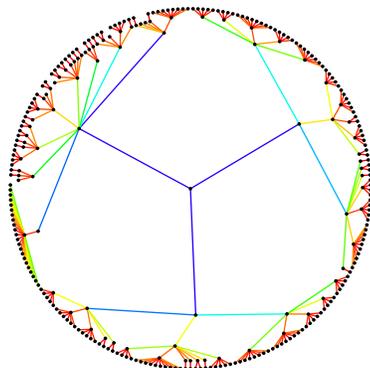
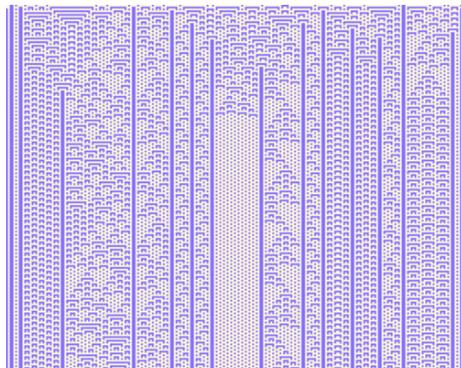
Función de densidad no determinada.

Generación: 41- 50.

Densidad aproximada: 0.607794
Comportamiento oscilatorio (± 0.002).

Regla: 73

{0,1,0,0,1,0,0,1}



Función de densidad no determinada.

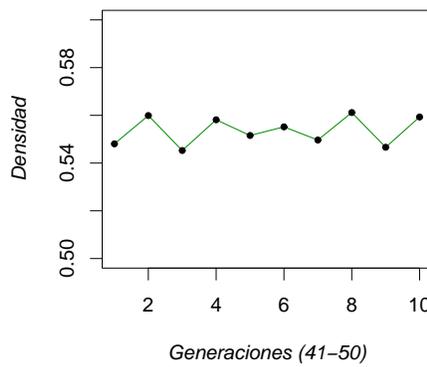
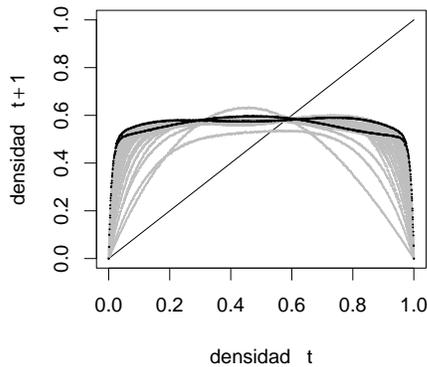
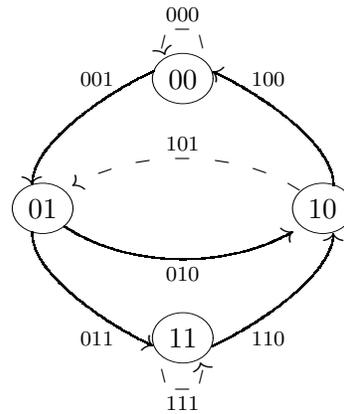
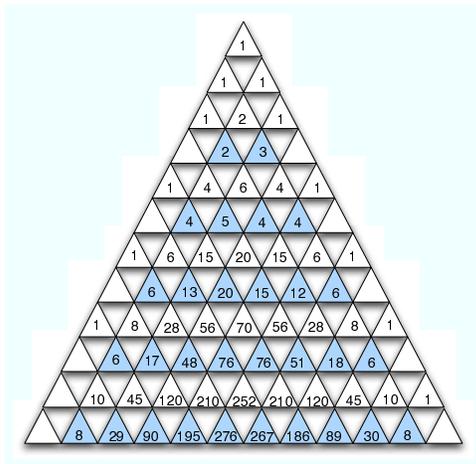
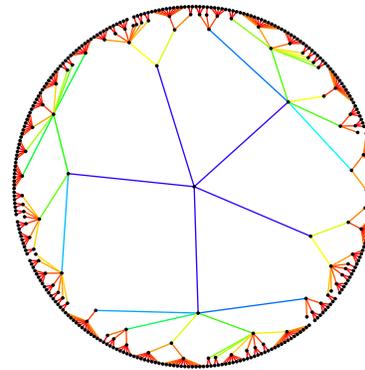
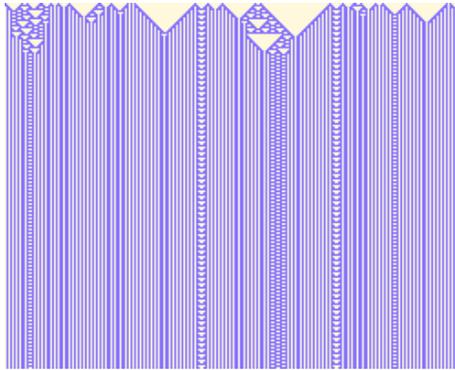
Generación: 41- 50.

Densidad aproximada: 0.432127
Comportamiento oscilatorio (± 0.01).

Dos funciones.

Regla: 94

{0,1,0,1,1,1,1,0}



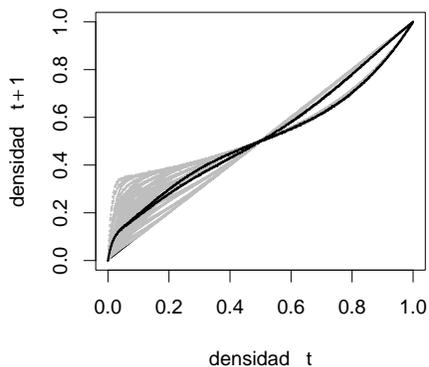
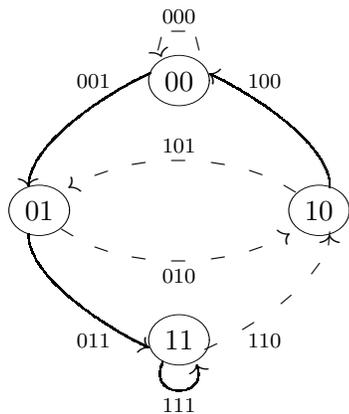
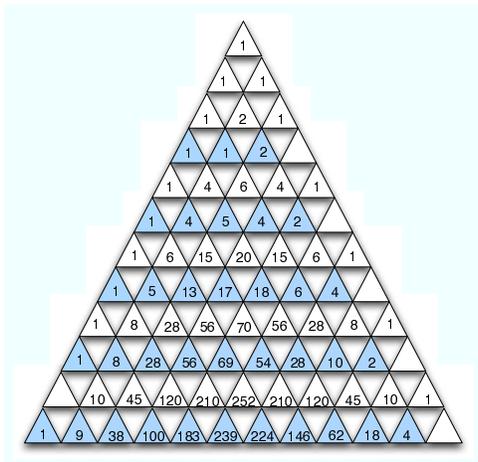
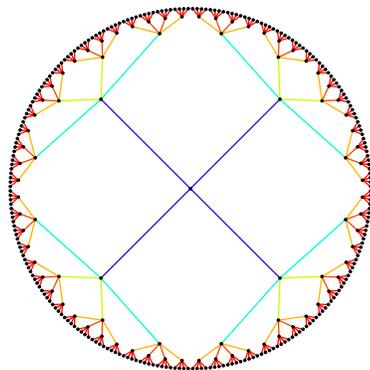
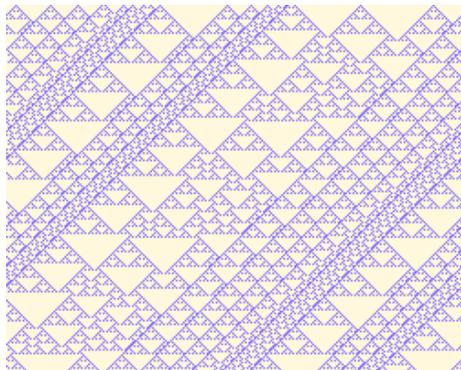
Función de densidad no determinada.

Generación: 41- 50.

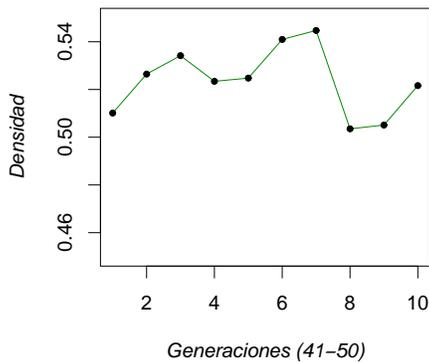
Densidad aproximada: 0.559312
Comportamiento oscilatorio (± 0.01).

Regla: 154

{1,0,0,1,1,0,1,0}



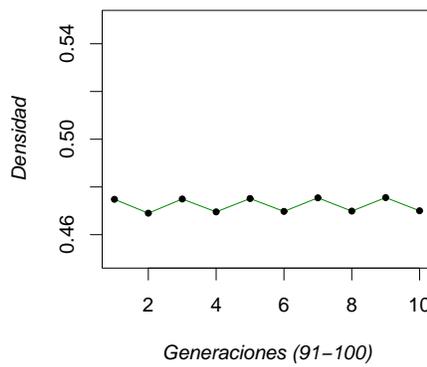
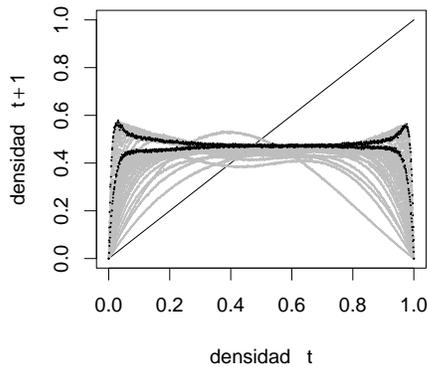
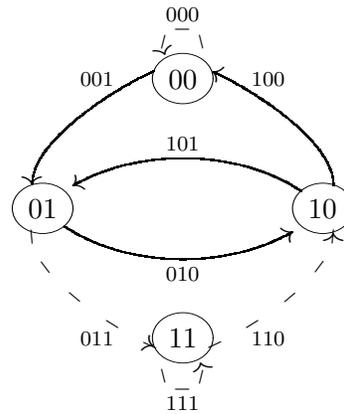
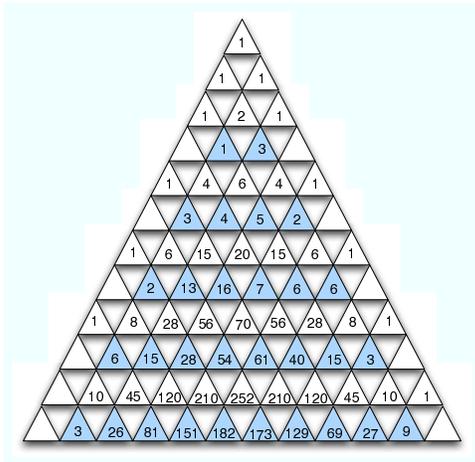
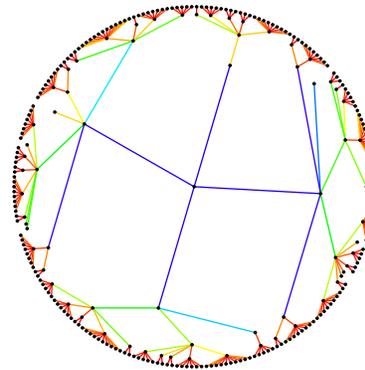
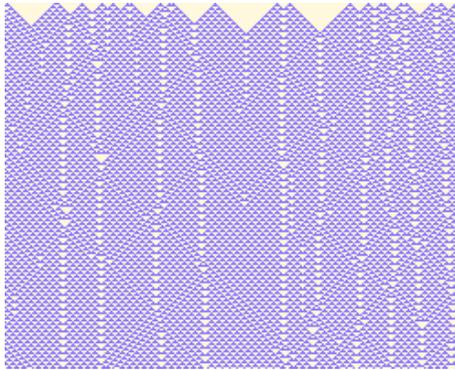
Función de densidad no determinada.



Generación: 41- 50.
Densidad aproximada: 0.521632

Regla: 54

{0,0,1,1,0,1,1,0}



Función de densidad no determinada.

Generación: 49 y 50.

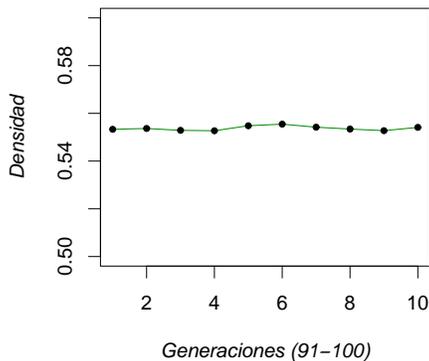
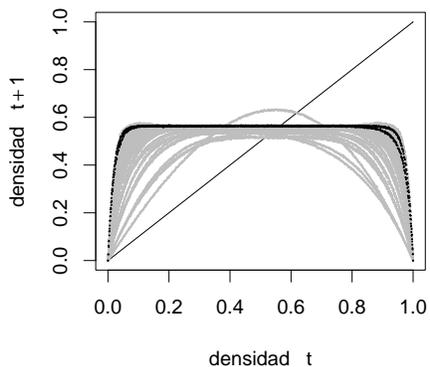
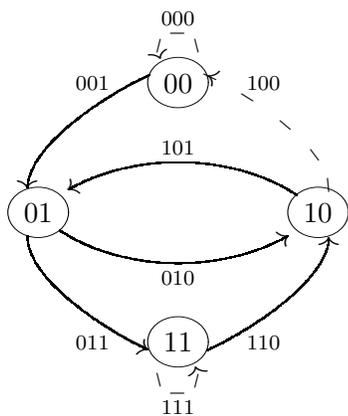
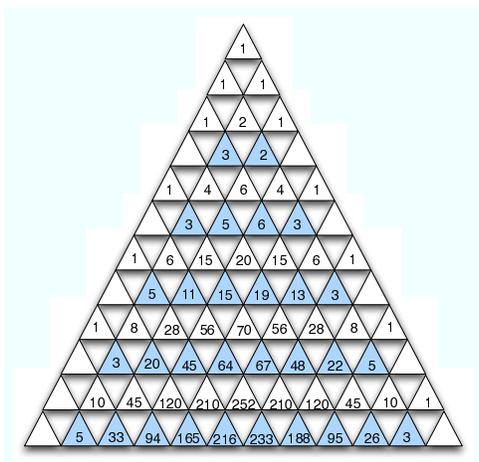
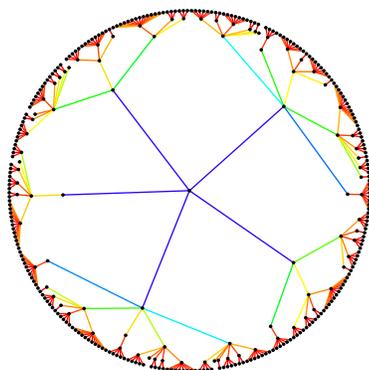
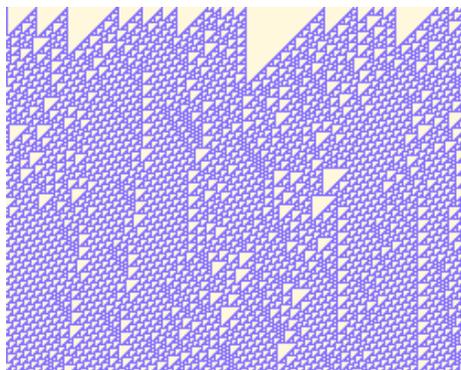
Densidad aproximada: 0.470016

Comportamiento oscilatorio (± 0.005).

Dos funciones.

Regla: 110

{0,1,1,0,1,1,1,0}

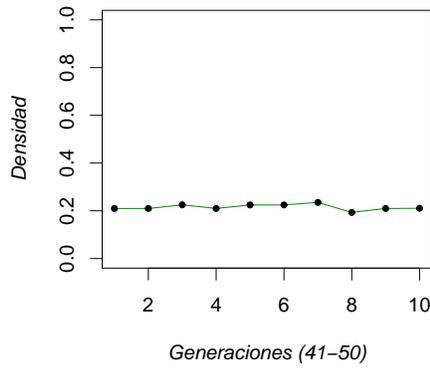
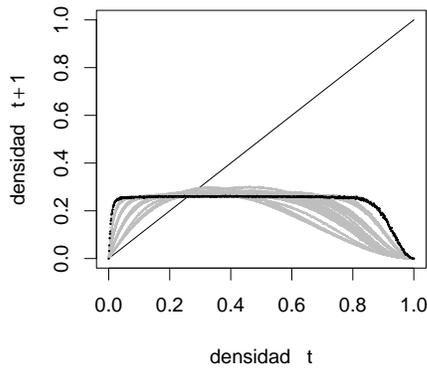
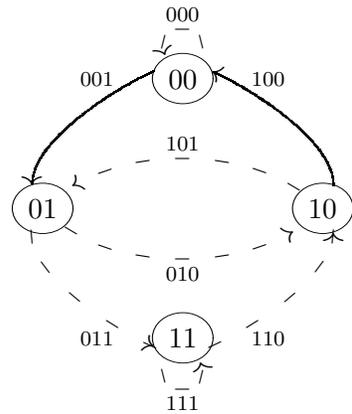
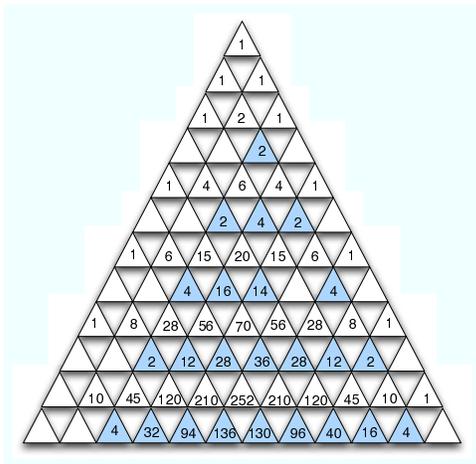
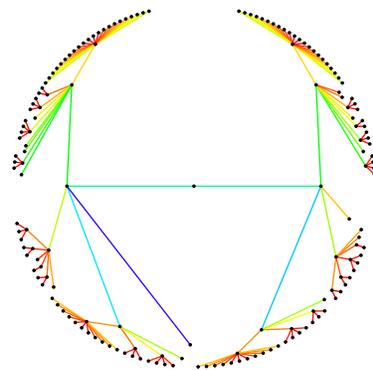
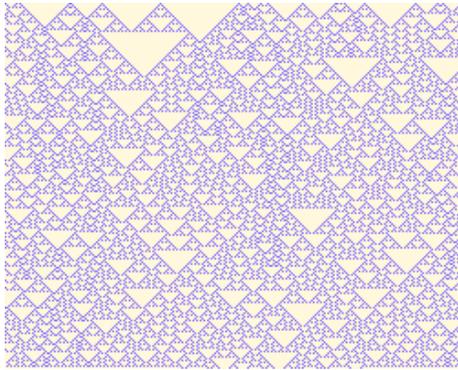


Función de densidad no determinada.

Generación: 91- 100.
 Densidad aproximada: 0.554130
 Comportamiento oscilatorio (± 0.002).

Regla: 18

{0,0,0,1,0,0,1,0}



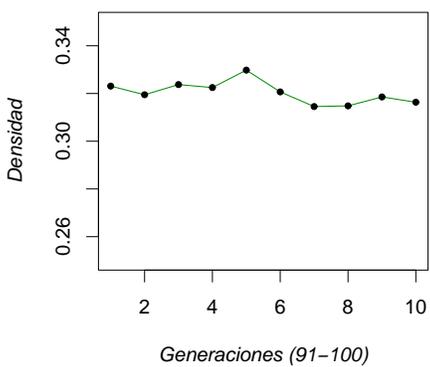
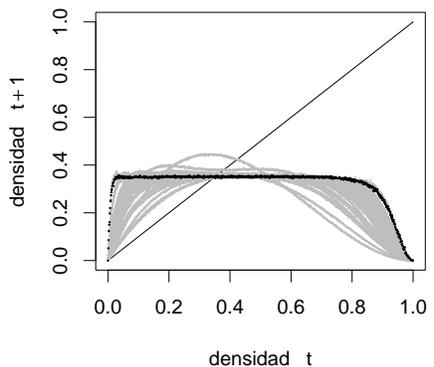
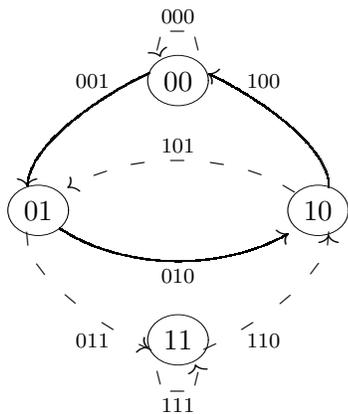
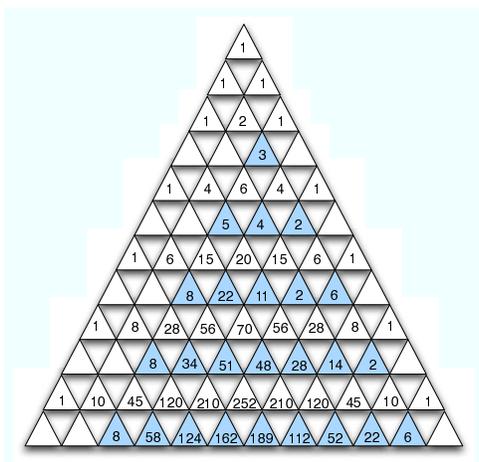
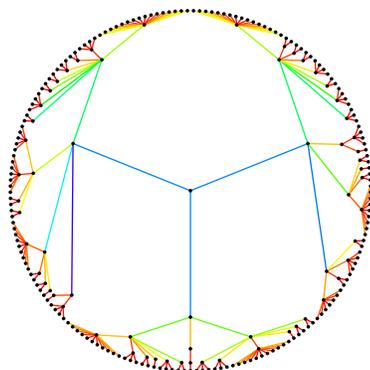
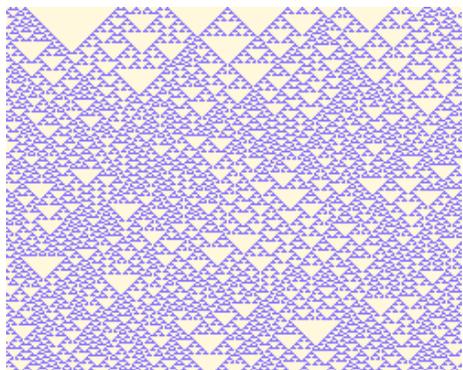
Función de densidad no determinada.

Generación: 50.

Densidad aproximada: 0.210551
Comportamiento oscilatorio (± 0.02).

Regla: 22

$\{0,0,0,1,0,1,1,0\}$



Función de densidad no determinada.

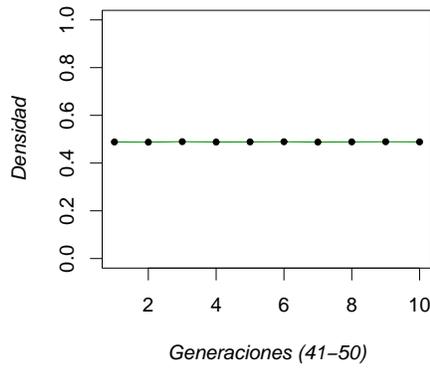
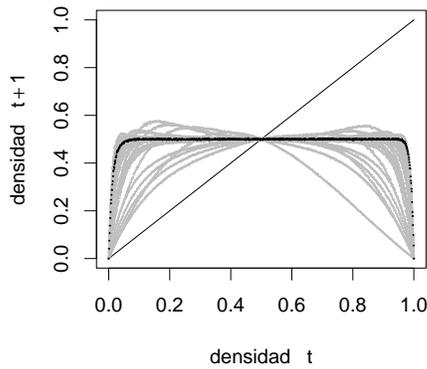
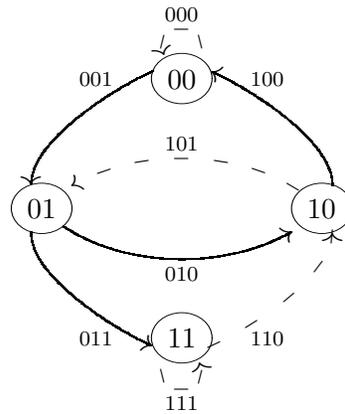
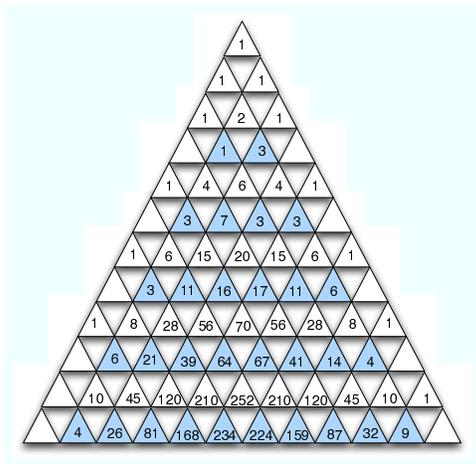
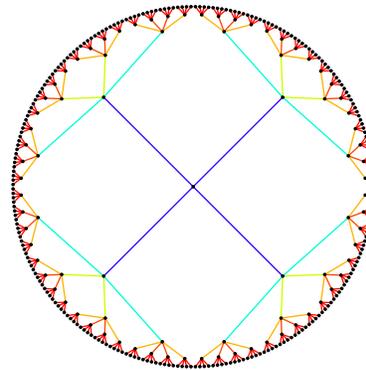
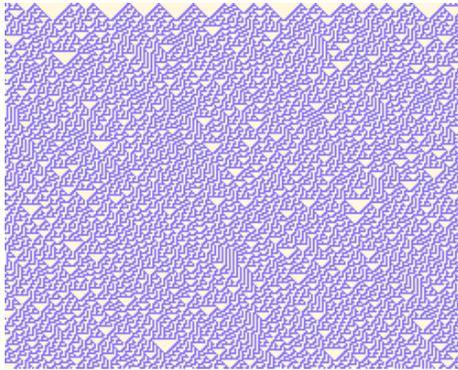
Generación: 50.

Densidad aproximada: 0.316342.

Comportamiento oscilatorio.

Regla: 30

{0,0,0,1,1,1,0}

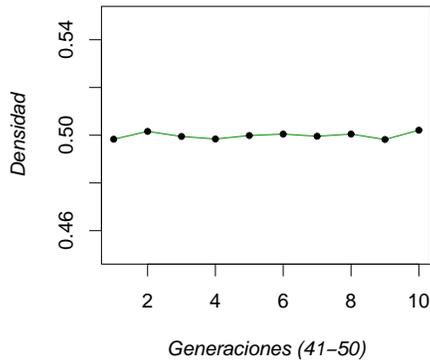
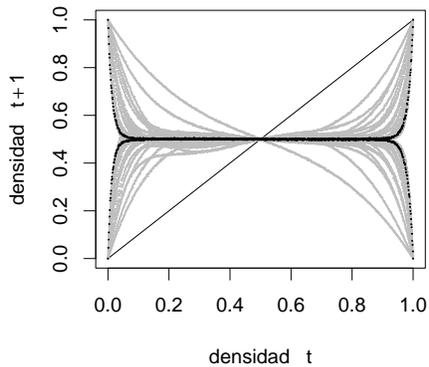
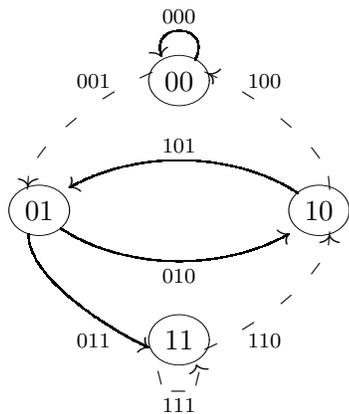
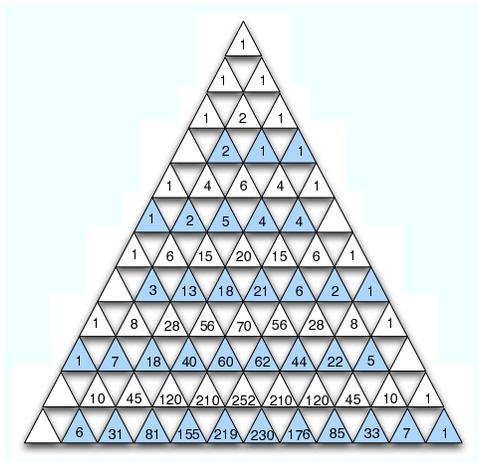
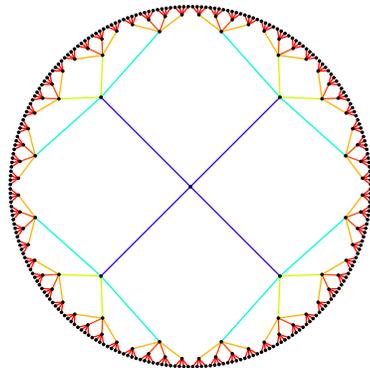
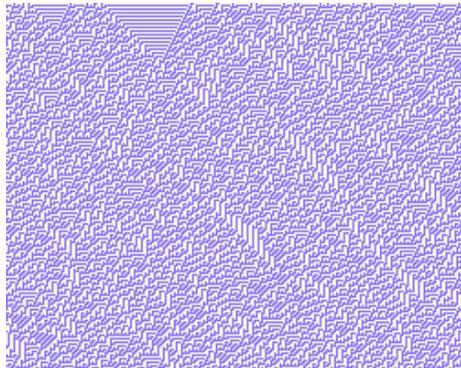


Función de densidad no determinada.

Densidad: 0.5.
 $\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{4^n}{2^{2n+1}} = 0.5.$

Regla: 45

{0,0,1,0,1,1,0,1}

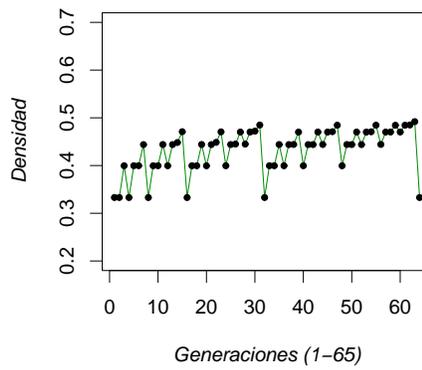
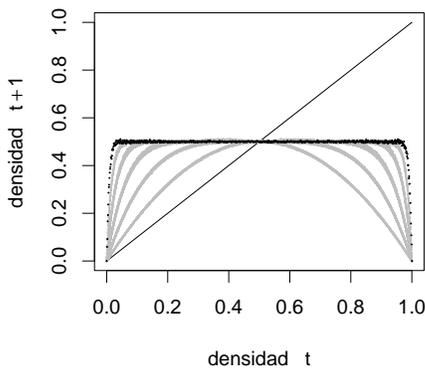
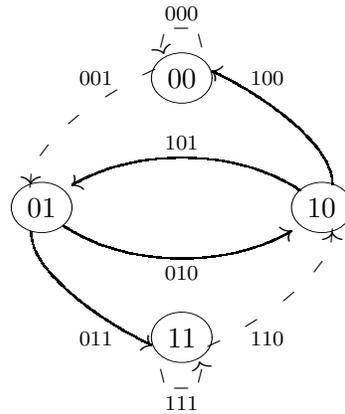
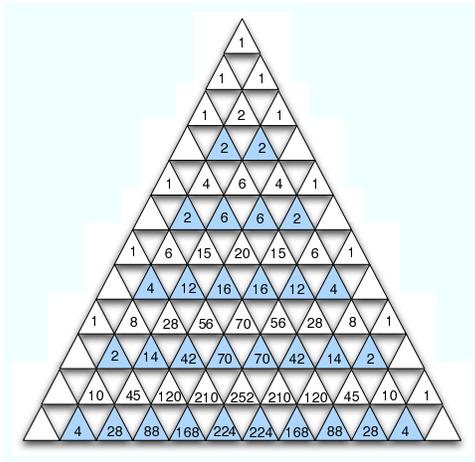
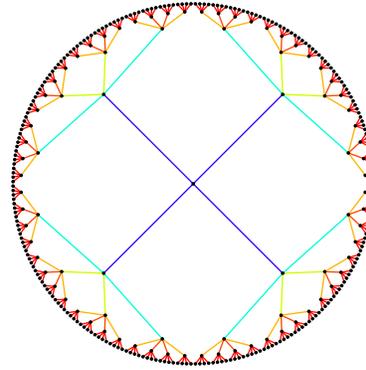
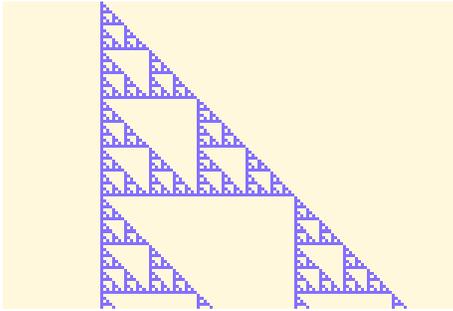


Función de densidad no determinada.

Generación: 49 y 50.
 Densidad aproximada: 0.5
 Dos funciones, una densidad.

Regla: 60

{0,0,1,1,1,1,0,0}



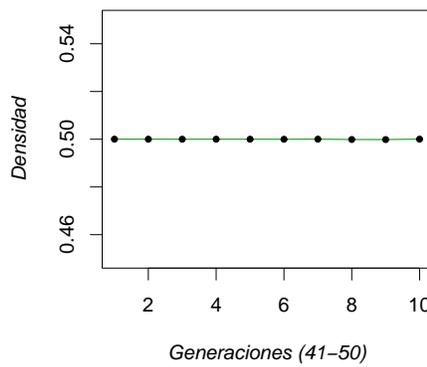
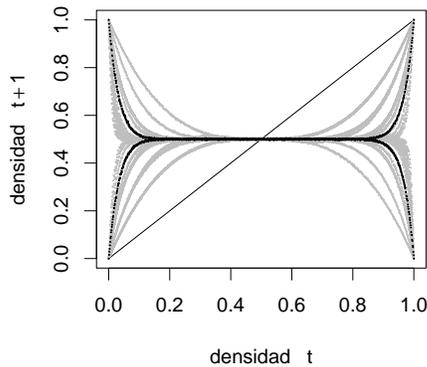
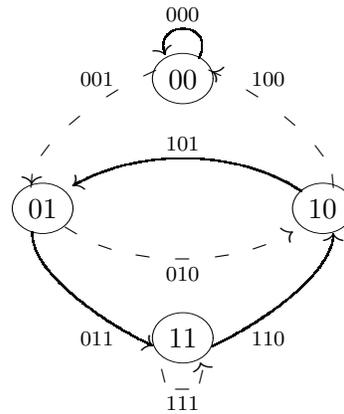
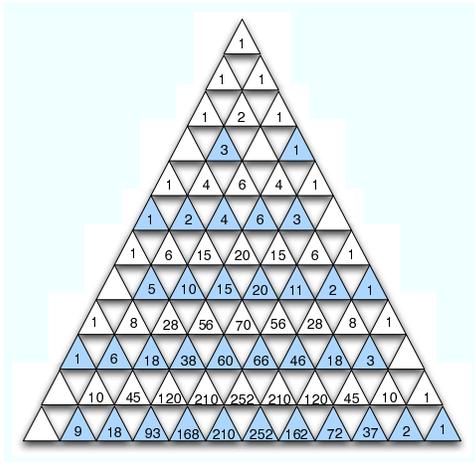
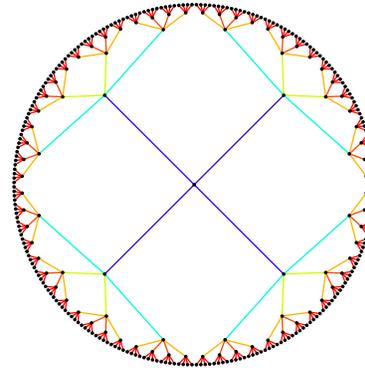
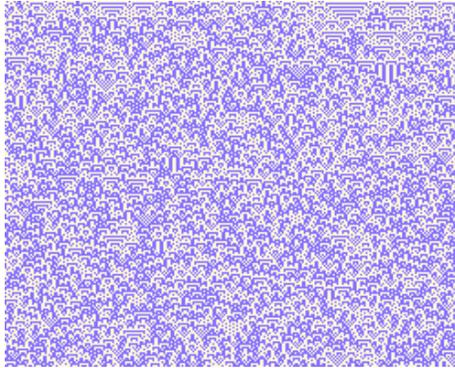
Función de densidad no determinada.

Generación: 1- 65.
Densidad: 0.5
Convergencia fractal



Regla: 105

{0,1,1,0,1,0,0,1}

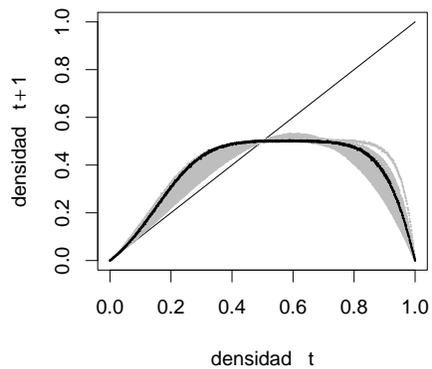
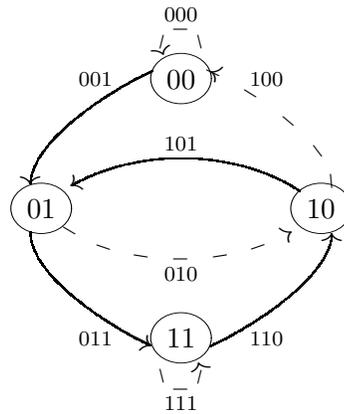
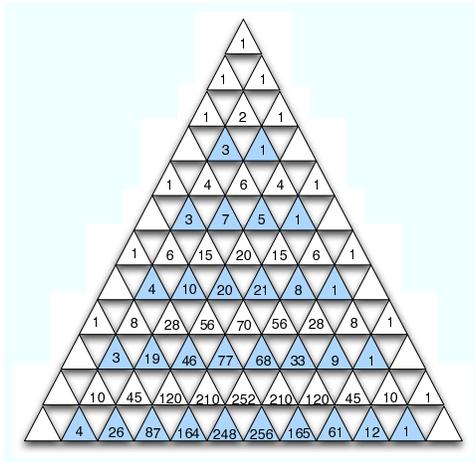
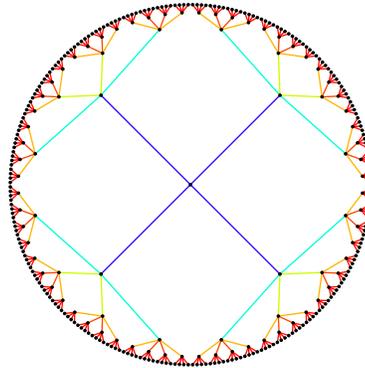
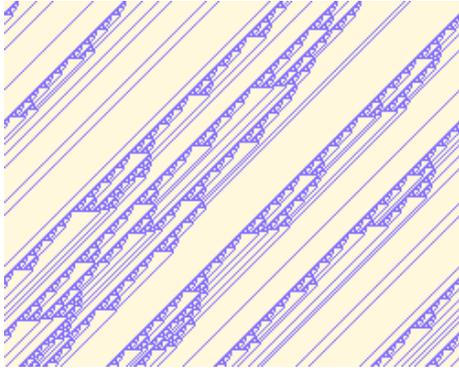


$$f(p) = q^3 + 3qp^2$$

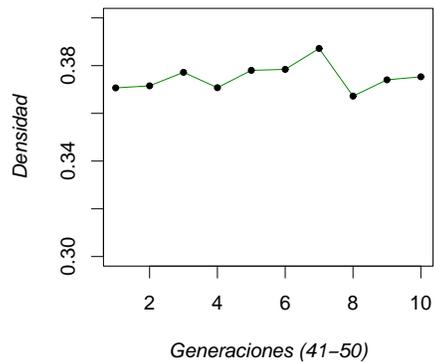
$$f(p) = 3q^4p + 6q^3p^2 + 4q^2p^3 + 2qp^4 + p^5$$

Generación: 41- 50.
 Densidad aproximada: 0.5
 Dos funciones, una densidad.
 Convergencia por complemento.

Regla: 106

 $\{0,1,1,0,1,0,1,0\}$ 

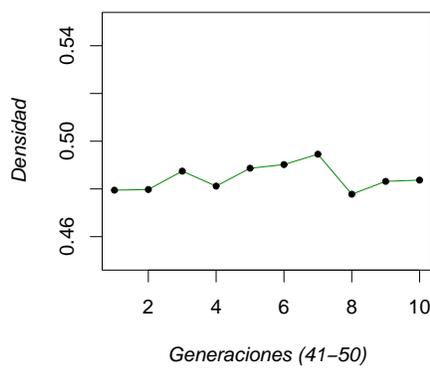
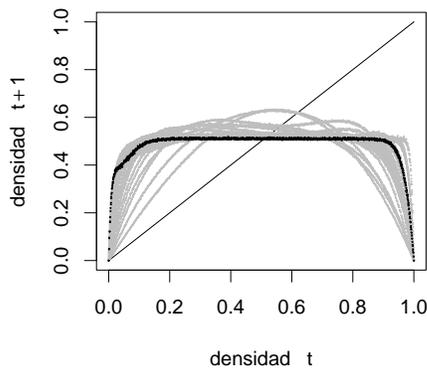
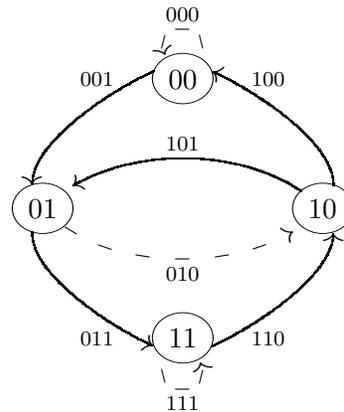
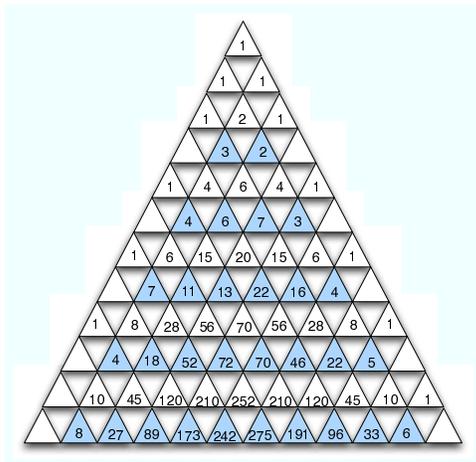
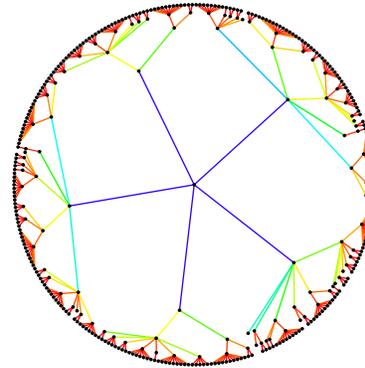
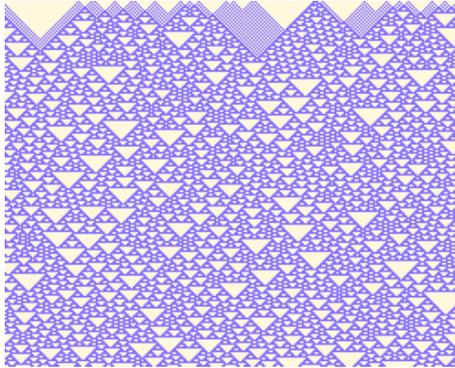
Función de densidad no determinada.



Generación: 41- 50.
 Densidad aproximada: 0.375329

Regla: 122

{0,1,1,1,1,0,1,0}



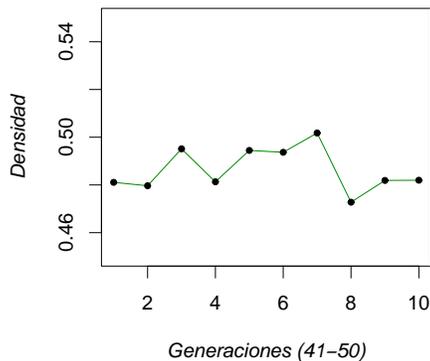
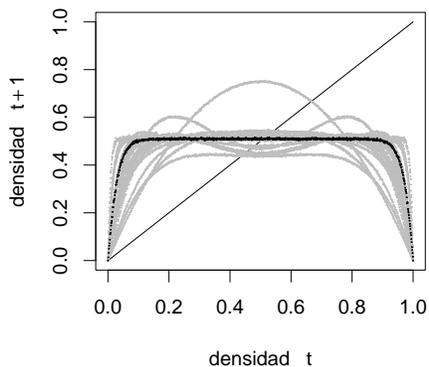
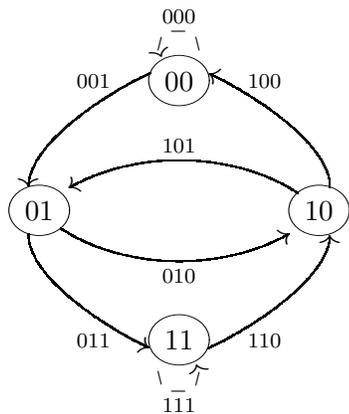
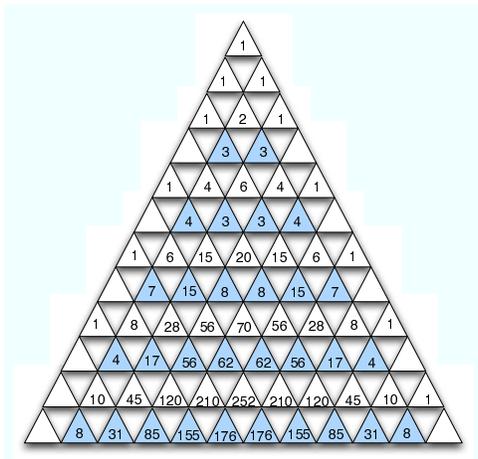
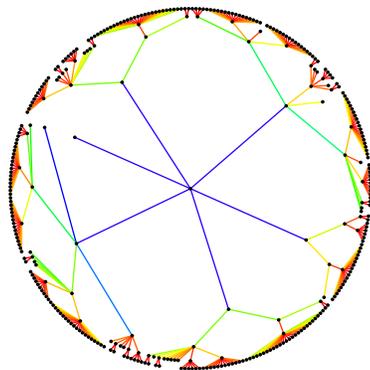
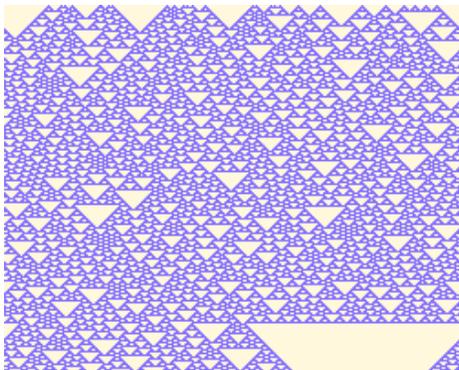
Función de densidad no determinada.

Generación: 41- 50.

Densidad aproximada: 0.483698
Comportamiento oscilatorio. (± 0.01)

Regla: 126

{0,1,1,1,1,1,1,0}



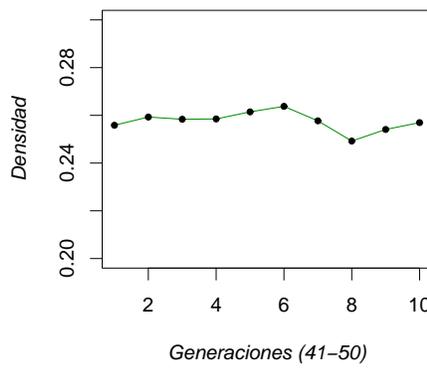
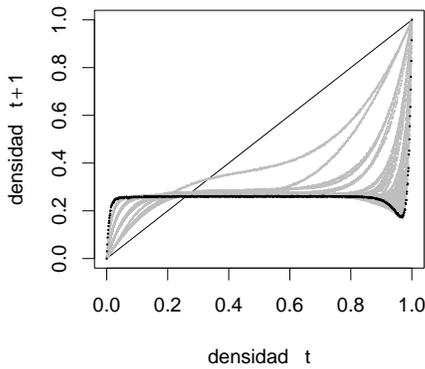
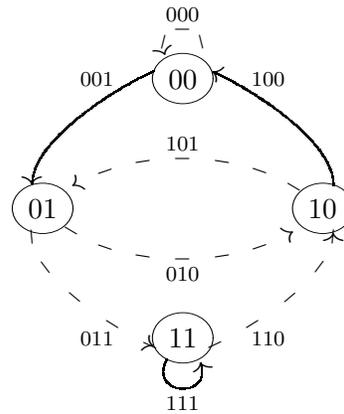
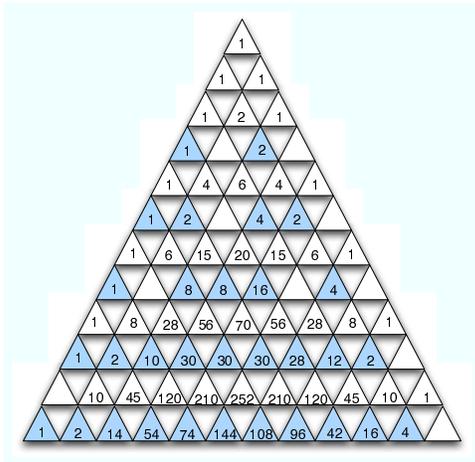
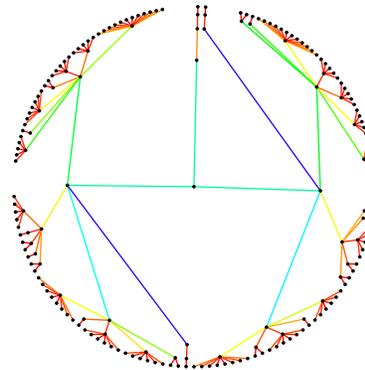
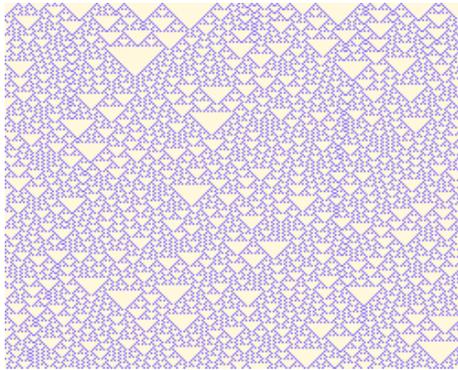
Función de densidad no determinada.

Generación: 41- 50.

Densidad aproximada: 0.481977
Comportamiento oscilatorio (± 0.02).

Regla: 146

{1,0,0,1,0,0,1,0}



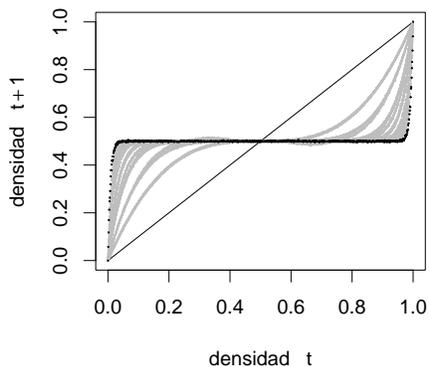
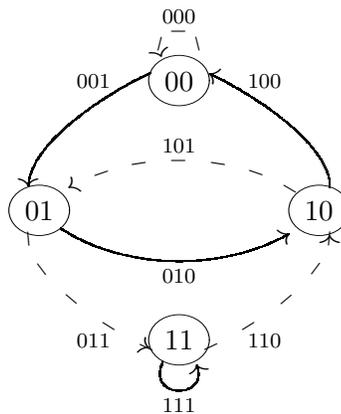
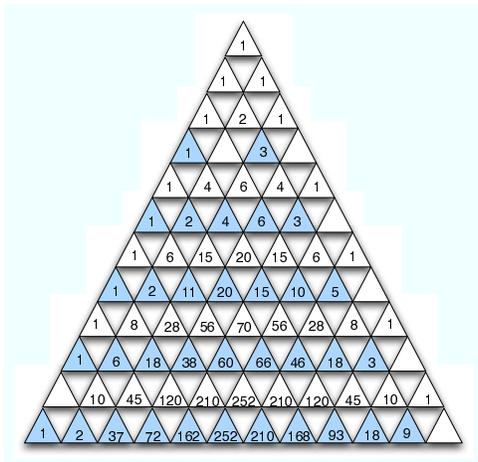
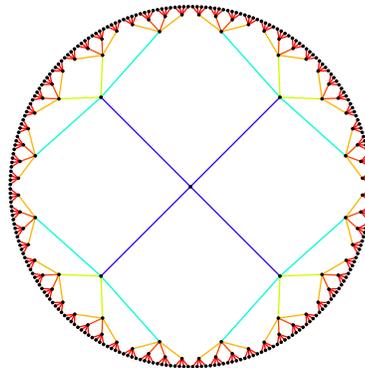
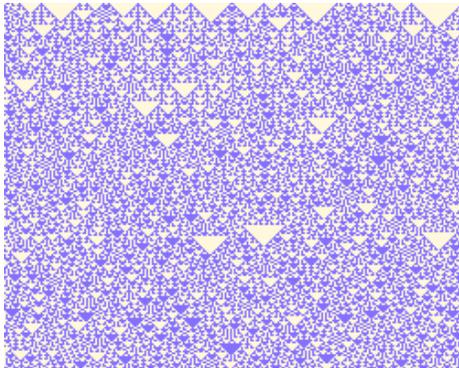
Función de densidad no determinada.

Generación: 41- 50.

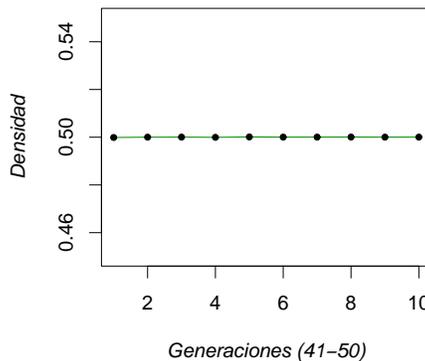
Densidad aproximada: 0.254090
Comportamiento oscilatorio (± 0.01).

Regla: 150

{1,0,0,1,0,1,1,0}



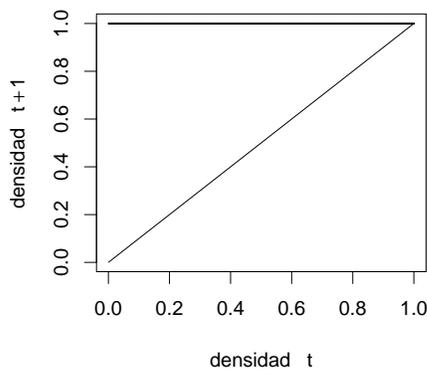
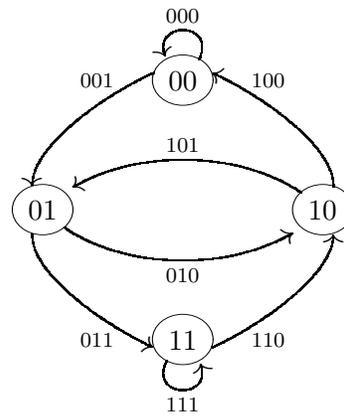
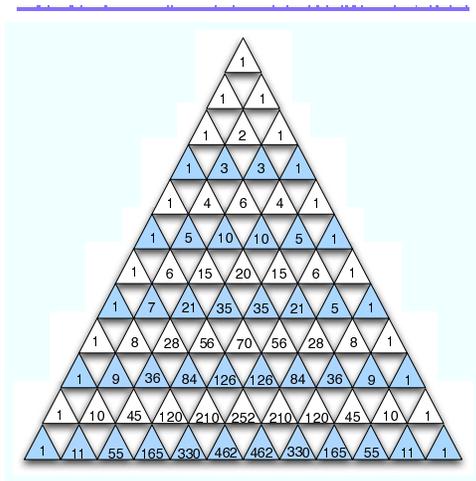
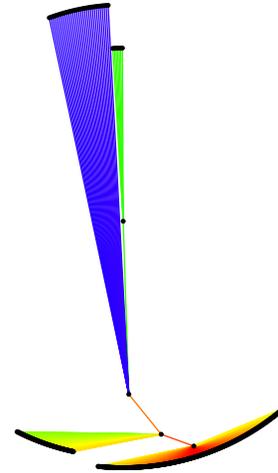
$$f(p) = 3q^2p + p^3$$



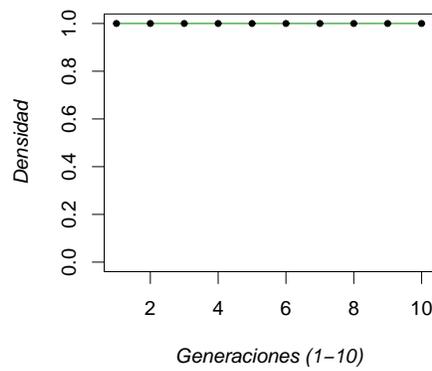
Generación: 41- 50.
 Densidad aproximada: 0.5
 Dos funciones, una densidad.
 Convergencia por complemento.

Regla: 255

{1,1,1,1,1,1,1,1}



$$f(p) = q^3 + 3pq^2 + 3p^2q + p^3$$



Generación: 1
Densidad: 1.

Bibliografía

- [1] Banach Stefan, “Cálculo diferencial e integral,” Editorial Limusa (1996).
- [2] Barral Bernard, Chaté Hugues y Manneville Paul, “Collective behaviors in a family of high-dimensional automata,” *Physics Letters A*, **163**, 279-285, (1992).
- [3] Berlekamp Elwyn R. , Conway John H. , and Guy Richard K. , “Winning Ways for your Mathematical Plays,” Academic Press, ISBN 0-12-091152-3 **2**, chapter 25, (1982).
- [4] Bellingsley Patrick, “Ergodic Theory and Information,” John Wiley (1965).
- [5] Bennett Charles H., Grinstein G., He Yu, Jayaprakash C. y Mukamel David , “Stability of temporally periodic states of classical many body systems,” *Physical Review A*, **41**, 1932-1935, (1990).
- [6] Boccara N. y Fuks H., “Cellular automata rules conserving the number of actives sites,” *Journal of Physics A*, **31**, 6007-6018, (1998).
- [7] Boccara N. y Fuks H., “Number-conserving cellular automata rules,” *Fundamenta Informaticae*, **52**, 1-13, (2001).
- [8] Boon J.P., “Statistical Mechanics and Hydrodynamics of Lattice Gas Automata: An Overview,” *Physica D*, **47**, 3-8, (1991).
- [9] Billingsley Patrick., “Ergodic Theory and Information”, John Wiley & Sons, (1965).
- [10] Bideaux Roger, Boccara Nini y Chaté Hugues, “Order of transition versus space dimension in a family of cellular automata,” *Physical Review A*, **39**, 3094-3105, (1989).
- [11] Binder P. M., “Domains and synchronization in high-dimensional cellular automata,” *Physical Review E*, **51**, R839-R840, (1995).

- [12] Boccara N. and Fuks H., "Critical behavior of a cellular automaton highway traffic model," *Journal of Physics A* **33**, 3407-3415,(2000).
- [13] Bollobás,B., "Random Graphs," Academic Press, (1985).
- [14] Bohr Tomas , Grinstein G., He Yu , y Jayaprakash C., "Coherence, chaos, and broken symmetry in classical, many-body dynamical systems," *Physical Review Letters*, **58**, 2155-2158, (1987).
- [15] Butler Zack, Kotay Keith, Rus Daniela , y Tomita Koshji, "Cellular Automata for decentralized Control of Self-Reconfigurable Robots," *URL: www.cs.dartmouth.edu/ rus/papers/robotics/ca.pdf*"
- [16] Capcarrere Mathieu S. y Sipper Moshe, "Necessary conditions for density classifications by cellular automata," *Physical Review E*, volume 64, 036113, August 2001.
- [17] Backhouse, R. C. and Carre, B. A., "Regular Algebra Applied to Path-finding Problems," *J. Inst. Maths. Applics*, **15**, (1975), 161-189.
- [18] Chapa Vergara Sergio V., "Integral de Wiener y su estimación numérica," Tesis de Licenciatura, IPN, (1979).
- [19] Chaté Hughes , "On the analysis of spatiotemporally chaotic data," *Physica D*, **86**, 238-247, (1995).
- [20] Chaté Hughes y Manneville Paul, "Evidence of collective behaviour in cellular automata," *Europhysics Letters*, **14**, 409-413, (1991).
- [21] Chaté Hugues y Manneville Paul, "Collective behaviors in spatially extended systems with local interactions and synchronous updating," *Progress in Theoretical Physics*, **87**, 1-60, (1991).
- [22] Chaté Hugues y Manneville Paul, "Emergence of effective low-dimensional dynamics in the macroscopic behaviour of coupled map lattices ," *Europhysics Letters*, **17**, 291-196, (1992).
- [23] Chaté Hugues , Lemaître Anaël, Marcq Ph. y Manneville Paul, "Non-Trivial collective behaviour in extensively-chaotic dynamical systems: an update," *Physica A*, **224**, 447-457, (1996).

- [24] Chaté Hugues, Grinstein G. y Tang Lei-Han , “Long-range correlations in systems with coherent (quasi)periodic oscillations,” *Physical Review Letters*, **74**, 912-915, (1995).
- [25] Chaté Hughes y Losson Jérôme “Non-trivial collective behavior in coupled map lattices: A transfer operator perspective,” *Physica D*, **103**, 51-72, (1997).
- [26] Crutchfield James P. y Melanie Mitchell, “The Evolution of Emergent Computation,” *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 92:23 (1995) 10742-10746
- [27] De Bruijn N.G., “A combinatorial problem,” *Nederl. Akad. Wetensch. Proc.*, **49**, (1946), 758-764.
- [28] Devaney Robert L. , “A first course in chaotic dynamic systems,” Addison Wesley, ISBN 0-201-55406-2, (1992).
- [29] Dresden M. y Wong D., “Life games and statistical models,” *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **72**, 956-960, (1975).
- [30] Durand B., Formenti E., Rka Z., “Number-conserving cellular automata I: decidability,” *Theoretical Computer Science*, 299, pp. 523-535.
- [31] Erdős, P. y Rény, A., “On random graphs,” *Publicationes Mathematicae*, **6**, 290-297, (1959).
- [32] Esser J. y Shreckenberg M., “Microscopic simulation of urban traffic based on cellular automata,” *International Journal of Modern Physics*, **8**, 1025-1036, (1997).
- [33] Frisch, Uriel, Brosl Hasslacher, y Yves Pomeau, “Lattice-Gas Automata for the Navier-Stokes Equation,” *Phys. Rev. Lett.*, **56**, 1505-1508, (1986).
- [34] Fuks H. y Lawniczak A. “Individual-based lattice model for spatial spread of epidemics,” *Discrete Dynamics Dynamics in Nature and Society*, **6**, 191-200, (2001).
- [35] Gallas J. A. C., Grassberger P., Herrmann H.J. and Ueberholz P., “Noisy collective behaviour in deterministic cellular automata,” *Physica A*, **180**, 19-41 (1992).
- [36] Good I. J., ‘Normal recurring decimals,’ *Journal of the London Mathematical Society*, **21**, 167-169 (1946).
- [37] Gómez Soto José Manuel, ‘Comportamiento Colectivo no Trivial en Autómatas Celulares,’ Tesis de Maestría, CINVESTAV-IPN, (2000).

- [38] Gnedenko B.V. "The theory of Probability," *Chelsea Publishing Co.*, New York, N.Y. ISBN:0-8284-1132-8, (1967).
- [39] Gutowitz H., "Cryptography with Dynamical Systems," *Cellular Automata and Cooperative Phenomena*, Eds: E. Goles and N. Boccara, K. *Reidel Press* (1993).
- [40] Gutowitz Howard A. , "Local structure theory for cellular automata," Tesis de doctorado, Rockefeller University, (1987).
- [41] Gutowitz Howard A. , "A hierarchical classifications of cellular automata," *Physica D*, **45**, 136-156, (1990).
- [42] Gutowitz Howard A. , "Mean Field Theory vs. Wolfram Classification of Cellular Automata," <http://www.santafe.edu/hag/mfw/mfw.html>, (1994).
- [43] Fuks Henryk , "Solution of the density classification problem with two cellular automata rules," *Physical Review E*, volume 55, number 3, March 1997.
- [44] Grinstein G., "Stability of nonstationary states of many-body dynamical systems," *Journal of Statistical Physics*, **5**, 803-815, (1988).
- [45] Gray Lawrence, "A Mathematical looks at Wolfram's New kind of Science," *Notices of the American Society*, **50**, No. 2, 200-211, (2003).
- [46] Halmos, Paul R., "Measure Theory," New York, N.Y., Van Nostrand Reinhold Company, (1950).
- [47] Hedlund Gustav Arnold , "Endomorphisms and automorphisms of the shift dynamical system," *Mathematical System Theory*, **3**, 320-375, (1969).
- [48] Hemmingsson J. y Herrmann J., "On oscillations in cellular automata," *Europhysics Letters*, **23**, 15-19, (1993).
- [49] Hemmingsson J., Sørensen A., Flyvbjerg H. and Herrmann H. J., "What synchronization?," *Europhysics Letters*, **23**, 629-634, (1993).
- [50] Hemmingsson Jan , "A totalistic three-dimensional cellular automaton with quasiperiodic behaviour," *Physica A*, **183**, 255-261, (1992).
- [51] Houlrick Jens M., Webman Itzhak y Jensen Mogens H., "Mean field theory and critical behavior of coupled map lattices," *Physical Review A*, **41**, 4210-4222, (1990).

- [52] Huntley, H.E., "The divine proportion," Dover, (1999).
- [53] Jen, E., "Enumeration of Preimages of Cellular Automata," *Complex Systems*, **3**, (1989), 421-456.
- [54] Jiménez F. Morales y Luque J. J., "Collective behavior of a probabilistic cellular automaton with two absorbing phases," *Physics Letters A*, **181**, 33-38, (1993).
- [55] Kitchens Bruce, "Symbolic Dynamics: One-Side, two side and countable state markov shifts," Springer Verlag, ISBN:3-540-62738-3, (1998).
- [56] Kohnyama T., "Cellular automata with particle conservation," *Progress of Theoretical Physics*, **81**, 47-59, (1989).
- [57] Lemaître Anaël, Chaté Hughes and Manneville Paul "Cluster expansion for collective behavior in discrete space dynamical Systems," *Physical Review Letters*, **77**, 486-489, (1996).
- [58] Langton Chris, "Computation at the edge of chaos: Phase-transitions and emergent computation," Tesis de doctorado, Michigan University, (1991).
- [59] Langton Chris, "Computation at the edge of the chaos," *Physica D*, **42**, 12-37, (1990).
- [60] Levin, S. A., T. M. Powell y Stelle J. H. (eds) "Patch Dynamics," *Lectures Notes in Biomathematics*, Berling. Springer Verlag. (1983).
- [61] Lind Marcus, "Applications of ergodic theory and sofic systems to Cellular Automata," *Physica D* **10**, 36-44, (1984).
- [62] Lind Douglas and Marcus Brian , "An introduction to symbolic dynamics and coding," Cambridge University Press, (1995).
- [63] Nagel K. y Herrmann H., "Deterministic models for traffic jams," *Physica A*, **199**, 254-269, (1993).
- [64] Mandelbrot, B., "The Fractal Geometry of Nature," Freeman, (1982).
- [65] Melanie Mitchell, Peter T. Hraber, and James P. Crutchfield, "Revisiting the Edge of Chaos: Evolving Cellular Automata to Perform Computations," *Complex Systems*, **7**, (1993), 89-130.

- [66] Melanie Mitchell, James P. Crutchfield, and Peter T. Hraber, “Evolving Cellular Automata to Perform Computations: Mechanisms and Impediments,” *Physica D*, **75**, (1994) 361-391.
- [67] Melanie Mitchell, James P. Crutchfield, and Peter T. Hraber, “Dynamics, Computation, and the ‘Edge of Chaos’: A Re-Examination,” In *Complexity: Metaphors, Models, and Reality*, G. A. Cowan, D. Pines, and D. Meltzer (eds.), Santa Fe Institute Studies in the Sciences of Complexity, Proceedings Volume **19**, Addison-Wesley, (1994), 497-513
- [68] Moore, Edward F., “Machine models of self reproduction,” *American Mathematical Society Proceedings of Symposia in Applied Mathematics*, **14**, 17-33, (1962).
- [69] McIntosh, Harold V., “Wolfram’s class IV automata and good Life,” *Physica D*, **45**, 105-121, (1990).
- [70] McIntosh, Harold V., “Linear Cellular Automata via deBruijn Diagram,” <http://cellular.ci.ulsa.mx/comun/cf/debruijn.pdf>, (1991).
- [71] McIntosh, Harold V., “Ancestors: Commentaries on The Global Dynamics of Cellular Automata,” <http://cellular.ci.ulsa.mx/comun/wandl/global.pdf> , (1992).
- [72] Manrubia Sussanna C., Zanette Damian H. y Sole Ricard V. , “Transient Dynamics and Scaling Phenomena in Urban Growth,” *Fractals* **7**, 1-8, (1999).
- [73] Masakazu Nasu, “Local maps inducing surjective global maps of one dimensional tessellation automata,” *Mathematical System Theory*, **11**, 327-351, (1978).
- [74] Pikovsky Arkady S. y Jürgen Kurts, “Do globally coupled maps really violate the law of large numbers,” *Physical Review Letters*, **72**, 1644-1646, (1994).
- [75] Pomeau, Yves, “Invariant in cellular automata,” *J. Phys*, **A17**, L415-L418, (1984).
- [76] Pomeau Y., “Periodic behaviour of cellular automata,” *Journal of Statistical Physics*, **70**, 1379-1382, (1992).
- [77] Kendall, Preston, Jr. y Michael J.B. Duff “Modern Cellular Automata: Theory and Applications,” *Plenum Press*, (1984).
- [78] Ralston, A., “De Bruijn Sequences, *A Model example of the Interaction of Discrete Mathematics and Computer Science*,” *Mathematics Magazine*, **55**, No. 3, (1982), 131-143.

- [79] Rothman, Daniel H. y Zaleski Stéphane, “Lattice-Gas Cellular Automata: Simple Models of Complex Hydrodynamics,” Vol. 5 of *Collection Aléa Saclay. Cambridge University Press*, (1997).
- [80] Schulman L.S. y Seiden P.E., “Statistical mechanics of a dynamical system based on Conway’s game of Life,” *Journal of Statistical Physics* **19**, 293-314, (1978).
- [81] Seck, T. J. C., Juárez G, and McIntosh H. V., “Calculating ancestors in one-dimensional cellular automata,” *International Journal of Modern Physics C*, **15**, No. 8, (2004), 1151-1169.
- [82] Spittle J.A. y Brown S.G.R., “A Cellular Automaton Model of Steady-State Columnar-Dendritic Growth in Binary Alloys,” *J. Mater. Sci.*, **30**, 3989-3994, (1995).
- [83] Sutner, K., “De Bruijn Graphs and Linear Cellular Automata,” *Complex Systems*, 5, (1991), 19-30.
- [84] Sutner, K., “Linear cellular automata and finite automata,” M. Delorme and J. Mazoyer, eds., *Cellular Automata: A Parallel Model*, Kluwer, <http://www-2.cs.cmu.edu/~sutner/papers/epit96.ps.gz> (1999)
- [85] Tilman, David y Peter Kareira (eds.), ‘Spatial Ecology: The Role of Space in Population Dynamics and Interspecific Interactions,’ Vol. 30 of *Monographs in Population Biology*, *Princeton University Press*, (1997).
- [86] Ulam Stanislaw M., “Sets, Numbers and Universes,” *The MIT Press*, (1974).
- [87] Vichniac, Gérard, “Simulating physics with cellular automata,” *Physica D*, **10**, 96-115, (1984).
- [88] Von Neumann John , “Theory of self-reproducing automata,” (Editado y terminado por A. W. Burks), *University of Illinois Press*, (1966).
- [89] Voorhees H. Burton, “Computacional Analysis of One-Dimensional Cellular Automata,” *World Scientific*, (1996).
- [90] Watts Duncan J. , “Small Worlds: the Dynamics of Networks between Order and Randomness,” *Princeton University Press*, (1999).

-
- [91] Wentian Li. "Phenomenology of nonlocal cellular automata," *Journal of Statistical Physics* **68** 829-882 (1992).
- [92] Wolfram Stephen. "Statistical mechanics of cellular automata," *Review of Modern Physics*, **55**, No 3, 601-644, (1983).
- [93] Wolfram Stephen. "Universality and complexity in cellular automata," *Physica D*, **10**, 1-35, (1984).
- [94] Wolfram Stephen. "Theory and Applications of Cellular Automata," World Scientific Publishing, (1986).
- [95] Wolfram Stephen , "Computation theory of cellular automata," *Communications in Mathematical Physics*, **96**, 15-57, (1984).
- [96] Wolfram Stephen. "Cellular automata as models of complexity," *Nature* (London), **311**, 419, (1984).
- [97] Wolfram Stephen. "Geometry of Binomial Coefficients," *A.M.M.* **91**,(1984).
- [98] Wolfram Stephen , "A new kind of science," Wolfram Media Inc., (2002).
- [99] Winfree Arthur T., "When Times Break Down: The Three-Dimensional Dynamics of Electronics Waves and Cardiac Arrhythmias ," *Princeton University Press*, (1987).
- [100] Wilbur W. John, Lipman David J. y Shamma Shihab A., "On the prediction of local patterns in cellular automata," *Physica D*, **19** 397-410, (1986).
- [101] Wuensche, A. and Lesser M., "The Global Dynamics of Cellular Automata," Addison-Wesley, (1992).
- [102] Yan, D. Hou, Q., "The Enumeration of Preimages and Garden-of- Eden in Sequential Cellular Automata," *Complex Systems*, **12**, (2000), 83-89.