



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
CENTRO DE INVESTIGACIÓN EN COMPUTACIÓN

SIMULACIÓN DE
SISTEMAS NATURALES USANDO
AUTÓMATAS CELULARES

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

PRESENTA :

ING. ILIAC HUERTA TRUJILLO

Director de Tesis:

DR. JUAN CARLOS CHIMAL EGUÍA



México D. F., Diciembre 2009



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
CENTRO DE INVESTIGACIÓN EN COMPUTACIÓN

SIMULACIÓN DE
SISTEMAS NATURALES USANDO
AUTÓMATAS CELULARES

Miembros del Comité:

DR. JUAN CARLOS CHIMAL EGUÍA

DR. CARLOS FERNANDO AGUILAR IBÁÑES

DRA. NARELI CRUZ CORTÉS

M. EN C. JESÚS ALFREDO MARTÍNEZ NUÑO

M. EN C. GERMÁN TÉLLEZ CASTILLO

DR. MARCO ANTONIO MORENO IBARRA

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

PRESENTA :

ING. ILIAC HUERTA TRUJILLO



México D. F., Diciembre 2009



INSTITUTO POLITECNICO NACIONAL
SECRETARIA DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO
ACTA DE REVISIÓN DE TESIS

En la Ciudad de México, D.F. siendo las 10:00 horas del día 18 del mes de noviembre de 2009 se reunieron los miembros de la Comisión Revisora de Tesis designada por el Colegio de Profesores de Estudios de Posgrado e Investigación del:

Centro de Investigación en Computación

para examinar la tesis de grado titulada:

“SIMULACIÓN DE SISTEMAS NATURALES USANDO AUTÓMATAS CELULARES”

HUERTA

Apellido paterno

TRUJILLO

materno

ILIAC

nombre(s)

Con registro:

A	0	6	0	2	4	0
---	---	---	---	---	---	---

aspirante al grado de: **MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN**

Después de intercambiar opiniones los miembros de la Comisión manifestaron **SU APROBACIÓN DE LA TESIS**, en virtud de que satisface los requisitos señalados por las disposiciones reglamentarias vigentes.

LA COMISIÓN REVISORA

Presidente

Dr. Carlos Fernando Aguilar Ibáñez

Secretario

Dra. Nareli Cruz Cortés

**Primer vocal
(Director de tesis)**

Dr. Juan Carlos Chimal Eguía

Segundo vocal

M. en C. Jesús Alfredo Martínez Nuño

Tercer vocal

M. en C. Germán Téllez Castillo

Suplente

Dr. Marco Antonio Moreno Ibarra

EL PRESIDENTE DEL COLEGIO



Dr. Jaime Álvarez Galindo
INSTITUTO POLITECNICO NACIONAL
SECRETARIA DE INVESTIGACION
EN COMPUTACION



INSTITUTO POLITECNICO NACIONAL
SECRETARÍA DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO

CARTA CESION DE DERECHOS

En la Ciudad de México, D.F. el día 23 del mes de Noviembre del año 2009, el que suscribe Iliac Huerta Trujillo alumno del Programa de Maestría en Ciencias de la Computación con número de registro A060240, adscrito a Centro de Investigación en Computación, manifiesta que es autor intelectual del presente trabajo de Tesis bajo la dirección de Dr. Juan Carlos Chimal Eguía y cede los derechos del trabajo intitulado Simulación de Sistemas Naturales usando Automatas Celulares, al Instituto Politécnico Nacional para su difusión, con fines académicos y de investigación.

Los usuarios de la información no deben reproducir el contenido textual, gráficas o datos del trabajo sin el permiso expreso del autor y/o director del trabajo. Este puede ser obtenido escribiendo a la siguiente dirección ihuertat@gmail.com. Si el permiso se otorga, el usuario deberá dar el agradecimiento correspondiente y citar la fuente del mismo.


ILIAC HUERTA TRUJILLO

Nombre y firma

*“Vive como si fueras a morir mañana.
Aprende como si fueras a vivir por siempre ...”
Mahatma Gandhi.*

RESUMEN

La presente tesis trata los conceptos fundamentales de Autómatas Celulares, como técnica para modelar sistemas naturales, que muestran un comportamiento complejo en función del tiempo, por medio de reglas lo mas simples y sencillas posibles.

En primer lugar se define a los Autómatas Celulares y los conceptos asociados a estos. Seguido de esto, se presenta la implementación que podría ser la más sobresaliente en 1-dimensión, el trabajo de Stephen Wolfram, además del autómata celular desarrollado por John Conway, conocido como *el juego de la vida*.

En segundo lugar, se presenta el modelo propuesto por el físico Per Bak(1948-2002) y Kim Sneppen, conocido como el modelo de Bak-Sneppen de evolución biológica, en este apartado se busca reproducir algunos resultados que el análisis de este modelo ha dado, con el objeto de obtener experiencia en el tratamiento de un fenómeno y la identificación de reglas que lo gobiernan.

Por último, se presenta el razonamiento analítico que describe un sistema de cuerda vibrante con condiciones iniciales definidas y se propone un modelo de Autómata Celular basado en la representación de una cuerda como una sucesión de sistemas masa-resorte y tomando como reglas de evolución las leyes de movimiento de Newton.

Palabras Clave: Simulación, autómatas celulares, modelado de sistemas, evolución, cuerda vibrante.

ABSTRACT

This thesis presents the fundamental concepts of Cellular Automata as a technique for modeling natural systems, which show a complex behavior with time, with rules as simple as possible.

First, we define the Cellular Automata and the concepts associated with it. Following, it presents an implementation that could be the most outstanding in one dimension, the work of Stephen Wolfram, besides the cellular automaton developed by John Conway, known as the game of life.

Second, we present the model proposed by the physicists Per Bak (1948-2002) and Kim Sneppen, known as the Bak-Sneppen model of biological evolution, this section seeks to reproduce some results of this model has in order to gain experience in the treatment of a natural phenomenon and the identification of rules that govern it.

Finally, analytical reasoning is presented, it describes a system of vibrating string with defined initial conditions and proposes a cellular automaton model based on the representation of a string as a succession of mass-spring systems, taking in mind the Newton's motion laws as evolution rules.

Keywords: Simulation, cellular automata, systems modeling, evolution, vibrant string.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco al CONACYT por todo el apoyo que ha brindado, por medio de becas, a los posgrados en el territorio nacional; sin lugar a dudas es parte de lo que el país necesita.

Agradezco al Centro de Investigación en Computación, la oportunidad para seguirme superando, el poder haber conocido en él, a grandes personas y amigos que llevaré por siempre en mi corazón. Agradezco a las personas que compartieron conmigo una parte importante de mi vida en este centro pues ayudaron a desarrollar ideas, entretenernos con discusiones, risas y deseos de superación. Gracias Israel Toledo, Miguel (N^2), Sergio Marquez, Sergio Flores, Miriam Balbuena e Ismael Santana por ser parte de esta travesía, de verdad muchas gracias.

Agradezco al Dr. Juan Carlos Chimal Eguía, por todo el apoyo como asesor y como amigo, pues en los momentos difíciles que pasé, siempre me dio palabras de apoyo. Dr. Chimal muchas gracias por toda la paciencia que me tuvo.

Agradezco al M. en C. Jesús A. Martínez Nuño y al M. en C. Germán Téllez Castillo por las pláticas y consejos que me dieron a lo largo del desarrollo de este trabajo.

Agradezco a mis amigos Saúl Vargas, Omar del Rosario, Elizabeth Garcia, Juan Manuel Medina, Miriam Mendez, Maria Elena León, Jorge Serrano y Pablo J. Balderas por haberme enseñado el significado de la amistad, por todo el ánimo que me transmitieron y apoyo que me dieron durante el tiempo que hemos sido amigos. ¡LARGA VIDA A USTEDES!.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco a mi mamá, María Elena (Marucha), por cuidarme desde que era un niño, por darme la oportunidad de estudiar aun cuando parecía que no salía de la secundaria, te quiero mucho mami. A mis hermanos, Rubén (Buba), Tania Aura (Goris) y Yali (Güera), por ser los mejores hermanos que alguien puede desear y tener, a mi tío René por dejar de ser mi tío para convertirse en mi amigo. Por siempre haber creído en mi, por que han sido, son y serán muy importantes en mi vida, los quiero mucho.

Agradezco a mi padre, Rubén Huerta Camarillo, donde quiera que estés papá, por haber sido el principal actor en mi formación, el impulsor para seguir adelante, un amigo insuperable y un gran padre. Que Dios te tenga en su gloria.

Agradezco a la persona más importante en mi vida, que siempre ha creído en mi, al grado de comprometer su vida con la mía, su alma con mi alma, su amor con mi amor, por siempre apoyarme en todos los momentos que nos han tocado vivir, TE AMO MARIA LUISA, esto es para ti.

Agradezco a Dios, por todas las oportunidades que me ha dado, por todos los retos que me ha puesto, por todas las alegrías que me ha brindado y por todas las tristezas que me ha aliviado.

De corazón, ¡Gracias a Todos!.

Iliac Huerta Trujillo

México, D.F., Diciembre de 2009.

ÍNDICE GENERAL

RESUMEN	iv
ABSTRACT	v
AGRADECIMIENTOS	vi
ÍNDICE DE FIGURAS	xi
ÍNDICE DE TABLAS	xiv
1. INTRODUCCIÓN	1
1.1. OBJETIVOS	2
1.1.1. Objetivo general	2
1.1.2. Objetivos específicos	2
1.2. JUSTIFICACIÓN	2
1.2.1. Por qué usar Autómatas Celulares	2
2. ESTADO DEL ARTE	4
2.1. INTRODUCCIÓN	4
2.2. MODELADO DE SISTEMAS	4
2.2.1. Modelos Continuos	6
2.2.2. Modelos Discretos	6
2.3. SIMULACIÓN	7
2.4. AUTÓMATAS CELULARES	9
2.4.1. Origen de los Autómatas Celulares	9
2.4.2. Definición Formal de un Autómata Celular	11

2.5. EJEMPLOS CLÁSICOS DE AUTÓMATAS CELULARES	14
2.5.1. El trabajo de Stephen Wolfram	14
2.5.2. El juego de la vida	17
3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA	22
3.1. INTRODUCCIÓN	22
3.2. CRITICALIDAD AUTO-ORGANIZADA Y LA EVOLUCIÓN BIOLÓGICA	23
3.3. MODELO BAK-SNEPPEN DE EVOLUCIÓN.	25
3.4. SIMULACIÓN DEL MODELO BAK-SNEPPEN	27
3.4.1. Simulación con el mismo número de células.	27
3.4.2. Simulación con variaciones en el umbral λ_c	42
4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE	47
4.1. INTRODUCCIÓN	47
4.2. MODELO MATEMÁTICO	47
4.3. DISCRETIZACIÓN DEL MODELO MATEMÁTICO	54
4.3.1. Análisis previo	54
4.4. MODELO PROPUESTO PARA UNA CUERDA VIBRANTE USANDO UN AUTÓMATA CELULAR	60
4.5. SIMULACIÓN	61
4.5.1. Obtención experimental de la constante k_l	61
4.5.2. Resultados	65
5. CONCLUSIONES	80
5.1. CONCLUSIONES AL MODELO DE EVOLUCIÓN DE BAK-SNEPPEN	80
5.2. CONCLUSIONES AL MODELO DE CUERDA VIBRANTE	81
BIBLIOGRAFÍA	84
ANEXO A. DISEÑO MODELO BAK-SNEPPEN	88
A.1. Diagrama de casos de uso	88
A.2. Diagrama de clases del simulador Bak-Sneppen	89

ÍNDICE GENERAL

ANEXO B. DISEÑO MODELO CUERDA VIBRANTE	91
B.1. Diagrama de casos de uso	91
B.2. Diagrama de clases	92
ANEXO C. GLOSARIO	95

ÍNDICE DE FIGURAS

2.1	AC 2-Dimensional	10
2.2	Tipos de vecindades	12
2.3	AC 1-dimensional y fronteras	13
2.4	AC 2-dimensional y fronteras	13
2.5	Tipos de fronteras	14
2.6	AC Fractal regla 90	15
2.7	Clases de Wolfram	16
2.8	GL 30% de células vivas	20
2.9	GL 100 iteraciones	20
2.10	Estructuras Life que desaparecen	20
2.11	Estructuras Life Fijas	21
2.12	Estructuras Life periódicas	21
3.1	Paisaje adaptativo de una especie.	26
3.2	Configuración inicial Bak-Sneppen.	29
3.3	Configuración final Bak-Sneppen.	30
3.4	Actividad de avalanchas en simulaciones	32
3.5	Frecuencias de avalanchas en simulaciones	34
3.6	Frecuencias de avalanchas en espacio log – log	35
3.7	Distribución de Barreras en simulaciones	38

3.8	Actividad acumulada en simulaciones	40
3.9	Acercamiento de actividad acumulada en simulaciones	41
3.10	Avalanchas registradas en simulación variando λ	42
3.11	Frecuencia de avalanchas registradas variando λ	44
3.12	Frecuencia de avalanchas en espacio $\log - \log$ variando λ	45
3.13	Comparación de diferentes actividades acumuladas.	46
4.1	Cuerda sujeta en ambos extremos.	48
4.2	Cuerda con deflexión inicial triangular.	49
4.3	Representación masa-resorte	55
4.4	Fuerzas sobre la partícula m_i	56
4.5	Esquema experimental	61
4.6	Ajuste de esquema experimental	64
4.7	Oscilación de la célula $c_{\frac{l}{2}}$ de un AC	68
4.8	Comparación de la oscilación del AC con diferente número de células	69
4.9	Comparación de la oscilación del AC con diferente número de células (2)	70
4.10	Espectro de frecuencias para $c_{\frac{l}{2}}$ de un AC con 30, 40 y 50 células	71
4.11	Espectro de frecuencias para $c_{\frac{l}{2}}$ de un AC con 60, 70 y 80 células	72
4.12	Espectro de frecuencias para $c_{\frac{l}{2}}$ de un AC con 80, 90 y 100 células	73
4.13	Gráfica generada por el modelo matemático.	75
4.14	Gráfica generada por el modelo de AC propuesto.	75
4.15	Gráfica de superposición de sinusoidales.	76
4.16	Gráfica de superposición de sinusoidales ampliada.	77
4.17	Gráfica de superposición de espectros de frecuencia	79
A.1	Casos de uso Bak-Sneppen	88
A.2	Diagrama de clases modelo Bak-Sneppen	90

ÍNDICE DE FIGURAS

B.1	Casos de uso del modelo de Cuerda Vibrante	91
B.2	Diagrama de clases del modelo de Cuerda Vibrante	94

ÍNDICE DE TABLAS

3.1 Exponentes de ajuste de las simulaciones	36
3.2 Exponentes de ajuste de la actividad acumulada	39
3.3 Exponentes de ajuste para diferente λ en $\log - \log$	46
4.1 Datos experimentales	62
4.2 Datos de Fuerza vs Factor	63

INTRODUCCIÓN

“A partir de cierto punto no hay retorno. Ese es el punto que hay que alcanzar.”

(Franz Kafka. Escritor checoslovaco).

Esta tesis desarrolla modelos basados en *Autómatas Celulares*, los cuales son empleados para simular el comportamiento de fenómenos naturales.

Para esto, el documento se ha organizado de la siguiente forma:

El presente capítulo, describe los objetivos tanto general como particulares en el desarrollo de esta tesis, así como la justificación del empleo de los *autómatas celulares* como modelos de sistemas complejos.

En el capítulo 2, se presentan los conceptos fundamentales que permiten entender lo que son los *autómatas celulares* y algunos ejemplos de éstos, como el trabajo de Wolfram y el *juego de la vida*.

Para el capítulo 3 se presenta un análisis derivado de la reproducción del modelo Bak-Sneppen de evolución, presentando resultados obtenidos de las simulaciones realizadas con el modelo programado.

El capítulo 4, presenta el análisis realizado para la descripción del sistema para una cuerda vibrante, este análisis es presentado desde dos ópticas, una que representa el análisis para el sistema por ecuaciones diferenciales, y otra que es el modelo propuesto para el sistema usando un autómata celular 1-dimensional que simula el comportamiento descrito por la solución de la ecuación diferencial.

Para concluir, en el capítulo 5 se presentan las conclusiones obtenidas durante el desarrollo del presente trabajo.

1.1. OBJETIVOS

1.1.1. Objetivo general

Modelar sistemas naturales de manera discreta basados en autómatas celulares que simulen su comportamiento.

1.1.2. Objetivos específicos

Puntualmente los objetivos específicos de este trabajo son:

- (i) Reproducir y analizar el modelo de evolución biológica de Bak-Sneppen.
- (ii) Proponer un modelo de una cuerda vibrante en un autómata celular.
- (iii) Programar el modelo de autómata celular de cuerda vibrante propuesto y compararlo con el modelo matemático para demostrar su efectividad.

1.2. JUSTIFICACIÓN

1.2.1. Por qué usar Autómatas Celulares

Los autómatas celulares han sido estudiados por un considerable número de investigadores en todo el mundo, existen al menos cuatro características que motivan al estudio de estos [1]:

- Los autómatas celulares pueden verse como poderosos motores de cómputo.
- Como simuladores discretos de sistemas dinámicos.
- Como los vehículos conceptuales para el estudio de la formación de patrones y la complejidad.
- Como modelos originales de física fundamental.

Vistos como simuladores discretos de sistemas dinámicos, los autómatas celulares permiten la investigación sistemática de fenómenos complejos que contiene cualquier número de propiedades físicas deseables. Un ejemplo, son los autómatas celulares reversibles¹ los

¹Los autómatas celulares reversibles se caracterizan por la propiedad de que cada valor de un sitio tiene una única configuración de vecindad predecesora.

cuales han sido usados en los laboratorios para el estudio de las relaciones entre reglas microscópicas y comportamiento macroscópico, asegurando que se retiene exactamente en memoria el estado inicial por largos periodos de tiempo.

Los modelos generados a partir de autómatas celulares, los cuales han sido adecuadamente generalizados según el fenómeno que estudien, son usados para el estudio de crecimiento de formaciones de cristales de dendrita, patrones espaciales generados por la reacción de los sistemas de difusión, auto-organización de redes neuronales y turbulencia de sistemas hidrodinámicos, estos últimos son capaces de reproducir el comportamiento continuo del sistema a gran escala.

Por otro lado, los autómatas celulares como modelos originales de física fundamental, permite el estudio de la física con una aproximación microscópica, dinámica y discreta; usando el hecho de que los sistemas computacionales universales son capaces de presentar una conducta arbitraria complicada (en el sentido de que pueden imitar cualquier cálculo realizado por una computadora convencional), la idea es construir un campo de teorías fundamentalmente discretas que puedan competir con los modelos continuos existentes. La importancia de esta clase de modelos radica, no en el hecho de construir una red de calibre similar a la teoría, sino en reproducir con éxito el fenómeno a pesar de nunca haber escuchado hablar de las ecuaciones que lo gobiernen, la esperanza es de establecer un conjunto abstracto de leyes de la microfísica que reproducen el comportamiento conocido en la macroescala; en este sentido autores como Fredkin[1] sostiene que ha llegado al extremo de afirmar que el universo es, en su núcleo, un autómata celular.

Son estas ideas las que dan origen a pensar que sistemas como la cuerda vibrante y la evolución biológica pueden ser estudiados desde el punto de vista de sistemas continuos y discretos, concretamente los autómatas celulares. En el capítulo siguiente se revisa la definición de Autómata Celular, así como conceptos asociados a estos; de igual manera se presentan ejemplos clásicos de autómatas celulares.

ESTADO DEL ARTE

“El tablero de ajedrez es el mundo; las piezas son los fenómenos del universo: las reglas son lo que llamamos las leyes de la naturaleza. El jugador, por otro lado se nos oculta. Sabemos que su juego es siempre recto, justo y paciente. Sin embargo, también sabemos, a costa nuestra, que nunca deja pasar un error; ni hace la menor concesión a la ignorancia.”

(Thomas H. Huxley, 1868).

2.1. INTRODUCCIÓN

El objetivo de este capítulo es describir los procesos de generación de modelos, en la sección 2.2, se presenta la división en modelos continuos y modelos discretos y cómo la simulación hace uso de ellos para el análisis de algún fenómeno natural.

En la sección 2.4 se hace una descripción de los Autómatas Celulares, esta sección revisa los conceptos fundamentales de los autómatas celulares.

La sección 2.5, da ejemplos clásicos de autómatas celulares y algunos de los resultados de Stephen Wolfram, físico teórico que ha estudiado a fondo a los autómatas celulares en una dimensión y *The Game of Life*, autómata celular desarrollado por Conway [2].

2.2. MODELADO DE SISTEMAS

La historia del desarrollo de las ciencias naturales marca que el esfuerzo para entender el entorno, comienza con la observación de fenómenos naturales, frecuentemente seguido de la clasificación de estos fenómenos, sobre todo siguiendo aspectos morfológicos. Pasando este análisis, se tiene el conocimiento sobre las componentes de un fenómeno pero no se tiene conocimiento de las reglas que lo regulan.

Los sistemas interactúan con su entorno de una manera única, se conocen sus límites, puede formar parte de otros sistemas y pueden estar constituidos de sistemas, ejemplo de esto puede verse en un humano que es un sistema por sí solo, la economía de un país, etc. Para estudiar un sistema particular se hace necesaria una descripción del mismo, que no necesariamente será única dado que dependerá del punto de vista del cual se pretenda estudiar.

La modelación o modelado de sistemas consiste en la representación de un objeto o sistema, constituye el primer paso del análisis de sistemas y trata el problema de describir las relaciones de entrada-salida del sistema dado en formas convenientes [3].

Para la construcción de un modelo de un sistema, es necesario extraerle a éste información por medio de experimentos. Un modelo de un sistema tiene entonces como finalidad proporcionar información acerca de cómo reacciona ese sistema al aplicarle un experimento, el cual debe estar en concordancia con el marco experimental del cual se construyó el modelo [4].

Uno de los aspectos principales en el análisis de un sistema está dado por el modelo o modelos con los cuales está representado, independientemente del tipo de sistema que se estudie. Es preciso desarrollar tantos modelos del sistema y componentes como sean necesarios, con el objeto de ganar conocimiento de la naturaleza de las decisiones que se deban tomar. Es indispensable crear modelos que:

- Definen los procesos que satisfacen las necesidades de la visión que se considera.
- Representen el comportamiento de los procesos y los supuestos en los que se basa el conocimiento.
- Definen de modo explícito las entradas exógenas y endógenas de información al modelo.
- Representan todas las uniones que permiten entender mejor la visión [5].

2.2.1. Modelos Continuos

Los modelos generalmente empleados para la descripción de sistemas o fenómenos son los modelos matemáticos, los cuales conjuntan una serie de reglas lógicas que conforman el modelo.

En la física matemática, tanto clásica como cuántica, prevalece la noción del "continuo". Las ecuaciones diferenciales forman la base matemática para los modelos más usuales de sistemas naturales; las ecuaciones diferenciales ordinarias son convenientes para sistemas con un pequeño número de grados continuos de la libertad, que evoluciona en una manera continua [6].

Los modelos continuos hacen una descripción de evolución en el tiempo y cada uno de estos modelos es expresado como una función continua.

Estas ecuaciones que representan el modelo continuo de un fenómeno, son eficientes para obtener información de un elemento del sistema en un instante de tiempo determinado, sin embargo, si la información que se quiere obtener no obedece a una sola componente sino a un conjunto de componentes o a todas las del sistema, los problemas para hallar la solución se hacen más complicados.

En el mundo natural y artificial uno observa fenómenos de gran complejidad. Las investigaciones en física y hasta cierto punto la biología y otros campos han mostrado que los componentes básicos de muchos sistemas son simples. Un problema crucial para varias áreas de la ciencia es clarificar los mecanismos matemáticos por los cuales gran número de componentes simples, actuando juntos, pueden producir el comportamiento de gran complejidad [7].

2.2.2. Modelos Discretos

En la física, la evolución de las cantidades físicas en el tiempo está gobernado por ecuaciones diferenciales parciales no lineales. Debido a las no linealidades, la solución de estos sistemas dinámicos suele ser muy compleja [8].

No cabe ninguna duda que el éxito obtenido a lo largo de la historia del modelado de fenómenos físicos ha sido a través de ecuaciones diferenciales parciales, las cuales, tomando en cuenta las condiciones iniciales, así como las condiciones de frontera, nos muestran una amplia gama de patrones pertenecientes a una familia de soluciones.

Sin embargo, el problema con las ecuaciones diferenciales radica en que la ecuación por si misma tiene una ingerencia infinitesimal, y solo se ejecuta sobre un punto o grupo de puntos de un conjunto compuesto por un continuo infinito[9], por lo que solo podemos encontrar soluciones de manera aproximada.

Los modelos de escala celular o modelos discretos, consideran que el elemento (no el fenómeno en sí) juega un papel fundamental, dado que la dinámica de todo el fenómeno se observa en la simulación de efectos colectivos [10].

En general, los modelos matemáticos de sistemas naturales están basados usualmente en ecuaciones diferenciales que describen una ligera variación de un parámetro como una función de algunos otros. Los autómatas celulares, que son sistemas discretos, son una alternativa a fenómenos constituidos por un gran número de componentes idénticas.

Los modelos basados en autómatas celulares son más apropiados en sistemas físicos con un régimen altamente no lineal, y en sistemas químicos y biológicos donde tienen lugar umbrales discretos [11].

2.3. SIMULACIÓN

Para construir un modelo es necesario experimentar con el sistema, en cierto sentido decimos que el modelo almacena el entorno experimental que le ha dado origen. La finalidad de un modelo es proporcionar información sobre el sistema; no siempre se puede experimentar con el sistema que se desea estudiar, esto debido a que no todos los sistemas son fácilmente manipulables, pensemos en una sociedad, experimentar con ella sería imposible dada la complejidad de la misma y ¡quizas no ético!. Generar un modelo basado en esta sociedad con el objeto de experimentar con ella es lo que se denomina simulación.

Una definición formulada por R.E. Shannon[12] es: *"La simulación es el proceso de diseñar un modelo de un sistema real y llevar a término experiencias con él, con la finalidad de comprender el comportamiento del sistema o evaluar nuevas estrategias -dentro de los límites impuestos por un cierto criterio o un conjunto de ellos - para el funcionamiento del sistema"*.

La simulación consiste en la experimentación aplicada a los modelos del sistema o fenómeno que se quiere estudiar con el objeto de obtener información que ayude a entender este sistema. La simulación está fuertemente ligada a un proceso iterativo compuesto por el diseño del modelo, ejecución del modelo, análisis de la ejecución [13].

2.4. AUTÓMATAS CELULARES

Un autómata celular (AC), es un sistema dinámico discreto, que consiste en un arreglo de células (nodos) en alguna dimensión d [14]. Wolfram [15] los define como idealizaciones matemáticas de sistemas físicos, cuyo espacio y tiempo son discretos, en donde las cantidades físicas se pueden circunscribir a un conjunto finito de valores.

El concepto de AC lleva implícitamente asociado otros conceptos, como espacio y localidad de influencia. Se asume que el sistema representado está distribuido en el espacio y que regiones cercanas tienen mayor influencia entre sí, que otras que se encuentren apartadas dentro del sistema [16].

Para definir un AC es necesario definir otros elementos que lo integran, tales como:

- Una lattice (retícula) regular de N máquinas de estado finito idénticas, llamadas células [17], que cubre el espacio n -dimensional; cada una de las células cuenta con patrones idénticos y conexiones locales con otras células.
- Un conjunto de estados que pueden ser asignados a cada célula.
- Una regla de transición, que especifica la evolución en el tiempo de los estados.
- Una vecindad; las interacciones locales que toda célula tiene es con células que pertenecen solo a su vecindad (área de influencia).

Estas características son las que en conjunto dan forma a un AC.

2.4.1. Origen de los Autómatas Celulares

Los autómatas celulares no son sino una instancia especializada de la temática general de teoría de autómatas, la diferencia radica en el hecho de que los autómatas son impulsados por señales de entrada y producen señales de salida. Los AC disfrutan de todas las simetrías, mayormente de traslación, inherente a su disposición cristalográfica, pero el uso de determinados estados vecinos para señales de entrada no se consideran en general para producir una salida [18].

El concepto de autómatas celulares¹ fue concebido por John von Neumann alrededor de 1950, en esta época se iniciaba el proceso de automatizar la manufactura de algunos productos, como los automóviles, uno de los intereses principales de von Neumann era establecer una relación entre la biología y, en ese entonces, la nueva ciencia de dispositivos computacionales. Sin duda el proceso biológico de la auto reproducción era el fenómeno que más le atraía. Von Neumann se centraba en la interrogante ¿es posible construir una máquina que pueda manufacturarse a sí misma?[19]. La idea de utilizar un automata celular para responder a esta interrogante fue sugerida a von Neumann por Stanislaw Ulam, matemático de origen polaco, a quién se le adjudica el concepto original de automata celular, pero fue von Neumann quien desarrolló el concepto [17].

El autómatas original descrito por von Neumann, es un arreglo infinito 2-dimensional, el cual está compuesto de células uniformes, donde cada célula está conectada con sus 4 vecinos ortogonales (Figura 2.1) [20].

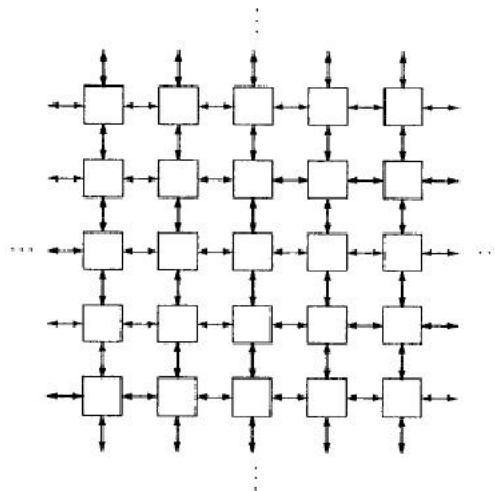


FIGURA 2.1. AC 2-dimensional con vecindad ortogonal (vecindad von Neumann).

Von Neumann fue capaz de exhibir una máquina universal de Turing embebida en un arreglo de células las cuales contaban con 29 estados por célula y 5 células por vecindad, las ortogonales y la de referencia. A esta máquina se le llamo “Constructor universal” [20].

¹También conocidos como: espacios celulares, arreglo de autómatas, estructuras homogéneas, estructuras celulares, arreglo de estructuras, arreglo iterativo.

Los detalles de la construcción de von Neumann no se publicaron hasta el momento de su muerte en 1957, posteriormente fueron editados y publicados por A. W. Burks. Aún cuando von Neumann estaba trabajando en su modelo, se dió cuenta de que era una interpretación literal de los ordenadores de la época, pero él nunca intentó llevar a cabo una revisión completa de su diseño original. En los años 1964-65, E. F. Codd elaboró una variante que requiere sólo ocho estados por célula, utilizando la vecindad original de cinco células[18].

2.4.2. Definición Formal de un Autómata Celular

Definición 2.1. Una “lattice” o “retícula” es un arreglo uniforme, generalmente infinito [15], formado por objetos idénticos llamados “células”. Este arreglo puede ser n -dimensional, pero para efectos de simulación de sistemas naturales se implementa de 1, 2 ó 3 dimensiones, de tamaño finito.

Definición 2.2. Un AC es una 4-tupla $AC = (L, S, V, \Phi)$ donde:

L : Es una retícula regular y $L = \{c \in \mathbb{C}^d\}$ para una lattice d -dimensional.

S : Es el conjunto finito de todos los posibles estados de las células, $c \in L$.

V : Es el conjunto finito de células que definen la vecindad para una célula

Φ : $S^d \rightarrow S$, es una función de transición aplicada simultáneamente a las células que conforman la lattice.

La actualización en el estado de las células requiere que se conozca el estado de las células vecinas, a esta región del espacio que la célula necesita conocer se le conoce como *vecindad* [8].

Definición 2.3. Una vecindad para una célula $c \in L$ es $V(c) = \{k_1, k_2, \dots, k_n \mid k_j \in L, j = 0, 1, \dots, n\}$; es decir, una vecindad es un conjunto de células para las cuales la célula c es el punto de referencia para el área de influencia.

En el caso de AC 1-dimensionales, la vecindad para la i -ésima² célula puede estar compuesta por las células adyacentes a ésta en el lado derecho e izquierdo³ por lo que se dice que esta vecindad es de radio r , es decir:

$$V(c) = \{c_{i-r}, \dots, c_{i-1}, c_i, c_{i+1}, \dots, c_{i+r}\}$$

Para AC 2-dimensionales dos vecindades clásicas son: la de von Neumann que consiste en una célula central, que es la célula que será actualizada, y cuatro vecinos geográficos norte, sur, este y oeste (N, S, E, W, por sus siglas en inglés). (Figura 2.2-a), y la vecindad de Moore que consiste en el conjunto de las ocho células que rodean a la célula central incluyendo a ésta [21] (Figura 2.2-b).

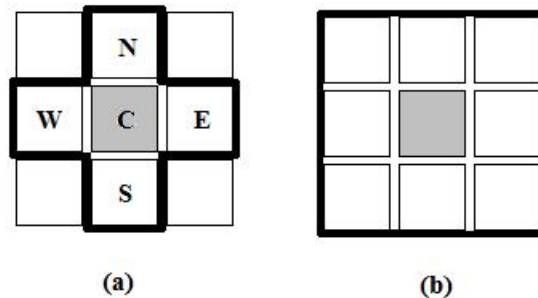


FIGURA 2.2. a) Vecindad de von Neumann, b) Vecindad de Moore, la célula gris representa la célula que se actualiza de acuerdo a los valores de la células de su vecindad, el borde muestra los límites de las vecindades.

La definición de lattice por si misma nos permite considerar lattices de tamaño infinito, pero en la práctica esta implementación resulta imposible, es por eso que los AC son representados como sistemas en espacios finitos, a estas condiciones que nos permiten limitar el espacio de operación del AC las llamamos *condiciones de frontera*.

Los tipos de condiciones de frontera que se pueden manejar son cuatro [8]:

Periódica: Esta condición de frontera nos permite tomar el espacio que utilizamos para representar el AC de manera continua (Figura 2.4-a), uniendo los extremos

²La vecindad incluye a la célula i , sin embargo, la actualización por la función no depende del estado de i en el tiempo t

³Se busca que esta vecindad respete la simetría respecto a la célula central, aunque no es obligatorio.

del espacio de acción, en el caso de un AC 1-dimensional el espacio de acción queda representado como un anillo (Figura 2.3-b) y para un AC 2-dimensional (Figura 2.4-a), el espacio se curva para formar un toroide (Figura 2.4-b).

Fija: Esta condición de frontera completa la vecindad con células virtuales con un valor preasignado (Figura 2.5-a).

Adiabática: Condición de frontera obtenida por la duplicación del valor de la célula cercana a la célula virtual (Figura 2.5-b).

Reflectante: obtenida de copiar el valor de otros vecinos en la célula virtual (Figura 2.5-c).

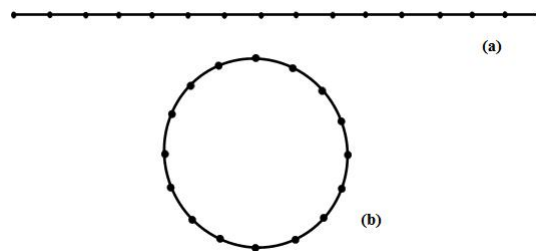


FIGURA 2.3. Representación de un AC 1-dimensional (a) con condiciones de frontera periódica (b).

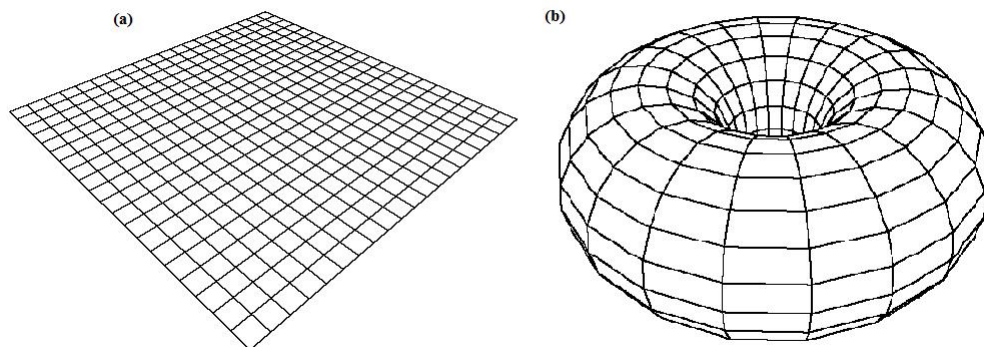


FIGURA 2.4. (a) AC 2-dimensional, (b) con condiciones de frontera periódica.

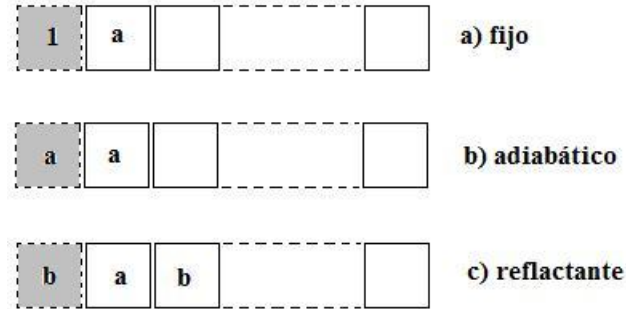


FIGURA 2.5. Tipos de condiciones de frontera obtenidos por extender la vecindad de la célula principal. Las células en gris representan las células virtuales agregadas en los extremos de la lattice.

Definición 2.4. *La función de transición en un AC 1-dimensional es local y se aplica simultáneamente de acuerdo a la siguiente ecuación:*

$$c_j^{t+1} = \Phi(c_{j+\delta_1}^t + c_{j+\delta_2}^t + \cdots + c_{j+\delta_q}^t) \quad (2.1)$$

donde $j + \delta_k$ representa las células que conforman la vecindad de c_j .

2.5. EJEMPLOS CLÁSICOS DE AUTÓMATAS CELULARES

2.5.1. El trabajo de Stephen Wolfram

A mediados de los años 80's el Físico Teórico Stephen Wolfram, realizó un extenso análisis experimental de los patrones de crecimiento de los AC en una dimensión.

Para Wolfram [22], los autómatas celulares pueden ser usados como modelos matemáticos para sistemas físicos, biológicos y computacionales. Dado que son simples en la construcción, y potencialmente amigables con el análisis matemático preciso, son capaces de mostrar un comportamiento complejo. Define los AC como idealizaciones matemáticas simples de sistemas naturales, los cuales están constituidos de un arreglo de sitios discretos idénticos y cada sitio puede tomar un conjunto finito de estados, como números enteros. Especializándose en AC 1-dimensionales.

2.5.1.1. Reglas de Wolfram

Los AC 1-dimensionales de estados binarios y de vecindad 3, son unos de los más estudiados por Wolfram.

Un autómata celular 1-dimensional consiste en un arreglo lineal de sitios; cada sitio puede tener un valor de 0 o 1 (en general cualquier entero). El valor del sitio, ubicado en la i -ésima posición, es actualizado en pasos de tiempo discretos de acuerdo a una regla determinística dependiendo de los valores de las células de su vecindad [11]. Wolfram designa k como el número de estados que puede tener una célula, y r como el número de células a la izquierda y derecha, que tienen interacción local con la célula base. A este número r se le conoce como radio de vecindad.

Tomando como referencia una vecindad de radio $r = 1$, se definen la siguiente regla de evolución.

$$\begin{array}{cccccccc} \underbrace{111} & \underbrace{110} & \underbrace{101} & \underbrace{100} & \underbrace{011} & \underbrace{010} & \underbrace{001} & \underbrace{000} \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \end{array}$$

Esta función de evolución se expresa como la suma mod 2 del vecino izquierdo y derecho de la célula que evoluciona.

A esta regla se le asocia el número decimal 90 por su representación binaria (01011010), a este número decimal se le conoce como regla 90 o número de Wolfram 90.

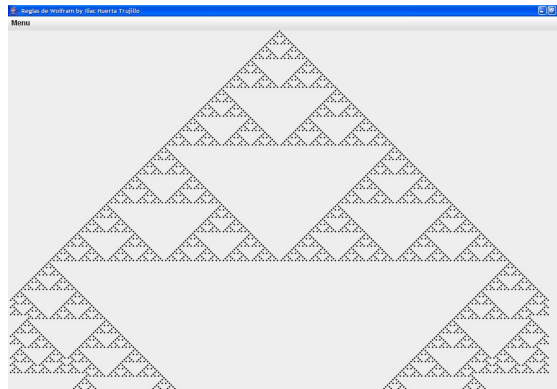
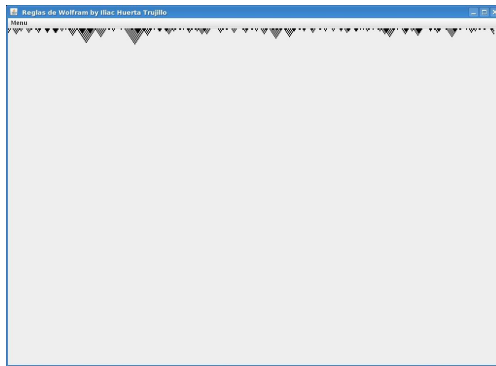


FIGURA 2.6. Fractal generado por la evolución de un AC 1-dimensional usando la regla 90.

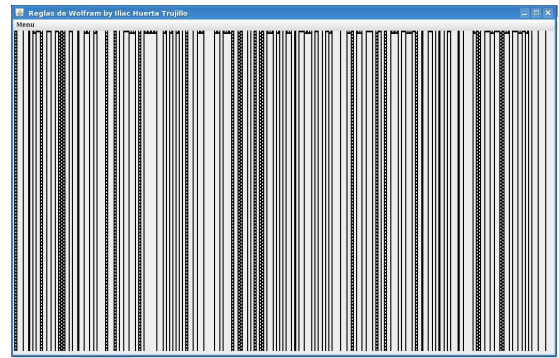
La Figura 2.6 presenta la evolución de la regla 90 en una retícula 1-dimensional inicializada a 1 en la célula que marca la mitad de la retícula, en la imagen puede verse la construcción del fractal conocido como Triángulo de Sierpinski, esta evolución muestra como una regla simple puede generar patrones complejos.

2.5.1.2. Clasificación de Wolfram

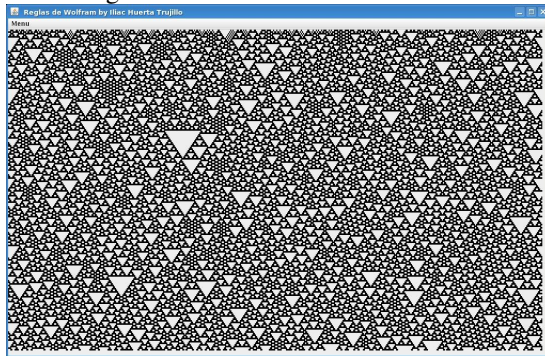
Basado en sus estudios sobre AC de 1-dimensión, y en el análisis morfológico de las evoluciones presentadas a lo largo del tiempo [15, 23], Wolfran clasificó a los AC en cuatro clases, dependiendo del incremento en su complejidad y cuyos rasgos son identificados de forma inmediata:



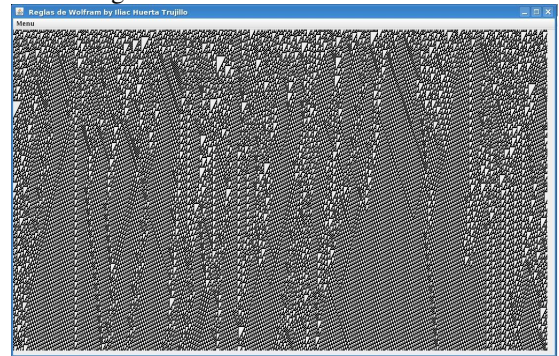
(a) Evolución de AC 1-dimensional usando la regla 160.



(b) Evolución de AC 1-dimensional usando la regla 108.



(c) Evolución de AC 1-dimensional usando la regla 122.



(d) Evolución de AC 1-dimensional usando la regla 110.

FIGURA 2.7. Ejemplos de AC de (a) clase I, (b) clase II, (c) clase III y (d) clase IV

Clase I: Esta clase de AC, se caracteriza por que su comportamiento es simple, todos los estados iniciales convergen de manera uniforme a un solo estado final (figura 2.7-a).

Clase II: En los AC de clase dos, existe una gran variedad de estados finales diferentes, pero todos ellos consisten sólo de un cierto conjunto de estructuras simples que permanecen a lo largo del tiempo o se repiten periódicamente (figura 2.7-b).

Clase III: Esta clase de AC, se caracteriza por tener un comportamiento más complejo y en muchos aspectos, aleatorio. Sin embargo, al igual que los AC de clase II, estos AC presentan estructuras con patrones que se repiten con una periodicidad no siempre fácilmente identificable como en los AC de clase II (figura 2.7-c) [23].

Clase IV: Los AC de clase IV presentan un patrón que implica una mezcla de orden y aleatoriedad. Presenta estructuras localizadas simples que se mezclan con otras estructuras de manera complicada; puede decirse que ésta clase de AC es una combinación de los AC de clase II y III.

Esta clasificación de AC, se ha extendido a AC de dos o tres dimensiones, sin embargo la clasificación no es general pues existen AC que pueden presentar comportamientos que no puedan ser circunscritos en ninguna de estas clases⁴ [24]. En [23] Wolfram muestra una amplia gama de estos ejemplos.

2.5.2. El juego de la vida

Poco después de los experimentos de Codd [25], el matemático británico John Horton Conway desarrolló otro espacio celular siendo éste un avance dado que es uno de los espacios celulares más simple que exhibe cómputo universal y un constructor universal. En 1970, Martin Gardner, publicó un artículo sobre un *juego matemático*; el origen de este juego es la investigación de Conway que buscaba tener la complejidad del constructor universal de John von Neumann, solo que con menos estados, simplemente 2.

⁴Un ejemplo son los AC reversibles, los cuales presentan una evolución en el tiempo que puede ser compleja pero se describe de manera precisa, estos AC tienen la característica de que se puede encontrar una función de evolución que permite obtener la evolución del AC original pero hacia atrás en el tiempo.

Aunque Conway construyó las reglas de su espacio celular de manera que debe permitir la interacción compleja, las estructuras que son posibles de generar en este espacio se han descubierto después de que las reglas del espacio se establecieron. En contraste, la mayoría de los patrones utilizados por von Neumann para la construcción de su autómata se han desarrollado al mismo tiempo que las normas que rigen sus espacios, las normas son complejas y parece claro que eran elaboradas específicamente para permitir ciertas estructuras[26].

La idea básica es comenzar con una configuración simple de organismos, distribuidos en una retícula, uno por célula, luego observar como estos se cambian cuando se aplican lo que Gardner llamó “*las leyes genéticas de Conway*” para nacimientos, muertes, y supervivencia [2].

Conceptualmente el AC del juego de la vida (GL por sus siglas en inglés), fue diseñado para capturar, de una manera simple, la reproducción y muerte de una población [16].

GL está definido en una lattice 2-dimensional donde cada célula que conforma el lattice puede tomar uno de dos estados: viva o muerta (1 ó 0, respectivamente). La función de transición para una célula toma en cuenta una vecindad de Moore descritas a continuación [20]:

- Sobrevive: una célula en estado 1, tiene 2 o 3 vecinos en estado 1, entonces la célula sobrevive, es decir, continua en estado 1.
- Nacimiento: si una célula se encuentra en estado 0 y tiene exactamente 3 vecinos en estado 1, en el siguiente paso de tiempo la célula cambia a estado 1.
- Muerte: una célula en estado 1 muere por inanición si en su vecindad existe 1 o menos células en estado 1, ó muere por hacinamiento si existen 4 o mas células en estado 1 en su vecindad.

De acuerdo a la definición 2.2, el juego de la vida es un AC 2-dimensional, y podemos definirlo como una 4-tupla $T = (L, S, V, \Phi)$ donde:

L : es una retícula regular y $L = \{c_{i,j} | c \in \mathbb{Z}^2 \quad i = 1, \dots, n; \quad j = 1, \dots, m\}$

S : $\left\{ \begin{array}{l} 0 : \text{ si la célula está muerta.} \\ 1 : \text{ si la célula está viva.} \end{array} \right\}$

V : $\{v(c) : c \in L \text{ y } v(c) \text{ es la vecindad de Moore.}\}$

Φ : $\left\{ \begin{array}{l} \text{a) Una célula viva en el tiempo } t, \text{ permanece viva en } t + 1 \\ \text{si existen 2 o 3 células vivas en su vecindad, en otro caso muere} \\ \text{b) Una célula muerta en } t, \text{ vive en } t + 1 \\ \text{si y solo si, existen 3 células vivas en su vecindad.} \end{array} \right\}$

Según [27], las condiciones iniciales para el juego de la vida son una distribución aleatoria de células vivas del total que conforman el lattice del AC, y asignando condiciones de frontera abierta, es decir, fija a 0.

2.5.2.1. Simulación del juego de la vida

En una lattice de 128 x 128, con una configuración inicial aleatoria del 30% de células vivas simulamos el juego de la vida (Figura 2.8).

Al hacer iteraciones sobre el AC aplicando su función de transición se puede ver que se forman estructuras bien definidas y tendientes a una auto-organización (Figura 2.9).

2.5.2.2. Algunos resultados de "GL"

A lo largo de la simulación de GL se pueden observar estructuras que son características de este AC, estas estructuras pueden ser de cuatro tipos:

(i) Estructuras que desaparecen.

Estas estructuras están formadas por células en estado 1 o vivo y tienden a desaparecer en el transcurso de las evoluciones del AC, la Figura 2.10 muestra la evolución de dos estructuras la primera a) una cruz desaparece para la sexta evolución y la segunda b) una swástica desaparece para la séptima evolución.

(ii) Estructuras estáticas.

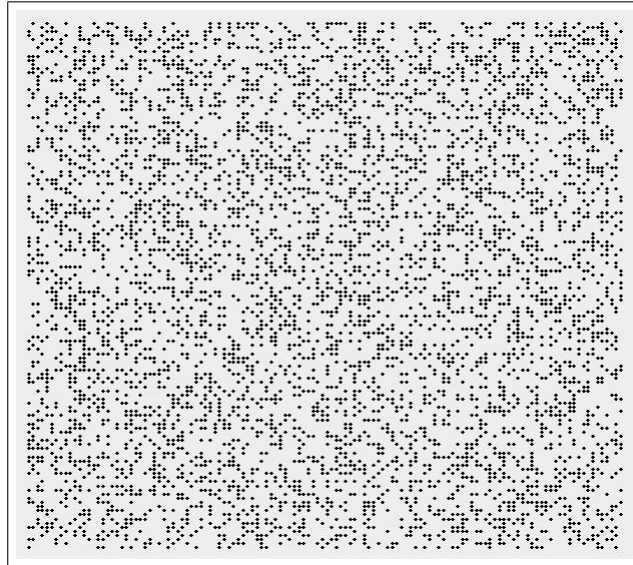


FIGURA 2.8. Configuración inicial para GL con 30% de células vivas distribuidas aleatoriamente.

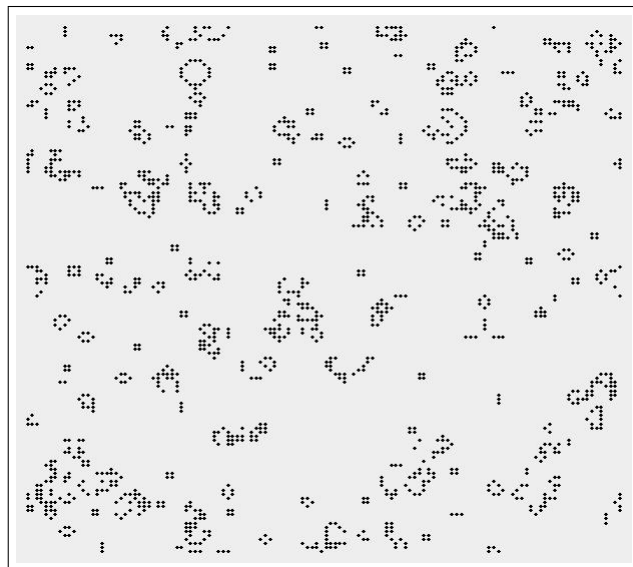


FIGURA 2.9. GL después de 100 iteraciones, ya existen estructuras definidas.

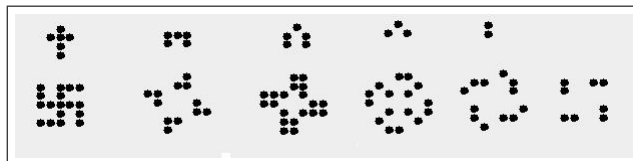


FIGURA 2.10. Evolución de dos estructuras a) una cruz y b) una swástica.

Son estructuras que a lo largo de la evolución del AC, se forman y llegan a un estado en el cual a lo largo del tiempo no se modifica, es decir la configuración permanece por tiempo ilimitado, llamadas “*still life*”[24](Figura 2.11).

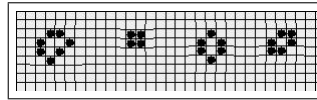


FIGURA 2.11. Estructuras que permanecen estáticas a lo largo de la evolución del AC.

(iii) Estructuras periódicas.

Este tipo de estructura se encuentra oscilando durante la evolución del AC, se repite constantemente y tiene la característica de que no existe un desplazamiento del lugar de evolución (Figura 2.12).

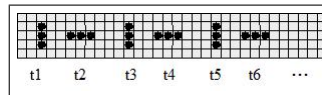


FIGURA 2.12. Estructuras periódicas a lo largo de la evolución del AC.

(iv) Estructuras periódicas con desplazamiento.

Estas estructuras han recibido mayor atención dado de que estas configuraciones pueden desplazarse a través del AC, y pueden colisionar con otras estructuras formando configuraciones complejas, y es posible que puedan reproducirse estas estructuras.

El nombre común que se les a dado es el de “*glinder*”, siendo el glinder mas importante el que está formado por 5 células en un área de 3 x 3 dentro del AC, dicha configuración fue descubierta por un grupo de investigadores del MIT encabezados por R. Wm. Gosper Jr., en noviembre de 1970. Descubriendo la estructura que se podía auto reproducir cada 30 generaciones[28].

Es con base en estos conceptos y ejemplos que se presenta en el siguiente capítulo una aplicación de los AC para un modelo de evolución de especies usando un AC 1-dimensional, con condiciones de frontera periódica y una vecindad de radio $r = 1$.

MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

“Bien, la evolución es una teoría. También es un hecho. Y hechos y teorías son cosas diferentes, no peldaños en una jerarquía de certeza creciente. Los hechos son los datos del mundo. Las teorías son estructuras de ideas que explican e interpretan los hechos. Los hechos no se marchan cuando los científicos debaten teorías rivales para explicarlos. La teoría de gravitación de Einstein reemplazó a la de Newton en este siglo, pero las manzanas no se quedaron suspendidas en el aire esperando el resultado. Y los humanos evolucionaron de ancestros tipo monos ya sea que lo hicieron mediante el mecanismo propuesto por Darwin o por algún otro no descubierto aún.”
(Stephen Jay Gould. Paleontólogo estadounidense).

3.1. INTRODUCCIÓN

En septiembre de 1832, el Beagle desembarcó en Bahía Blanca, Argentina, en él viajaba un naturalista británico de nombre Charles Darwin. Realizando estudios en éste lugar, al analizar un montículo de arena y grava, un gran hueso que salía fue lo que llamó la atención de Darwin. Se acercó y empezó a desenterrarlo, apenas lo había logrado extraer, cuando se desprendieron más huesos. Darwin estaba ante un depósito de huesos fosilizados como nunca antes había visto o leído; luego de arduas excavaciones se encontró con huesos de animales que le daban la impresión de haber disminuido su tamaño. Le intrigó, en especial, los restos fósiles de un equino. Sabía que los caballos modernos no habían arribado al continente americano hasta su descubrimiento por los europeos. Sin embargo, tenía una prueba irrefutable de que estos animales poblaron el continente en un pasado muy remoto [29].

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

En sus estudios a los fósiles encontrados Darwin identifica huesos de especies parecidas a las vivas pero con diferencias notorias en cuanto a su morfología, en algunas ocasiones muy parecidas, en otras no tanto, En su diario Darwin escribe:

“No tengo la menor duda de que esta fabulosa relación, presente en el mismo continente, entre las criaturas desaparecidas y las vivas, arrojará más luz de aquí en adelante sobre la aparición de seres orgánicos en la Tierra y su desaparición de ella.”

La Biblia explicaba el origen y la edad de las especies. Darwin vivía la angustia, aunque también la fascinación, de enfrentar un dogma, no con otro dogma, sino con pruebas aún inconclusas y desmembradas, pero irrefutables. Estos descubrimientos más las ideas de Thomas Malthus le dan a Darwin la pauta para separar la discusión del orden biológico de la iglesia y definir las ideas de la selección natural, que para él, son el origen de la evolución de las especies.

Los estudios realizados por Darwin sentaron las bases para las teorías modernas de evolución. Esta teoría explica la evolución de las especies basada en la selección natural y la adaptación de las especies al medio, sin embargo estos ejemplos no pueden ser sujetos a verificación alguna.

Con ésta idea surge la necesidad de contar con una alternativa que pueda explicar los fenómenos evolutivos pero además ser sujeta de verificación matemática.

3.2. CRITICALIDAD AUTO-ORGANIZADA Y LA EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

En 1987 el físico danés, Per Bak (1947–2002), Chao Tang y Kurt Wiesenfeld, dieron origen al término *criticalidad auto-organizada* para referirse a sistemas los cuales presentaran combinaciones de dos fenómenos conocidos, la *auto-organización*, que es, la capacidad que presentan sistemas caóticos de mostrar la aparición espontánea de estructuras espaciales en ausencia de influencia externa y la *criticalidad*¹, que se presenta cuando las variables de estado de un sistema se aproximan a un punto denominado crítico que hace

¹Termino usado en la termodinámica.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

que las partes que conforman el sistema, al ser sometidas a una perturbación local afecte al sistema entero y no solo a la vecindad del área perturbada [30].

La *criticalidad auto-organizada* (SOC, por sus siglas en inglés), se refiere a la tendencia que presentan sistemas dinámicos grandes a organizarse en un estado “sereno” lejos del equilibrio, que propaga avalanchas² de actividad de todos los tamaños[31]. En los sistemas que presentan SOC, el estado crítico se alcanza de manera espontánea por lo que la generación de orden es una consecuencia exclusiva de las leyes que gobiernan la materia sin depender de factores externos [30].

Los sistemas con SOC, tienen una característica común y es que el tiempo que les toma llegar a un estado de equilibrio obedece a una distribución del ley de potencia:

$$p(x) \propto x^{-\tau} \quad (3.1)$$

La distribución por leyes de potencia es un comportamiento muy abundante encontrado en los fenómenos naturales; como la luz emitida por cuásares, la intensidad de los terremotos, el nivel del agua del Nilo o como resultado directo de las actividades humanas como la distribución por tamaño de las ciudades, la repetición de palabras en la Biblia y en los problemas de tráfico.

El problema de la evolución biológica ha sido atacado desde éste punto de vista, es decir, el encontrar leyes de potencia que representen los eventos de adaptación y extinción de las especies a lo largo de la historia de la evolución.

La visión Darwinista clásica expone el proceso evolutivo como un fenómeno lento y gradual en el que los cambios se acumulan a lo largo del tiempo, sin embargo esta manera de ver la evolución no explicaba eventos de extinción masiva presentada en los registros fósiles; al analizar estos datos el paleontólogo Gould planteó la hipótesis[31] de que la

²Avalancha es la actividad generada por una perturbación a un sistema que se encuentra en estado de aparente equilibrio, que puede ser medida por el tiempo que dura en volver a un nuevo estado de equilibrio (tiempo de vida).

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

evolución biológica se lleva a cabo en términos de ráfagas de actividad intermitentes que separan los relativamente largos períodos de inactividad, en lugar de en forma gradual.

Buscando una manera de modelar el comportamiento de los procesos de evolución, Per Bak y Kim Sneppen, desarrollaron un modelo conocido como modelo Bak-Sneppen de evolución, el cual se explica en la sección 3.3.

3.3. MODELO BAK-SNEPPEN DE EVOLUCIÓN.

El modelo de evolución de Bak-Sneppen[31], considera el proceso evolutivo a grosso modo, no se presenta de manera explícita un paisaje adaptativo (fitness landscape)^{3 4} como existen en otros modelos. Sin embargo, el modelo toma la idea de los paisajes adaptativos, imitando los efectos que este produce en las especies, en términos de una sola medida de aptitud, barreras óptimas (fitness barriers)[32]. La aptitud de cada especie se ve afectada por otras especies con las que esté relacionada en el ecosistema, esto significa, que los movimientos adaptativos de una especie asociada co-evolutivamente a otra, afectan la aptitud y los grados adaptativos de sus socios co-evolutivos.

La estabilidad de cada especie se caracteriza por una barrera de cierta altura que separa su aptitud local máxima de otras máximas mejores(Figura 3.1). La altura de la barrera es la medida del número de fragmentos de código genético(genotipo) que debe ser cambiado. La mutación de fragmentos ocurre a menudo, pero modificaciones complicadas, como el desarrollo de alas para permitir que una criatura vuele, son poco probables que ocurran ya que involucran grandes movimientos evolutivos coordinados. La escala de tiempo para cada mutación es exponencial. Cuando la aptitud es alta, es difícil encontrar una mejor máxima cercana de tal forma que esos estados son relativamente estables. Cuando la aptitud es baja es más probable encontrar estados mejores cercanos, de modo tal que las barreras son bajas.

³Idea desarrollada por Kauffman [32] en donde a cada genotipo se le puede asignar un grado de adaptación y dependiendo de la distribución de estos valores se forman los paisajes adaptativos.

⁴El “paisaje adaptativo” representa la habilidad de las especies a sobrevivir, en principio las especies se trasladan por medio de mutaciones en este paisaje adaptativo.

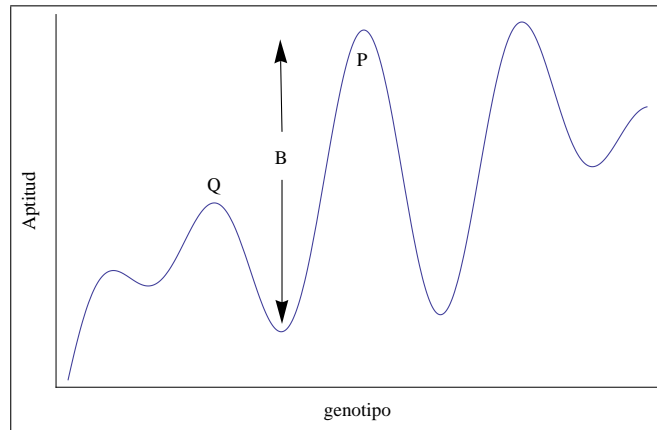


FIGURA 3.1. Paisaje adaptativo de una especie, con el objeto de alcanzar un nuevo pico adaptativo P , el genotipo en Q , debe sufrir un cambio en su barrera de adaptación, pasando por a través de un valle con un grado de adaptación menor. La altura B de esta barrera es una medida de cuán difícil es para la especie para alcanzar el nuevo máximo.

Por lo tanto, para cada especie, e_i , sólo se considera la barrera más pequeña, B_i . Las barreras son la medida de estabilidad. El salto para cruzar la barrera puede ser considerado como una mutación de la especie o la sustitución de una especie por una mejor en el mismo nicho ecológico. Dado que las barreras más pequeñas se relacionan con la aptitud más baja y las barreras altas corresponden a la aptitud más alta, entonces las barreras también son una medida de aptitud. Como las barreras pequeñas son inestables, una colección de especies que no interactúan convergerían hacia un estado “muerto” profundamente congelado con las barreras o aptitud más alta.

Sin embargo, el mecanismo impulsor fundamental para la biología es que las especies interactúen entre ellas, por razones geográficas y de otro tipo. Por ejemplo, la interacción podría representar el hecho de que dos especies son eslabones consecutivos en una cadena alimenticia. Cuando una especie efectúa un movimiento adaptativo, cambia los paisajes de aptitud de sus vecinos. Una especie con una barrera alta e incapaz de mutar por sí sola puede eventualmente ser afectada por un vecino mutante, lo que ocasiona una reducción de la barrera que facilita la mutación[31].

Siguiendo la definición 2.2:

Definición 3.1. *El modelo Bak-Sneppen de evolución biológica es un AC 1-dimensional $AC = (L, S, V, \Phi)$ donde:*

L : *es una retícula regular 1-dimensional con frontera periódica y $L = \{e \in \mathbb{E}\}$ donde \mathbb{E} es el conjunto de especies del nicho ecológico y $e = 1 \dots n$*

S : $\{R_e \in \mathbb{R} : \text{con } R_e \subset [0, 1)\}$

donde R_e es la barrera de altura aleatoria para mutación de la especie e

V : $\{v(e) : e \in L \text{ y } v(e) = (e - r, e, e + r)\}$. es la vecindad de radio $r = 1$

Φ : $\left\{ \begin{array}{l} 1) \text{ Se asigna una barrera } B_i \text{ aleatoria a cada especie.} \\ 2) \text{ En el tiempo } t, \text{ localizar la especie con la barrera más baja} \\ \text{ y mutarla así como a los vecinos de ésta especie.} \\ 3) \text{ En el tiempo } t + 1, \text{ se repite la regla 2).} \end{array} \right\}$

Se hace necesario definir algunos conceptos implementados en éste modelo[33].

Definición 3.2. *Sea λ_c un valor crítico de aptitud, definimos especies estables a las especies e_i con $B_i \geq \lambda_c$ las cuales han llegado a un estado de aparente equilibrio.*

Definición 3.3. *Definimos una especie débil, a las especies e_i con $B_i < \lambda_c$ las cuales son especies activas susceptibles de mutar en cualquier instante de tiempo.*

Definición 3.4. *Definimos una avalancha A como las mutaciones sucesivas de un grupo de especies débiles e_i , ésta avalancha termina (y comienza una nueva) cuando las especies débiles se convierten en especies estables.*

3.4. SIMULACIÓN DEL MODELO BAK-SNEPPEN

3.4.1. Simulación con el mismo número de células.

Para realizar la simulación del modelo Bak-Sneppen, se desarrolló un AC 1-dimensional siguiendo la definición 3.1, de forma inicial se definió una retícula $L = 5000$ especies que representan un cierto ecosistema, un valor de umbral de aptitud $\lambda_c = 0.65$ que puede tomarse como la presión que el medio ejerce sobre las especies.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

La Figura 3.2, muestra la configuración inicial para la retícula 1-dimensional, en el eje x se muestran las especies numeradas de 1 a 5000, el eje y muestra la altura de la barrera de aptitud de cada especie, la línea horizontal muestra el umbral λ_c utilizado para medir las avalanchas. Las especies que se encuentran por debajo de λ_c son las especies susceptibles de mutar debido a que la barrera de aptitud es menor.

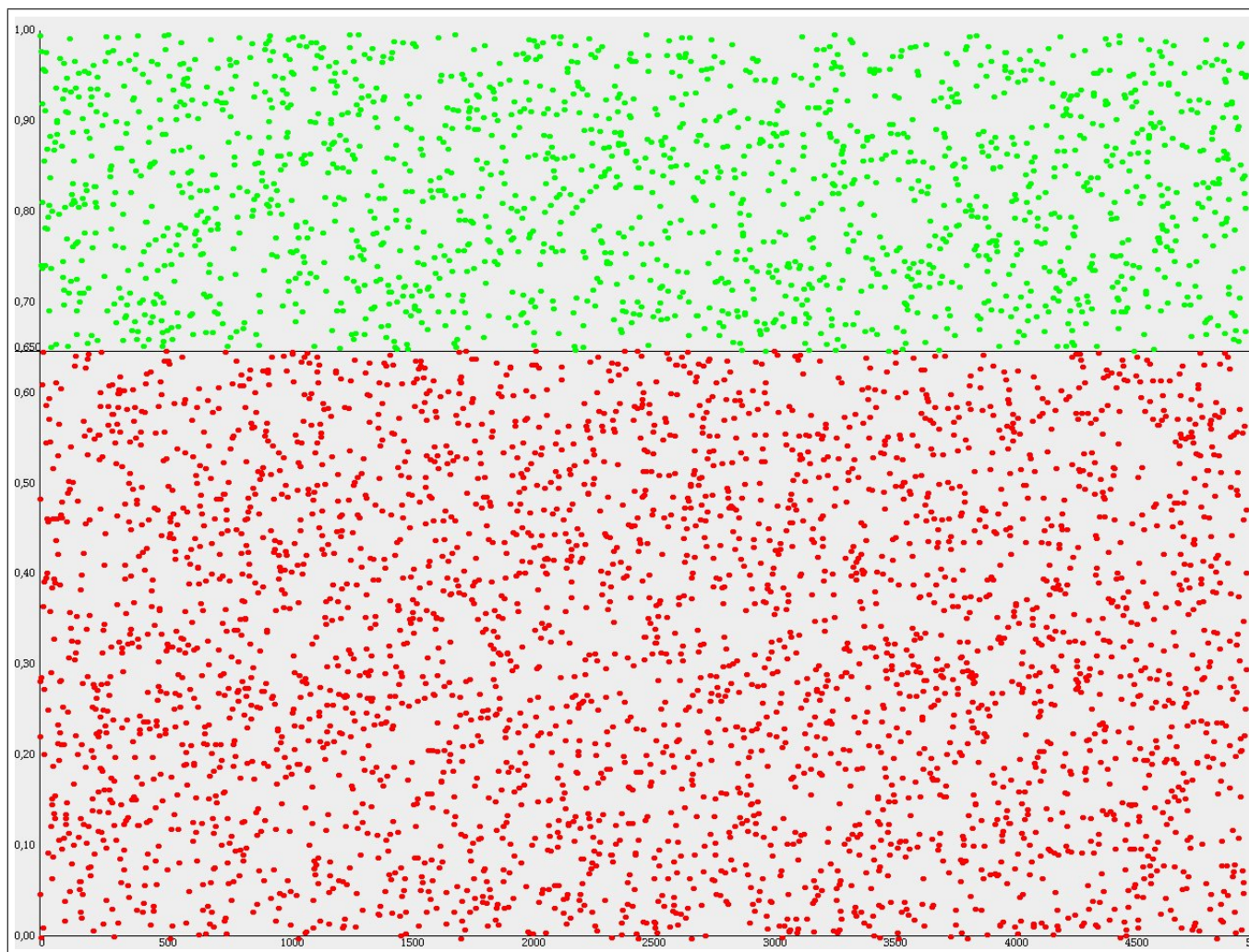


FIGURA 3.2. Configuración inicial de la simulación para el modelo de Bak-Sneppen, se representa una población de 5000 especies.

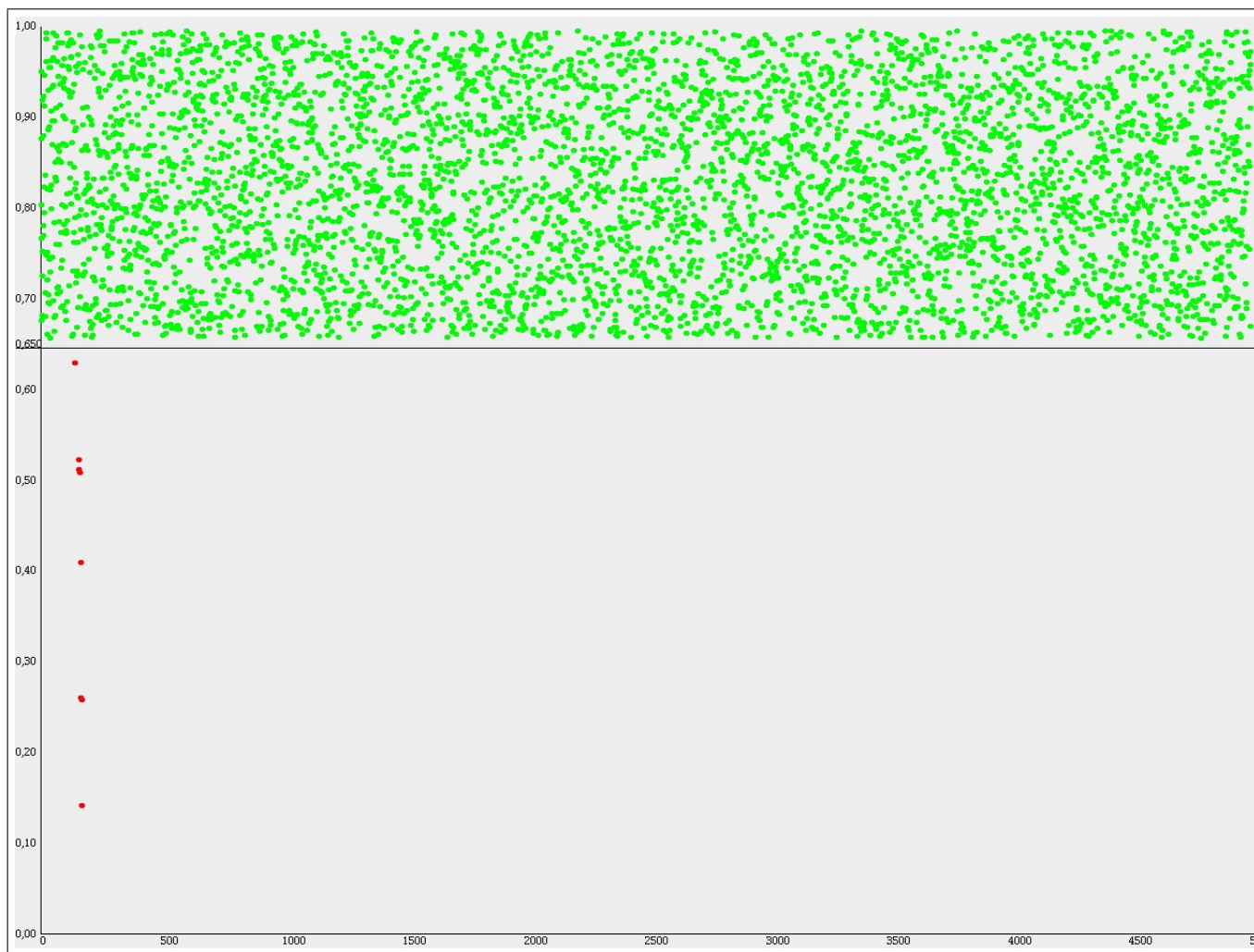


FIGURA 3.3. Configuración final de la simulación para el modelo de Bak-Sneppen, se representa una población de 5000 especies, después de 1×10^7 pasos de tiempo.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

Se realizaron 20 simulaciones, con el objeto de verificar si el AC no presentaba comportamiento diferente al esperado, comenzando con un proceso de termalización⁵ con una duración de 1×10^6 pasos de tiempo. Concluida la termalización se inicio el conteo de tiempo de duración de las avalanchas durante 1×10^7 pasos de tiempo que se hizo evolucionar el sistema. En la Figura 3.3 se muestra una instantánea del sistema al final del tiempo que duró la evolución. Como puede verse, las especies tienden a organizarse en un punto arriba de λ_c , esto debido a que las especies buscan la manera de adaptarse al medio en su nicho ecológico.

Los gráficos presentados en la Figura 3.4, muestran el tamaño de la actividad por avalancha registrada durante una simulación del AC, pueden verse avalanchas de todos los tamaños, es decir, avalanchas que presentan un bajo número de extinciones, que son la mayor cantidad de avalanchas, hasta las que presentan un mayor número de extinciones que son la menor cantidad de avalanchas, se presentan las gráficas de actividad para las primeras 6 simulaciones, en la Figura 3.4, incisos (a), (b), (c), (d), (e) y (f), dado que el comportamiento no varió de forma significativa.

En cada gráfico, las ordenadas, reflejan el número de mutaciones o extinciones en el avalancha medida, las abscisas presentan el número de avalancha medida en orden de aparición durante el tiempo de la simulación.

A diferencia del análisis presentado por Bak [31], en este trabajo se presenta una análisis del sistema completo y no de un pequeño grupo de especies. Se procedió a analizar los resultados, organizando las avalanchas para obtener histogramas de frecuencias de las avalanchas obteniendo como resultado las gráficas que se presentan en la Figura 3.5, para obtener estas gráficas, se organizaron las avalanchas de acuerdo a la cantidad de extinciones que presentó cada una de ellas, el eje de las ordenadas representa el número de extinciones que se registraron y el eje de las abscisas muestra la cantidad de extinciones⁶, en estas

⁵Es decir, ejecutar el AC un tiempo definido, sin toma de mediciones, con objeto de que al incrementarse las barreras, sea mas probable que al mutar una especie sean los vecinos que también mutaron los siguientes en mutar.

⁶Una extinción es tomada cuando la mutación lleva a una especie estable a un punto donde se vuelve débil, o una especie débil muta para seguir siendo débil, en ambos casos se dice que la especie fue sustituida por otra en el mismo nicho ecológico.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

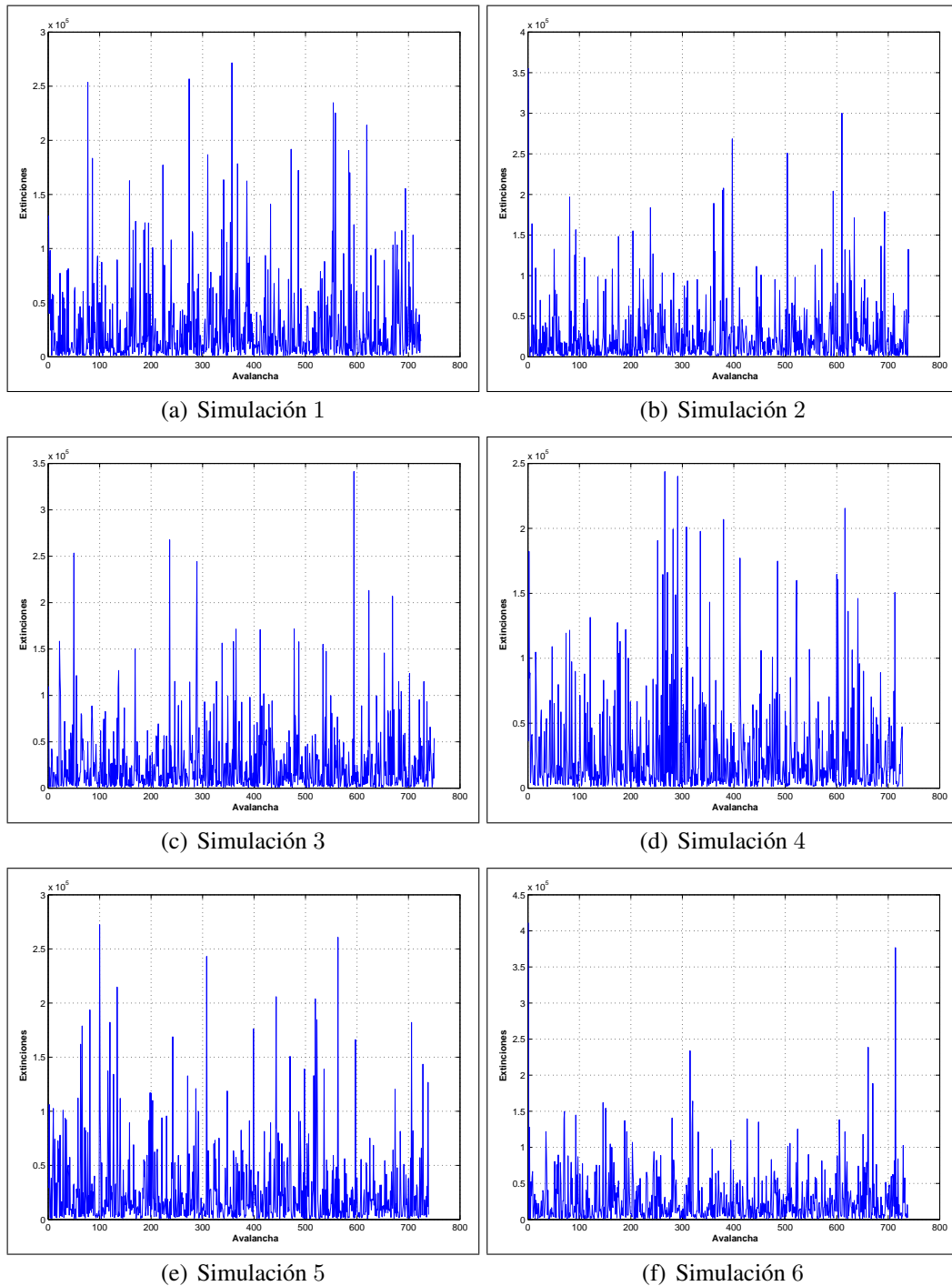


FIGURA 3.4. Gráficos de actividad registrada por avalanchas detectadas en las diferentes simulaciones, cada pico representa un tamaño de avalancha, (a), (b), (c), (d), (e) y (f) presentan los resultados de las primeras seis mutaciones.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

gráficas se hace evidente lo antes mencionado, es decir, la mayoría de los eventos de extinción presentados en las simulaciones se concretan a ser eventos un número menor de extinciones, y los eventos que tienden a ser de extinción masiva, son los de menor frecuencia.

Las gráficas de la Figura 3.5, parecen ajustarse a una exponencial, para verificar si este comportamiento presenta un patrón de leyes de potencia, cambiamos de un plano *normal-normal*, a un plano $\log - \log$.

Para obtener la curva a la cual se ajustan los datos en el plano $\log - \log$, suponemos que la curva de los histogramas se ajusta a una ecuación del tipo

$$y = Ax^{-\tau} \quad (3.2)$$

Aplicando logaritmo tenemos,

$$\log(y) = \log(A) + \log(x^{-\tau}) \quad (3.3)$$

$$\log(y) = \log(A) + -\tau \log(x) \quad (3.4)$$

$$y' = b' + mx' \quad (3.5)$$

Donde, $b' = \log A$, y $m = -\tau$, siendo m la pendiente de la recta que ajusta a los puntos en el espacio $\log - \log$.

Tomando la información de los histogramas de la Figura 3.5, obtenemos las gráficas de la Figura 3.6, viendo que la distribución de los tamaños de las avalanchas sigue una ley de potencias, lo que confirma que el modelo genera simulaciones que presentan criticalidad auto-organizada, la distribución de las avalanchas no depende de las condiciones iniciales de la simulación, por lo que la curva de ajuste funciona como un atractor de la dinámica del sistema que es alcanzada por la auto-organización del sistema. En la Tabla 3.1, se muestran los exponentes encontrados para cada una de las simulaciones, en la columna titulada con la etiqueta (No.) se presentan el número de la simulación y en la columna con la etiqueta $-\tau$ el exponente encontrado para esa simulación.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

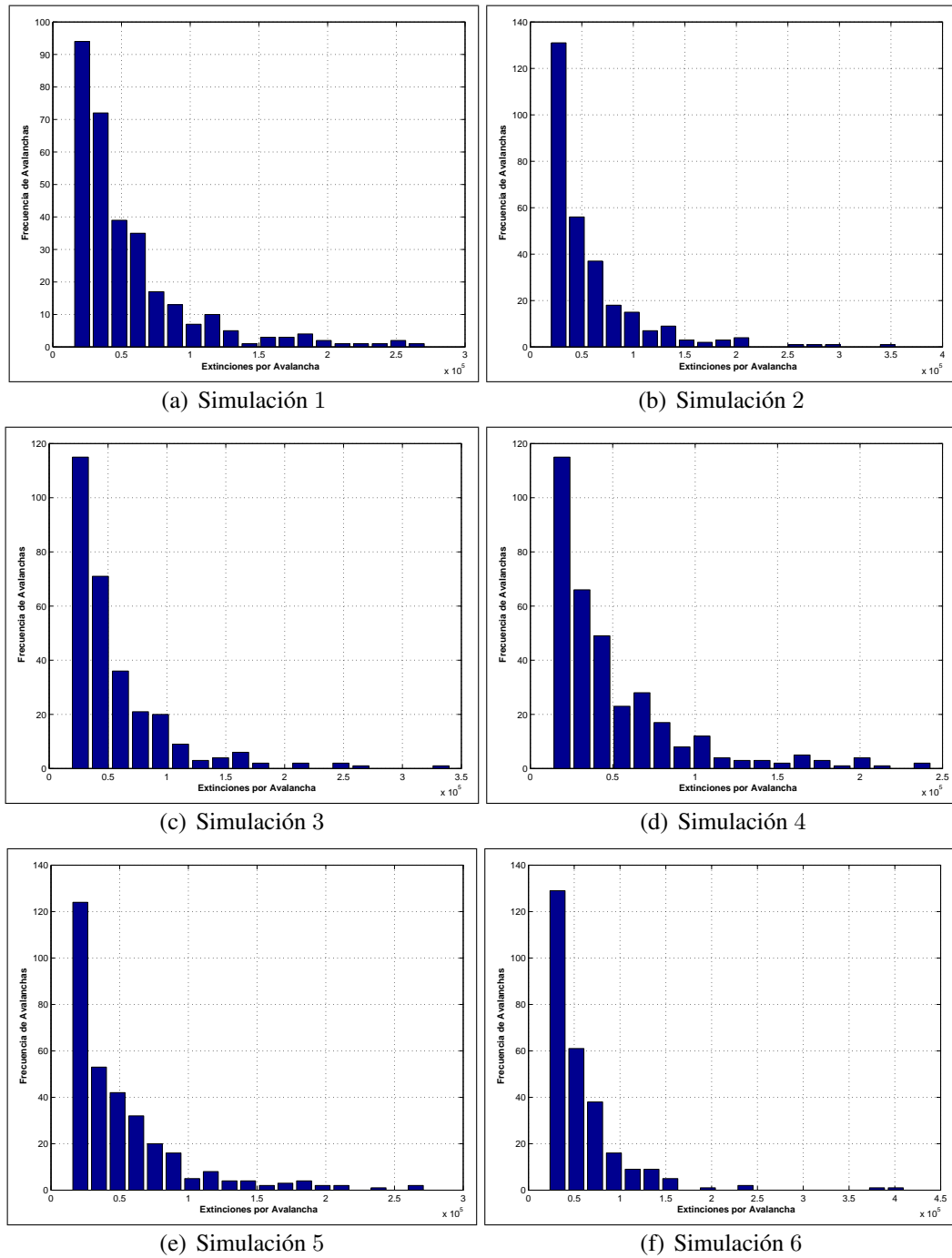


FIGURA 3.5. Gráficos de frecuencias de avalanchas de acuerdo al número de extinciones registradas durante la duración del evento en las diferentes simulaciones, (a), (b), (c), (d), (e) y (f) presentan los resultados de las primeras seis mutaciones, respectivamente de la Figura(3.4).

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

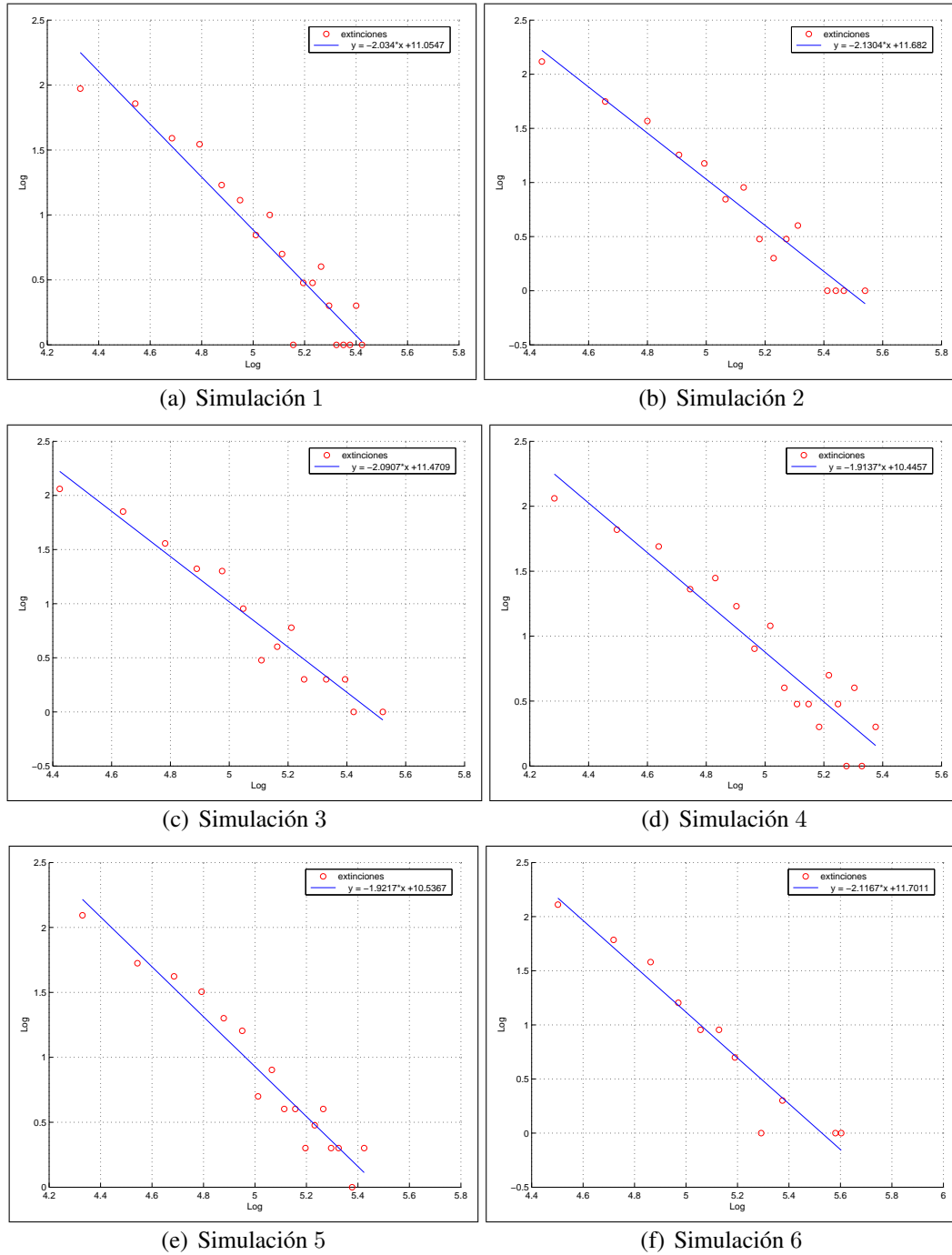


FIGURA 3.6. Gráficos de frecuencias de avalanchas correspondientes a las gráficas de la Figura 3.5 en un espacio log – log, se puede ver que la distribución de las avalanchas corresponde a una ley de potencias.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

TABLA 3.1. Exponentes obtenidos por los ajustes en cada una de las simulaciones.

No.	$-\tau$	No.	$-\tau$
1	-2.0340	11	-1.9604
2	-2.1304	12	-1.9937
3	-2.0907	13	-2.3423
4	-1.9137	14	-2.0786
5	-1.9217	15	-2.0685
6	-2.1167	16	-2.1672
7	-2.1803	17	-2.1953
8	-2.2283	18	-2.0816
9	-1.9191	19	-1.9769
10	-2.1048	20	-2.0834

Dado que el valor del exponente tiene la misma probabilidad de aparecer, calculamos la media $\bar{\tau}$ para el exponente $-\tau$ con:

$$\begin{aligned}
 -\bar{\tau} &= \frac{\tau_1 + \dots + \tau_n}{n} \\
 -\bar{\tau} &= \frac{\tau_1 + \dots + \tau_{20}}{20} \\
 -\bar{\tau} &= -2.0794
 \end{aligned} \tag{3.6}$$

La ecuación (3.6), da el valor obtenido para la media aritmética de los exponentes obtenidos en la ley de potencia, con este valor se calcula la varianza de los exponentes, como sigue:

$$\begin{aligned}
 \sigma^2 &= \frac{(\tau_1 - \bar{\tau})^2 + (\tau_2 - \bar{\tau})^2 + \dots + (\tau_n - \bar{\tau})^2}{n} \\
 \sigma^2 &= \frac{(\tau_1 - \bar{\tau})^2 + (\tau_2 - \bar{\tau})^2 + \dots + (\tau_{20} - \bar{\tau})^2}{20}
 \end{aligned}$$

$$\sigma^2 = 0.0126 \quad (3.7)$$

En (3.7) se obtiene el valor de la varianza, como puede verse el valor es pequeño, lo que indica que los exponentes tienden a concentrarse al rededor de la media $\bar{\tau}$.

Como puede observarse $m = -\tau$ lo que implica que $\tau = -m$, por lo que el exponente $\tau \approx 2$, esto es congruente con lo encontrado en el registro fósil mencionado en [34] y en [32], por lo que el modelo podría simular los procesos de extinción masiva encontrados en la historia del planeta.

Otro punto relevante encontrado en las simulaciones es el hecho de que en todas ellas, las barreras mínimas se encontraban por debajo de un punto crítico B_c , esto puede verse en las gráficas presentadas en la Figura 3.7, congruentes con [31], [35] y [36]. del lado izquierdo de la gráfica se presenta la distribución de las barreras mínimas B_{min} , las cuales desencadenan una avalancha de extinciones, del lado derecho la distribución de las barreras B de las especies simuladas, es de notarse que las barreras B_{min} tienden a estar por debajo de $B_c = 0.67$, no importando el umbral fijado para mediciones de avalanchas, por lo que se puede decir que este es el punto en el cual las avalanchas se presentan en todos los tamaños vistos. Las barreras B tienden a organizarse arriba del valor crítico B_c , característico de los sistemas que presentan criticalidad auto-organizada.

Por otro lado, tomando como base las gráficas de la Figura(3.4), normalizando los datos con:

$$x_{norm}^i = \frac{x_i}{\bar{x}} : \quad \text{con } i = 1, \dots, n.$$

Obtenemos datos normalizados que se emplean en la construcción de las gráficas de actividad acumulada las cuales se presentan en la Figura 3.8. Como puede observarse la actividad acumulada medida se comporta como una gráfica de escalera, en cada inciso se presenta la gráfica del total de la actividad. Puede observarse que las curvas se ajustan a una curva, los datos obtenidos del exponente que muestra la pendiente se presentan en la Tabla 3.2.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

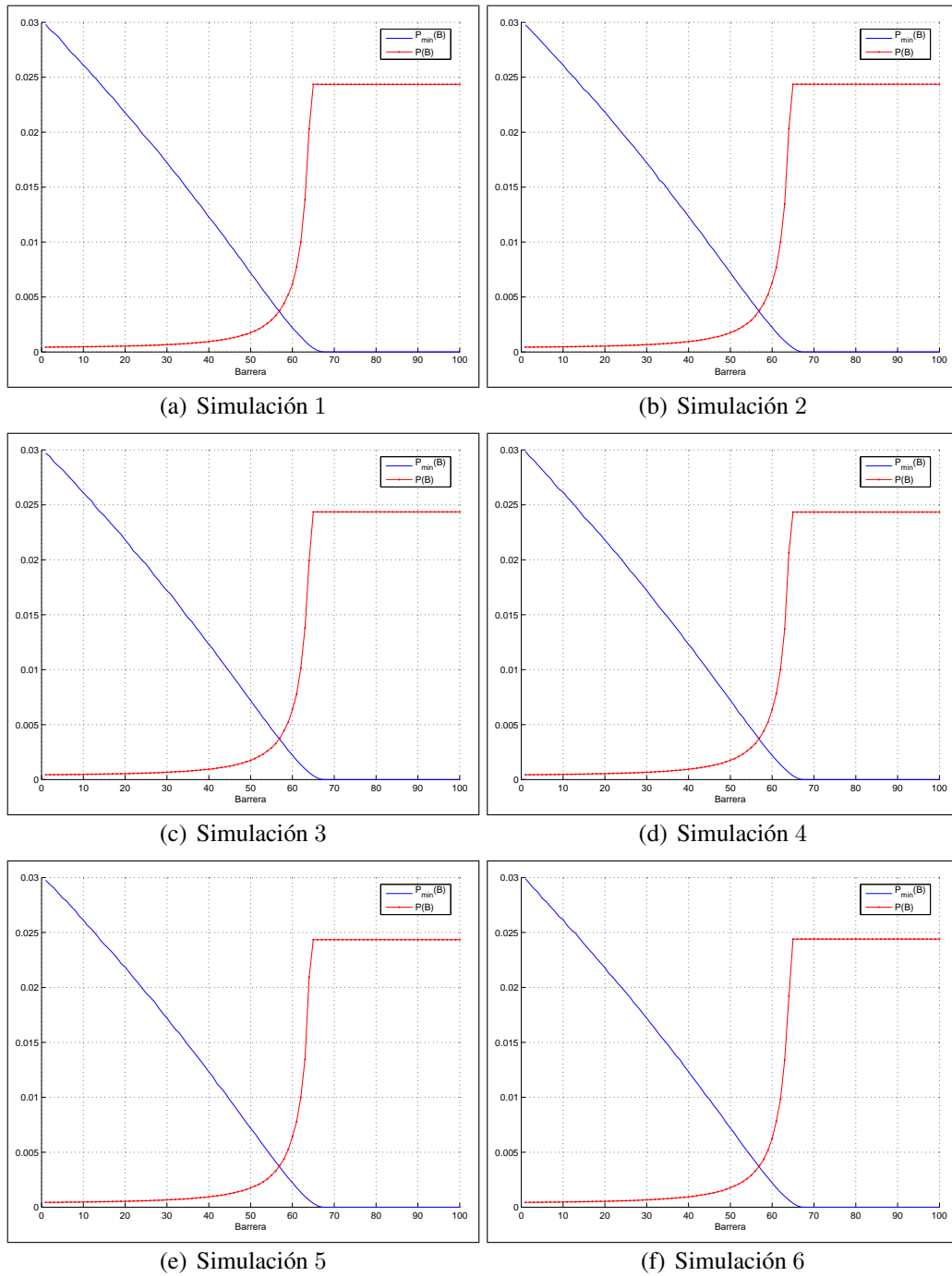


FIGURA 3.7. Gráficos de distribución de barreras, a la izquierda de cada gráfico se muestra la distribución de barreras mínimas, a la derecha la distribución de las barreras durante el proceso de cada simulación.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

TABLA 3.2. Exponentes obtenidos por los ajustes de la actividad acumulada en cada una de las simulaciones.

No.	m	No.	m
1	6.6413×10^{-5}	11	6.6821×10^{-5}
2	6.9742×10^{-5}	12	7.3617×10^{-5}
3	7.0793×10^{-5}	13	8.4939×10^{-5}
4	6.7600×10^{-5}	14	6.8465×10^{-5}
5	6.8879×10^{-5}	15	7.8448×10^{-5}
6	6.8873×10^{-5}	16	7.5221×10^{-5}
7	6.9619×10^{-5}	17	7.1148×10^{-5}
8	6.7424×10^{-5}	18	7.3559×10^{-5}
9	7.4596×10^{-5}	19	7.4847×10^{-5}
10	7.2645×10^{-5}	20	7.6958×10^{-5}

De igual manera que se hizo para los datos de los exponentes de la Tabla 4.1, calculamos la media y la varianza para los datos de los exponentes de las curvas características dado los siguientes resultados:

$$\begin{aligned}\bar{m} &= 7.2030 \times 10^{-5} \\ \sigma^2 &= 2.1449 \times 10^{-11}\end{aligned}$$

Las gráficas de la Figura 3.9 presentan los primeros 15×10^5 pasos de tiempo correspondientes a las gráficas de la Figura 3.8, esto con el objeto de tener una mejor visión de lo que ocurre. Claramente puede observarse que existen periodos de *stasis*⁷ o quietud. La recta la cual se puede trazar, a la cual se ajusta la gráfica de escalera, funciona como un atractor de estas gráficas, es decir, cuando existe un periodo de quietud grande, el sistema tiende a regresar de alguna manera a esta recta ya sea por un periodo de gran actividad o constantes periodos de menor actividad. En la Sección 3.4.2 se presenta el análisis variando el umbral λ para el mismo número de especies.

⁷Periodo de actividad evolutiva mínima o nula, puede aplicarse a una especie o a una comunidad de especies.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

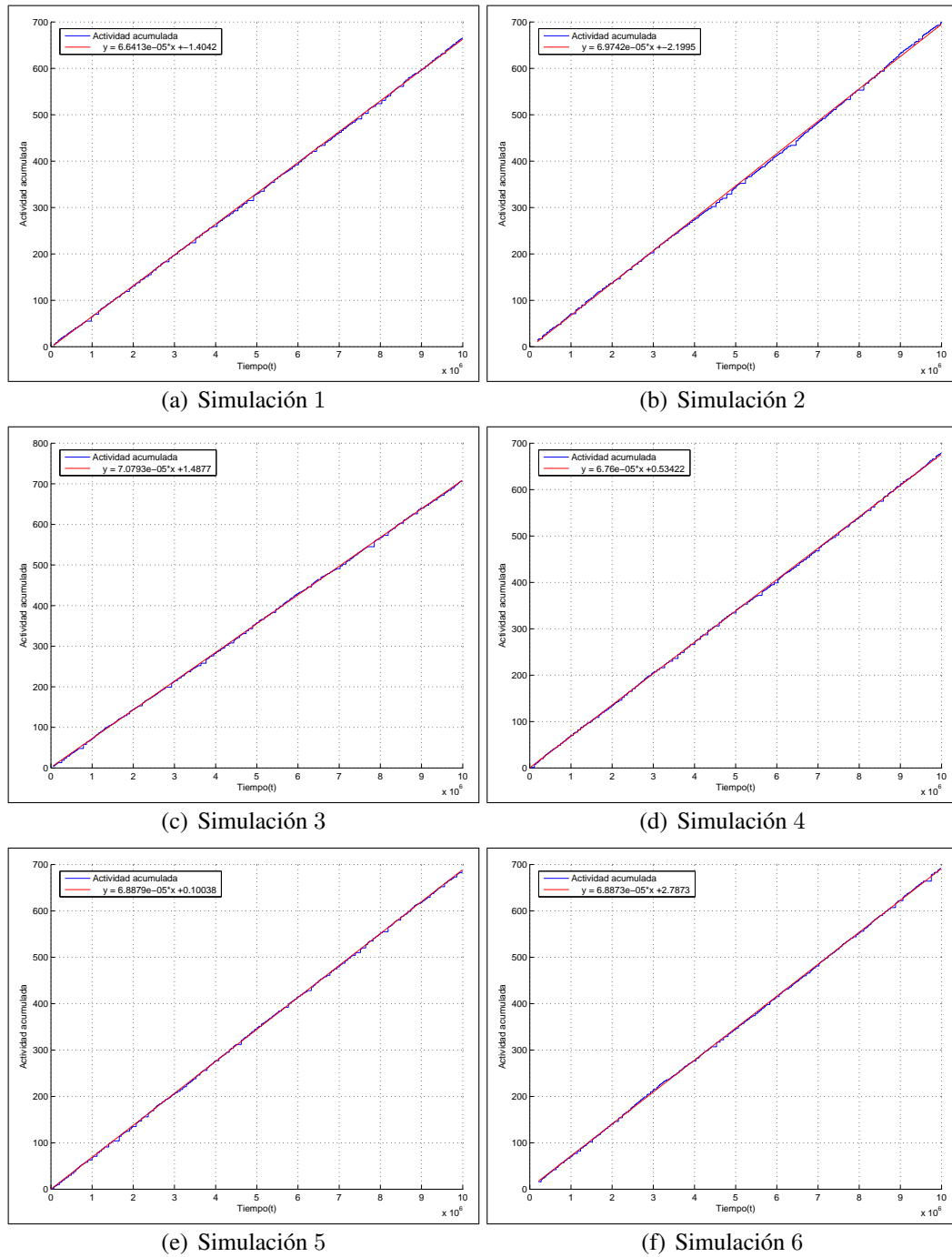


FIGURA 3.8. Gráficos de actividad acumulada con datos normalizados por simulación.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

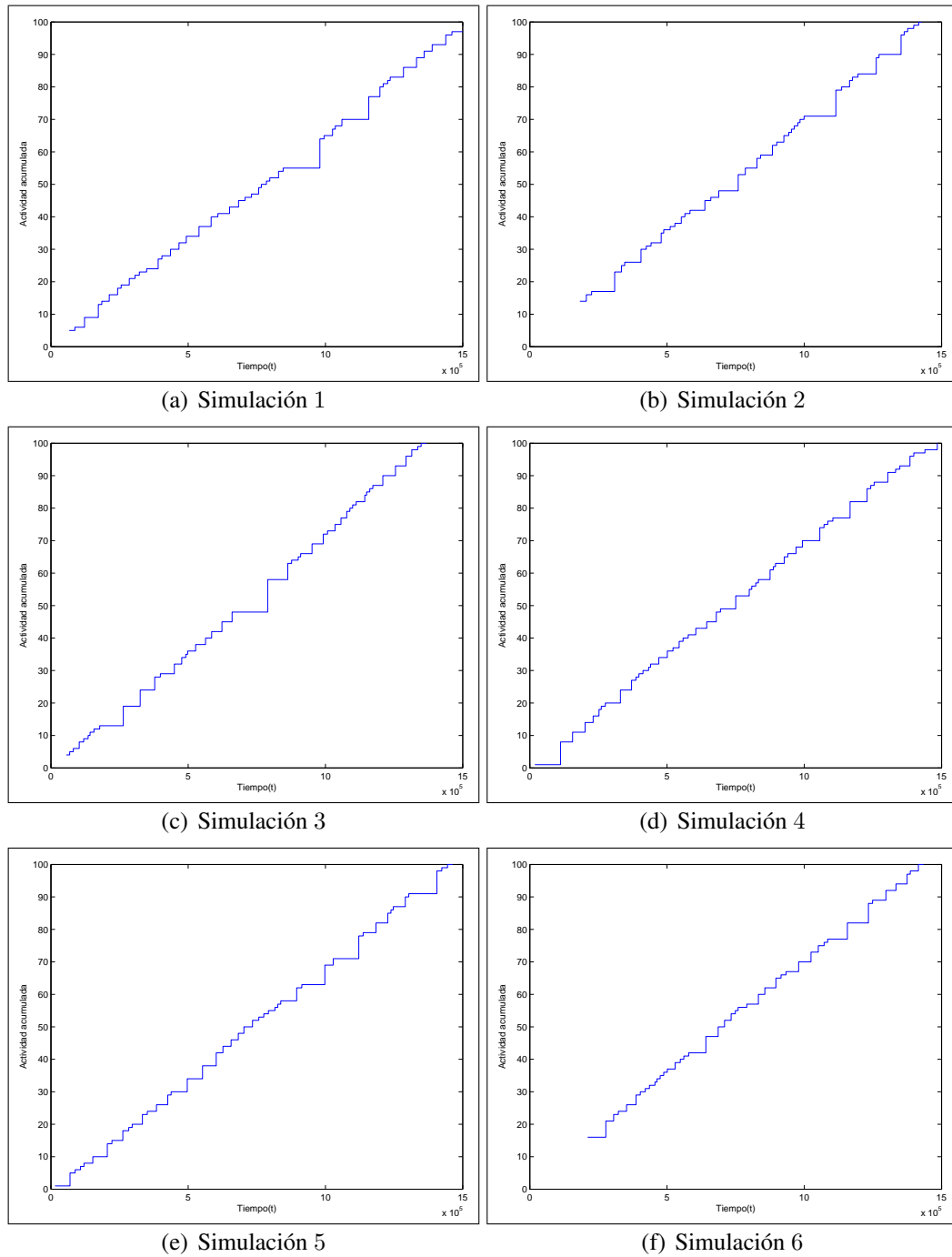


FIGURA 3.9. Gráficos de actividad acumulada con datos normalizados por simulación, presentación de los primeros 15×10^5 pasos de tiempo.

3.4.2. Simulación con variaciones en el umbral λ_c .

En el apartado 3.4.1 se realizaron simulaciones del AC con el mismo número de células, y mismo umbral λ_c con el objetivo de verificar que el modelo no presentara variaciones significativas en las simulaciones. En este apartado se realiza un análisis similar ahora variando el número λ_c o estrés que el medio ejerce sobre las especies que simulará el AC.

Las condiciones de simulación fueron iguales para cada una de ellas, es decir, 1×10^6 pasos de tiempo para termalizar el sistema y 1×10^7 pasos de tiempo para la toma de mediciones.

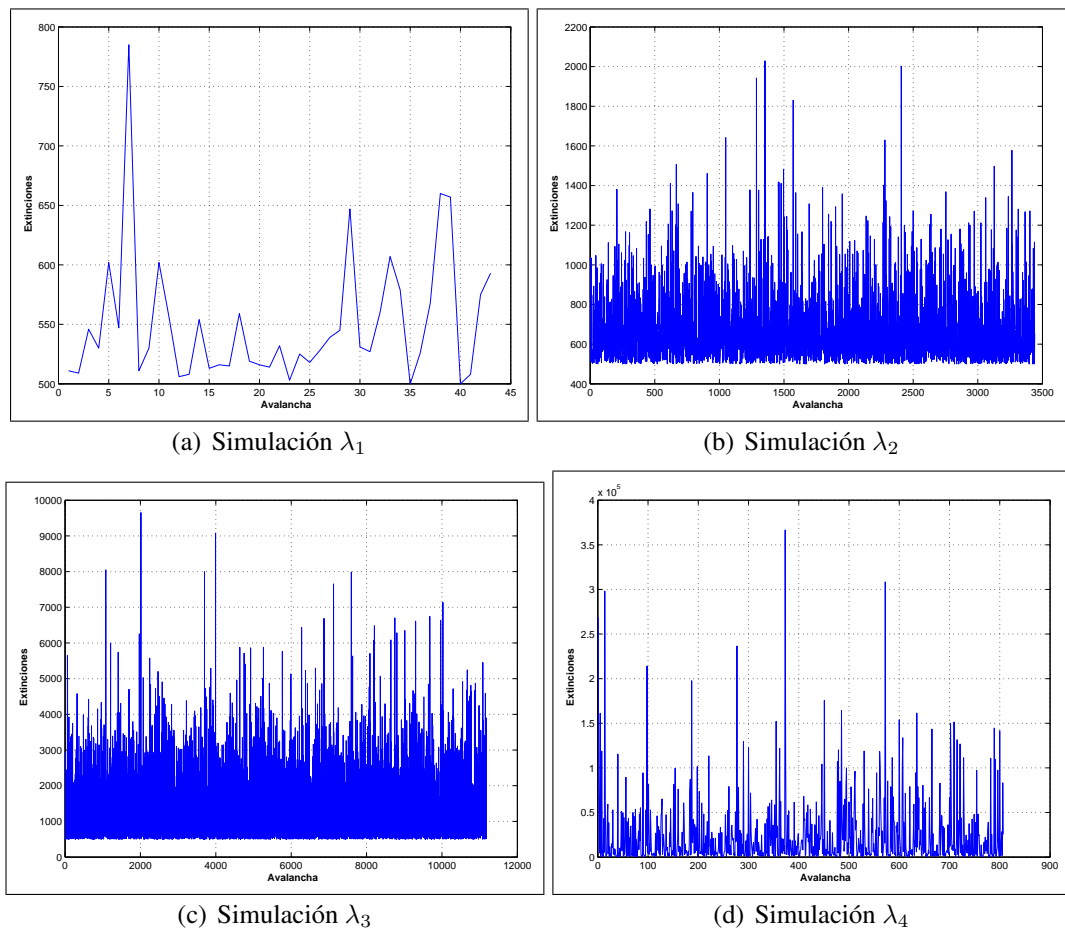


FIGURA 3.10. Gráficos de avalanchas registradas durante las simulaciones variando el umbral $\lambda = 0.50, 0.55, 0.60, 0.65$ respectivamente.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

Se hizo una variación del umbral λ para cada simulación; las gráficas de la Figura 3.10, presentan las avalanchas evolutivas registradas; en la gráfica 3.10-(a), se presentan los eventos de extinción para un umbral $\lambda_1 = 0.50$, se observa que al no haber una presión significativa del ambiente sobre las especies, éstas alcanzan rápidamente un estado de quietud siendo la avalancha evolutiva más grande, no mayor a 800 extinciones. En la gráfica 3.10-(b) y 3.10-(c), se ha incrementado la presión del ambiente sobre las especies en $\lambda_2 = 0.55$ y $\lambda_3 = 0.60$ respectivamente, con estas condiciones ambientales se observan que se incrementan la cantidad de eventos de extinción por avalancha evolutiva. Cuando el umbral $\lambda_1 = 0.65$ se registran avalanchas evolutivas de todos los tamaños, desde pequeñas avalanchas, hasta grandes eventos de extinción masiva (Figura 3.10-(d)).

Siguiendo el proceso de la Sección 3.4.1, se ordenan las avalanchas en histogramas de frecuencia por número de extinciones presentadas, esto se muestra en las gráficas de la Figura 3.11, para λ_1 existen muy pocas avalanchas, mismas que se van incrementando conforme λ se incrementa.

De igual manera se obtienen las gráficas en el espacio $\log - \log$, de los histogramas de frecuencia (Figura 3.12), en la gráfica 3.12-(a) se muestra un ajuste poco confiable, esto debido a la poca información registrada a lo largo de la evolución del automata, en las gráficas 3.12-(b), 3.12-(c) y 3.12-(d), se observa que el ajuste es mejor dado que en estas evoluciones, debido a la presión del medio, se presentan avalanchas de diferentes tamaños, hasta llevar a los grandes eventos de extinción masiva.

Puede observarse que en estas gráficas, el exponente de la curva de ajuste tiende a disminuir. Como puede verse en la Tabla 3.3, el primer exponente τ , no presenta información comparable con los otros exponentes, como se ha mencionado la poca actividad del sistema no puede compararse con la actividad en los otros sistemas en donde λ se ha incrementado. Esta disminución de exponente es debido a la aparición de un mayor número de avalanchas de mayor tamaño, con respecto a las de menor tamaño.

Realizando una comparación de la actividad acumulada presentada por cada sistema al momento de aumentar la presión del ambiente sobre las especies, obtenemos la gráfica

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

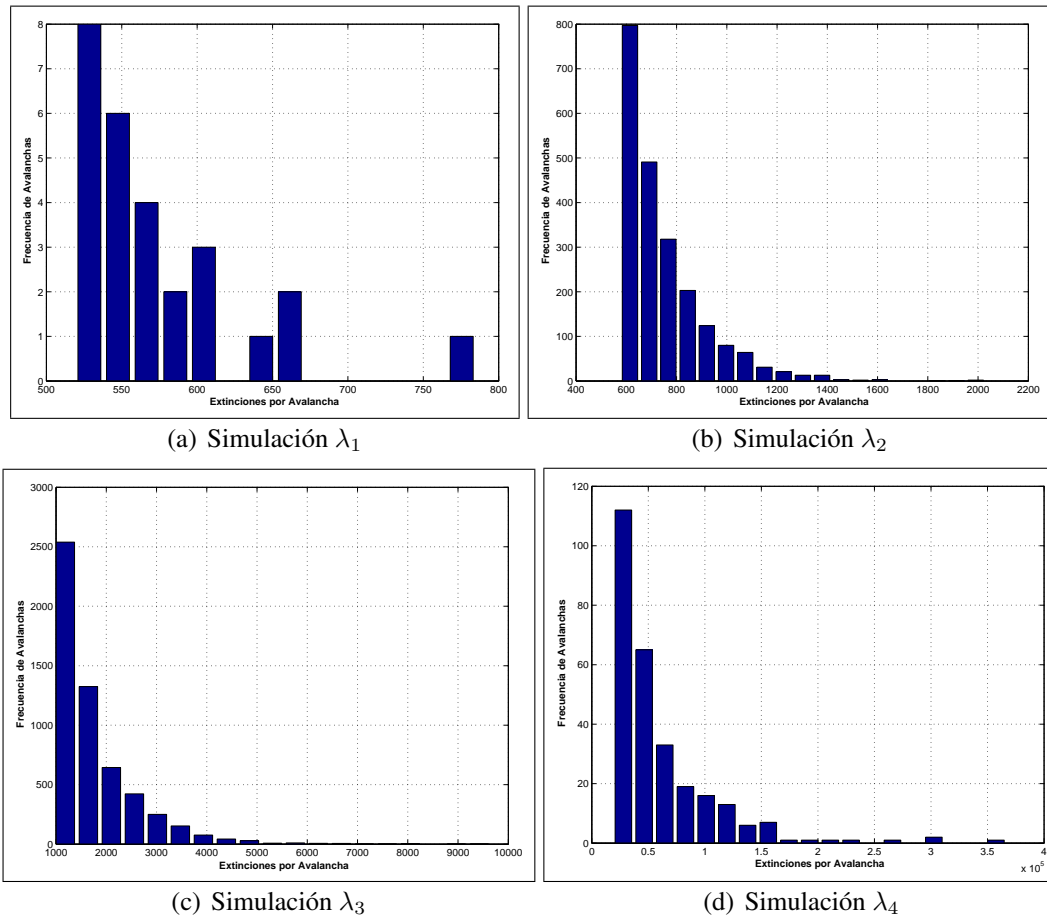


FIGURA 3.11. Gráficos de frecuencias de avalanchas registradas durante las simulaciones variando el umbral $\lambda = 0.50, 0.55, 0.60, 0.65$ respectivamente.

de la Figura 3.13, donde se muestran las gráficas de esclera resultantes de cada simulación, es claro que, la actividad de cada sistema se incrementa conforme se incrementa λ . Para λ_1 , la actividad registrada no es representativa con respecto a la actividad de los sistemas con mayor presión sobre las especies. En comparación con la actividad debida a λ_4 , se observan más eventos de extinción masiva.

En el Capítulo 5, se presentan las conclusiones al modelo Bak-Sneppen de evolución biológica, el cual ha servido como punto de partida para la obtención de experiencia en el diseño de modelos basados en AC.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

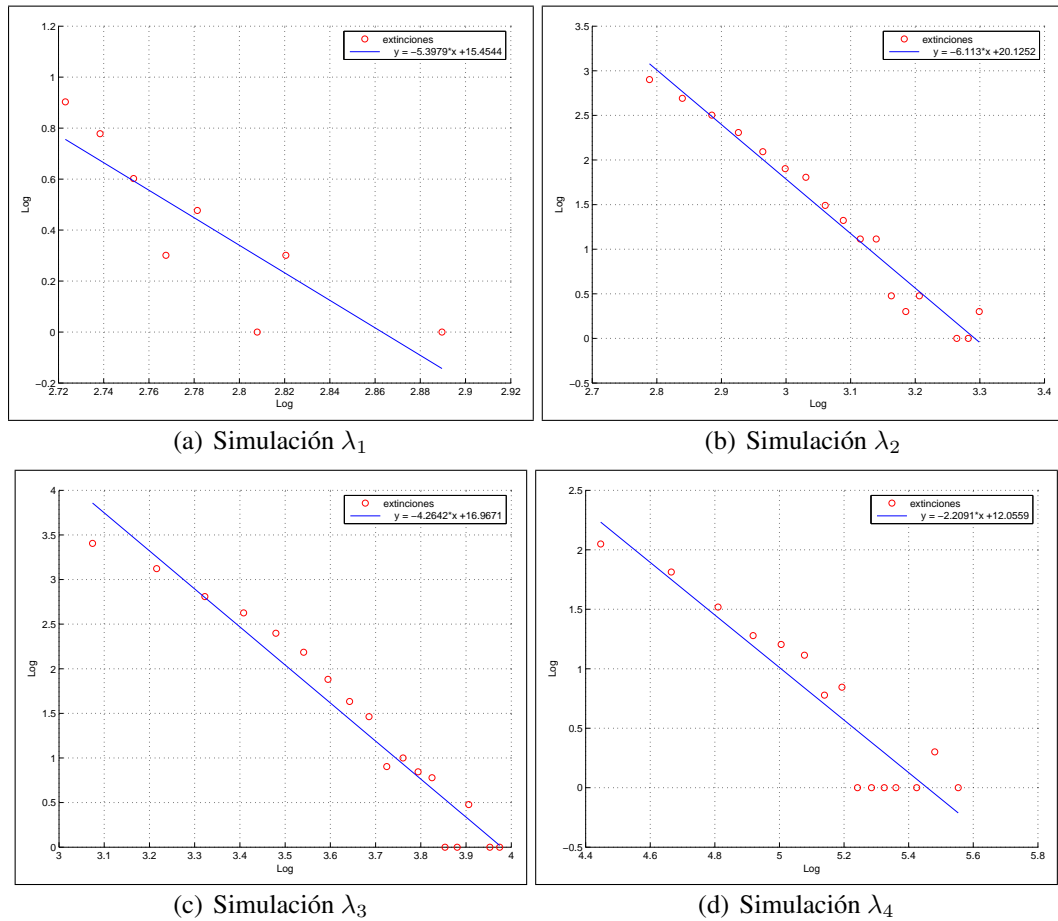


FIGURA 3.12. Gráficos de frecuencias de avalanchas correspondientes a las gráficas de la Figura 3.11 en un espacio $\log - \log$, se puede ver que la distribución de las avalanchas corresponde a una ley de potencias.

En el siguiente Capítulo (4) se presenta el análisis realizado para el desarrollo de un modelo de cuerda vibrante, basado en un AC 1-dimensional, tomando como reglas de evolución las leyes de Newton.

3. MODELO DE EVOLUCIÓN BIOLÓGICA

TABLA 3.3. Exponentes obtenidos por los ajustes de los histogramas de frecuencia en espacio log – log para cada valor de λ .

No.	λ	τ
1	0.50	-5.3979
2	0.55	-6.113
3	0.60	-4.2642
4	0.65	-2.2091

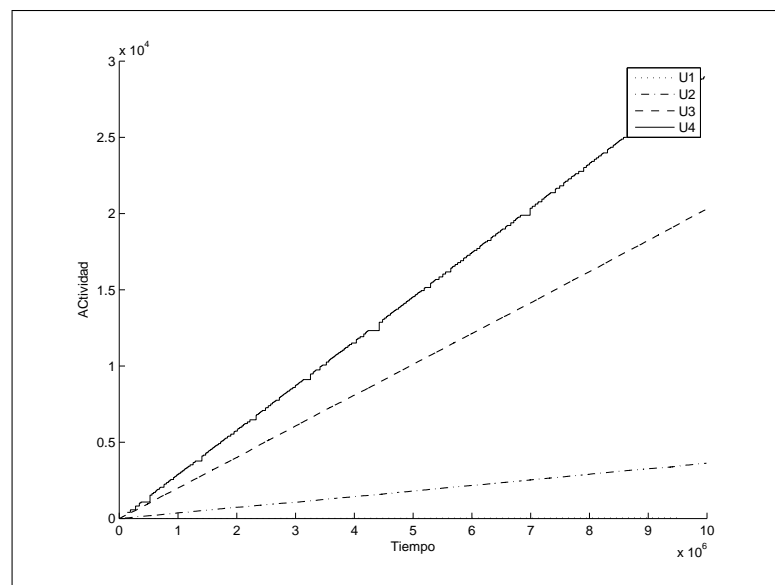


FIGURA 3.13. Gráfica comparativa de diferentes actividades acumuladas de acuerdo a los umbrales fijados λ_1 , λ_2 , λ_3 y λ_4 .

SISTEMA CUERDA VIBRANTE

“Lo más asombroso de la naturaleza es que resulte tan sorprendentemente simple.”

“Es increíble que la matemática, habiendo sido creada por la mente humana, logre describir la naturaleza con tanta precisión”
(Albert Einstein. Físico alemán).

4.1. INTRODUCCIÓN

Uno de los fenómenos más importantes observados en la naturaleza es sin duda el movimiento armónico (o vibratorio). Una partícula oscila cuando ésta se mueve periódicamente con respecto a una posición de equilibrio.

El propósito de este capítulo es llevar a cabo el análisis necesario que nos lleve a la construcción de un modelo para una cuerda vibrante, basado en un AC. Este proceso de análisis tiene como objetivo la deducción de la función que rige la evolución del AC a lo largo de periodos de tiempo bien definidos, buscando demostrar que un AC, basado en evolución discreta del sistema, puede representar el comportamiento de un sistema descrito por medio de ecuaciones diferenciales (sistema continuo).

4.2. MODELO MATEMÁTICO

El modelo del sistema físico para una cuerda vibrante se representa a través de una ecuación diferencial parcial. Algunas formas de esta ecuación o una generalización de ella se obtienen siempre inevitablemente en cualquier análisis matemático de fenómenos que involucren propagación de ondas en un medio continuo [37].

Considérese una cuerda elástica perfectamente flexible, extendida firmemente entre soportes fijos al mismo nivel (Figura 4.1). El eje x está localizado a lo largo de la cuerda,

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE

con los extremos de esta sujetos, si la cuerda es puesta en movimiento en un tiempo inicial, vibrará libremente en un plano vertical libremente si la resistencia del aire es despreciada.

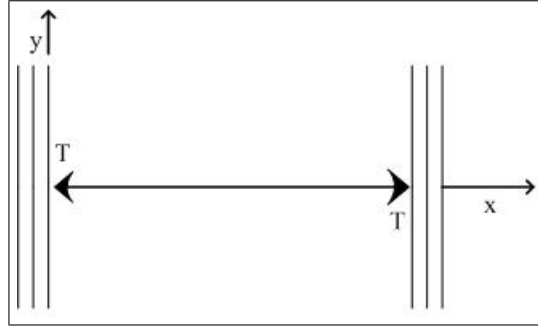


FIGURA 4.1. Cuerda sujeta en ambos extremos.

El modelo matemático que rige el movimiento de esta cuerda está dado por la ecuación 4.1 y se conoce como ecuación de onda en una dimensión [38].

$$\frac{\partial^2 u(x, t)}{\partial x^2} - \frac{1}{c^2} \frac{\partial^2 u(x, t)}{\partial t^2} = 0 \quad (4.1)$$

Donde $u(x, t)$ es la deflexión inicial de la cuerda y $c^2 = T/\rho$, con ρ = masa de la cuerda por unidad de longitud y T la tensión de la cuerda. Las condiciones de frontera del sistema son:

$$u(0, t) = 0 \quad \text{y} \quad u(l, t) = 0 \quad \forall t \geq 0 \quad (4.2)$$

Es decir, los extremos se encuentran fijos en todo momento.

Las condiciones iniciales para el sistema son:

$$u(x, 0) = f(x) \quad \text{y} \quad \left. \frac{\partial u(x, t)}{\partial t} \right|_{t=0} = g(x) \quad (4.3)$$

Donde $f(x)$ es la ecuación que marca la posición inicial de todos los puntos al inicio del análisis del sistema y $g(x)$ es la velocidad inicial del sistema.

El caso que nos interesa en este momento es el caso para una cuerda de longitud l con una deflexión inicial triangular y velocidad inicial igual a cero (Figura 4.2).

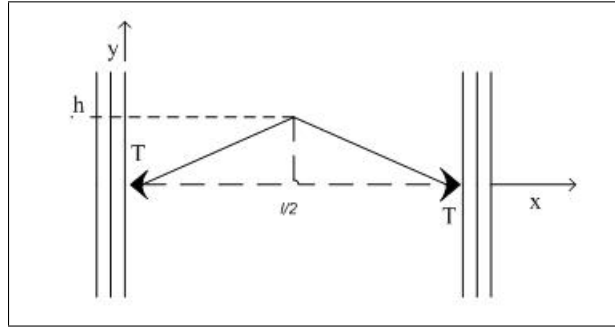


FIGURA 4.2. Cuerda con deflexión inicial triangular.

Las condiciones iniciales para el sistema son:

$$u(x, 0) = f(x) = \left\{ \begin{array}{ll} \frac{2h}{l}x & \text{para } 0 < x \leq \frac{1}{2}l \\ \frac{2h}{l}(l-x) & \text{para } \frac{1}{2}l < x < l \end{array} \right\} \quad (4.4)$$

$$\left. \frac{\partial u(x, t)}{\partial t} \right|_{t=0} = g(X) = 0 \quad (4.5)$$

Para encontrar la solución al sistema, es decir encontrar $u(x, t)$ que satisface la ecuación (4.1) procedemos de la siguiente forma:

Solución: Supóngase que la solución es de la forma,

$$u(x, t) = X(x)T(t) \quad (4.6)$$

Donde $X(x)$ solo depende de x y $T(t)$ solo depende de t .

Derivando (4.6),

$$\begin{aligned} \frac{\partial^2 u(x, t)}{\partial x^2} &= X''(x)T(t) \\ &\& \\ \frac{\partial^2 u(x, t)}{\partial t^2} &= X(x)T''(t) \end{aligned} \quad (4.7)$$

Sustituyendo (4.7) en (4.1)

$$\begin{aligned} X''(x)T(t) - \frac{1}{c^2}X(x)T''(t) &= 0 \\ \implies X''(x)T(t) &= \frac{1}{c^2}X(x)T''(t) \end{aligned} \quad (4.8)$$

Separando variables, tenemos,

$$\frac{X''(x)}{X(x)} = \frac{T''(t)}{c^2T(t)} = -k^2 \quad , \text{ donde } -k^2 = \text{ constante de separaci3n.} \quad (4.9)$$

De (4.9) tenemos que:

$$\begin{aligned} \frac{X''(x)}{X(x)} = -k^2 &\implies X''(x) + k^2X(x) = 0 \\ &\& \\ \frac{T''(t)}{c^2T(t)} = -k^2 &\implies T''(t) + c^2k^2T(t) = 0 \end{aligned} \quad (4.10)$$

La soluci3n general para las ecuaciones de (4.10) es:

$$X(x) = A \cos(kx) + B \sin(kx) \quad (4.11)$$

$$T(x) = C \cos(ckt) + D \sin(ckt) \quad (4.12)$$

Considerando las condiciones de frontera de 4.2 y sustituyendo en (4.11), tenemos:

$$\begin{aligned} u(x, t) = X(0)T(t) = 0 &\implies X(0) = 0 \\ \implies X(0) = A \cos(k0) + B \sin(k0) &= 0 \\ \implies A &= 0 \end{aligned} \quad (4.13)$$

an3logamente para $X(l)$ tenemos:

$$\begin{aligned}
X(l) &= B \sin(kl) = 0, B \text{ no puede ser } 0 \\
\therefore \sin(kl) &= 0 \Rightarrow kl = n\pi \quad \text{dado que} \quad \sin(n\pi) = 0 \\
\therefore k &= \frac{n\pi}{l} \\
\Rightarrow X_n(x) &= B_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right)
\end{aligned} \tag{4.14}$$

Sustituyendo el valor de k en (4.12), tenemos:

$$T_n(t) = C_n \cos\left(\frac{n\pi}{l}ct\right) + D_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}ct\right) \tag{4.15}$$

Tomando la solución propuesta de (4.6) tenemos:

$$\begin{aligned}
u_n(x, t) &= X_n(x)T_n(t) = B_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right)(C_n \cos\left(\frac{n\pi}{l}ct\right) + D_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}ct\right)) \\
\Rightarrow u_n(x, t) &= \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right)(E_n \cos\left(\frac{n\pi}{l}ct\right) + F_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}ct\right)), \text{ con } E_n = B_n C_n \text{ y } F_n = B_n D_n \\
\Rightarrow u(x, t) &= \sum_{n=1}^{\infty} u_n(x, t) \\
\therefore u(x, t) &= \sum_{n=1}^{\infty} \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right)(E_n \cos\left(\frac{n\pi}{l}ct\right) + F_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}ct\right))
\end{aligned} \tag{4.16}$$

Para encontrar la función $u(x, y)$ que solucione la ecuación diferencial es necesario calcular el valor de E_n y de F_n . Esto se consigue utilizando las condiciones iniciales de (4.3).

Por lo que para encontrar $f(x)$:

$$\begin{aligned}
u(x, 0) &= X(x)T(0) = f(x) \\
\Rightarrow u(x, 0) &= \sum_{n=1}^{\infty} \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right)(E_n \cos(0) + F_n \sin(0)) \\
&= \sum_{n=1}^{\infty} E_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) = f(x)
\end{aligned} \tag{4.17}$$

Obteniendo $g(x)$:

$$\begin{aligned}
 \frac{\partial u(x,t)}{\partial t} \Big|_{t=0} &= \sum_{n=1}^{\infty} \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) \left(E_n \frac{d}{dx} \cos\left(\frac{n\pi}{l}ct\right) + F_n \frac{d}{dx} \sin\left(\frac{n\pi}{l}ct\right) \right) \\
 &= \sum_{n=1}^{\infty} \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) \left(E_n \frac{cn\pi}{l} \sin\left(\frac{n\pi}{l}c0\right) + F_n \frac{cn\pi}{l} \cos\left(\frac{n\pi}{l}c0\right) \right) \\
 &= \sum_{n=1}^{\infty} F_n \frac{cn\pi}{l} \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) = g(x)
 \end{aligned} \tag{4.18}$$

De (4.17) y (4.18) tenemos que:

$$\begin{aligned}
 f(x) &= \sum_{n=1}^{\infty} E_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) \\
 &\quad \& \\
 g(x) &= \sum_{n=1}^{\infty} F_n \frac{cn\pi}{l} \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right)
 \end{aligned} \tag{4.19}$$

Dado que las funciones seno y coseno son funciones ortogonales, se tiene que:

$$\int \sin n\theta \sin m\theta = \begin{cases} 0 & \text{si } m \neq n; \\ \frac{T}{2} & \text{si } m = n. \end{cases} \tag{4.20}$$

Para $f(x)$, es necesario encontrar el valor de E_n ; para ello podemos multiplicar por un factor que nos permita, integrando, sacar E_n de la sumatoria, esto es;

$$\begin{aligned}
 \int_0^l f(x) \sin\left(\frac{m\pi}{l}x\right) dx &= \int_0^l \sum_{n=1}^{\infty} E_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) \sin\left(\frac{m\pi}{l}x\right) dx \\
 &= \sum_{n=1}^{\infty} \int_0^l E_n \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) \sin\left(\frac{m\pi}{l}x\right) dx
 \end{aligned} \tag{4.21}$$

Si $m \neq n$ por ser *seno* ortogonal, entonces la integral es 0, por ende $m = n$, esto nos da como resultado que;

$$\int_0^l \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx = \frac{1}{2}$$

$$\therefore E_n = \frac{2}{1} \int_0^l f(x) \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx \quad n = 1, 2, 3, \dots \quad (4.22)$$

Para obtener F_n se procede de manera análoga, de esta forma se tiene:

$$\int_0^l g(x) \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx = \int_0^l \sum_{n=1}^{\infty} F_n \frac{cn\pi}{l} \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx \quad (4.23)$$

Utilizando la propiedad de ortogonalidad de seno, tenemos que:

$$F_n = \frac{2}{cn\pi} \int_0^l g(x) \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx \quad n = 1, 2, 3, \dots \quad (4.24)$$

La solución de las ecuaciones (4.22) y (4.24) nos permiten obtener las ecuaciones que satisfacen la ecuación diferencial (4.1): para el caso de nuestra cuerda, tomamos las condiciones iniciales dadas en (4.4) y (4.5).

Como la velocidad inicial de la cuerda es cero, entonces $g(x) = 0$

$$F_n = \frac{2}{cn\pi} \int_0^l 0 \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx = 0 \quad (4.25)$$

Para E_n :

$$\begin{aligned} E_n &= \frac{2}{l} \int_0^l f(x) \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx \\ &= \frac{2}{l} \left[\int_0^{\frac{l}{2}} \frac{2h}{l} x \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx + \int_{\frac{l}{2}}^l \frac{2h}{l} (l-x) \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx \right] \\ &= \frac{4h}{l} \left[\int_0^{\frac{l}{2}} x \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx + \int_{\frac{l}{2}}^l (l-x) \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) dx \right] \end{aligned} \quad (4.26)$$

Integrando tenemos:

$$E_n = \frac{8h}{n^2\pi^2} \sin\left(\frac{n}{2}\pi\right) \quad (4.27)$$

Sustituyendo (4.27) en (4.17) tenemos;

$$f(x) = \frac{8h}{\pi^2} \sum_{n=1}^{\infty} \frac{1}{n^2} \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) \sin\left(\frac{n}{2}\pi\right) \quad (4.28)$$

Sustituyendo E_n y F_n , en la ecuación (4.16), tenemos que,

$$u(x, t) = \frac{8h}{\pi^2} \sum_{n=1}^{\infty} \frac{1}{n^2} \sin\left(\frac{n\pi}{l}x\right) \sin\left(\frac{n}{2}\pi\right) \cos\left(\frac{n\pi}{l}ct\right) \quad (4.29)$$

la cual es la ecuación que satisface a la ecuación (4.1).

Cabe resaltar que esta ecuación es una serie infinita y el resultado se aproxima si tendemos a tomar un número lo suficientemente grande de términos en la serie, y evaluar las derivadas parciales para cada punto del cual deseemos conocer su posición en cualquier instante de tiempo.

Si esto se desea para un solo punto dentro de la cuerda, el trabajo consiste en saber que tan exacto necesito el resultado, pero si el problema radica en conocer las posiciones en el plano de una cantidad grande de puntos a la vez, el problema se vuelve bastante laborioso.

4.3. DISCRETIZACIÓN DEL MODELO MATEMÁTICO

En esta sección describiremos la obtención del modelo de AC para una cuerda vibrante, sujeta en sus extremos con una deflexión inicial triangular, descrita en la Figura 4.2.

4.3.1. Análisis previo

Supongamos que una cuerda es una sucesión de puntos con masa específica unidos por resortes (sistema masa-resorte), en el cual la masa de la cuerda se encuentra distribuida en los puntos de unión y no en los resortes y sus extremos se encuentran fijos a una superficie (Figura 4.3).

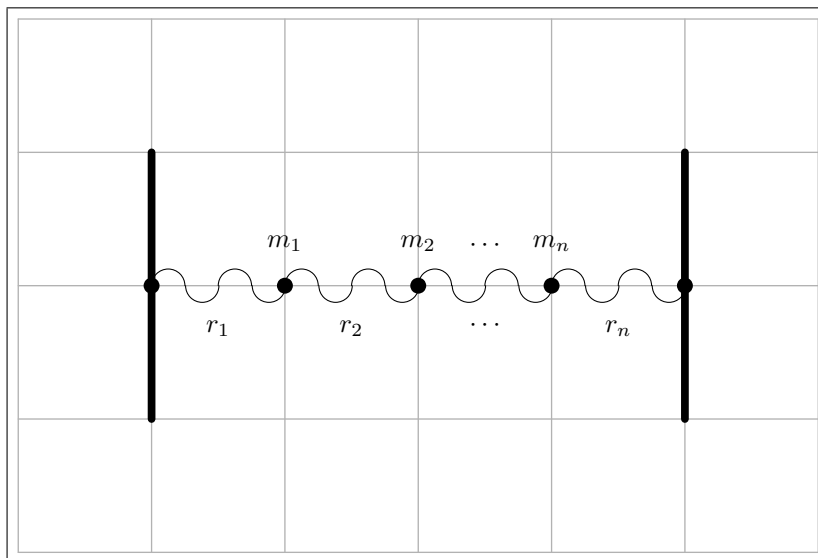


FIGURA 4.3. Representación de una cuerda como un sistema masa-resorte.

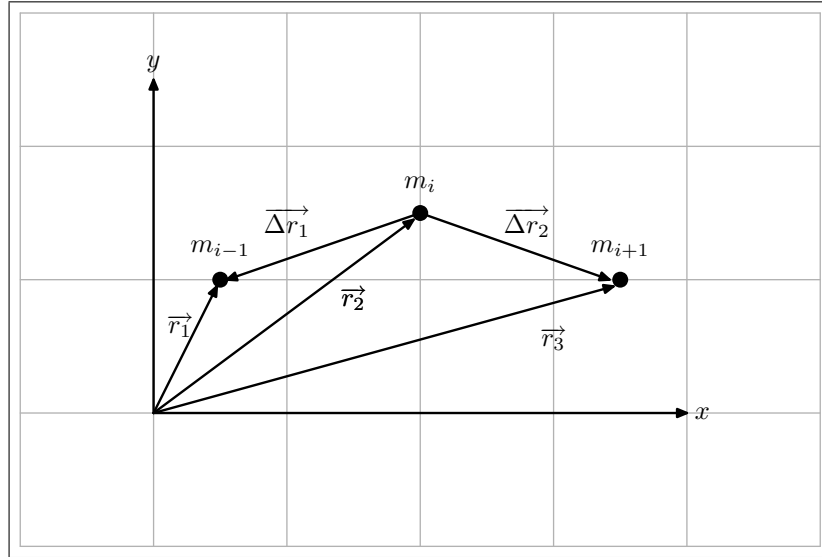
Llamaremos *deq* o distancia de equilibrio, a la distancia de separación entre las masas, o longitud del resorte, que conforman la cuerda, cuando estas se encuentran en reposo.

Para el sistema de cuerda vibrante con deflexión inicial triangular (Figura 4.2) que se quiere estudiar, tomaremos las condiciones iniciales de posición descritas en la ecuación (4.4) y de velocidad descrita en la ecuación (4.5), de este modo tenemos que cada partícula interna de la cuerda, está sometida a dos fuerzas que actúan en dirección de los vectores $\overrightarrow{\Delta r_1}$ y $\overrightarrow{\Delta r_2}$ (Figura 4.4).

Es necesario conocer las fuerzas que se ejercen sobre la partícula m_i con el objeto de encontrar la velocidad con la que se va a mover y la posición final que tendrá dicha partícula transcurrido un tiempo t .

Procedemos a encontrar $\overrightarrow{\Delta r_1}$ y se procede de forma análoga para $\overrightarrow{\Delta r_2}$. Tomando en cuenta la Figura 4.4, vemos que:

$$\begin{aligned} \overrightarrow{r_2} + \overrightarrow{\Delta r_1} &= \overrightarrow{r_1} \\ \Rightarrow \overrightarrow{\Delta r_1} &= \overrightarrow{r_1} - \overrightarrow{r_2} \end{aligned} \tag{4.30}$$

FIGURA 4.4. Fuerzas ejercidas sobre la partícula m_i por sus vecinos.

El vector $\vec{\Delta r}_1$ puede representarse como el producto de un vector unitario $\widehat{\Delta r}_1$ de la misma dirección y sentido que el vector, multiplicado por el módulo de $\vec{\Delta r}_1$ [39] entonces:

$$\vec{\Delta r}_1 = |\vec{\Delta r}_1| \widehat{\Delta r}_1$$

Tomando en cuenta que el módulo de $\vec{\Delta r}_1$, representa la distancia de separación de las masas, se puede escribir este módulo como la suma de la distancia de equilibrio o longitud del resorte más la deformación del resorte debida al cambio de posición de la masa central, tenemos entonces que;

$$|\vec{\Delta r}_1| \widehat{\Delta r}_1 = (deq + \Delta deq) \widehat{\Delta r}_1$$

Donde Δdeq es el incremento presentado por el resorte de unión entre las masas m_i y m_{i-1} en dirección del vector unitario, es necesario encontrar este incremento a fin de conocer en incremento de la fuerza desde el punto de equilibrio al punto de análisis, por lo que tenemos,

$$\begin{aligned}
|\overrightarrow{\Delta r_1}| \widehat{\Delta r_1} &= (deq + \Delta deq) \widehat{\Delta r_1} \\
\Rightarrow |\overrightarrow{\Delta r_1}| \widehat{\Delta r_1} &= deq \widehat{\Delta r_1} + \Delta deq \widehat{\Delta r_1} \\
\Rightarrow \Delta deq \widehat{\Delta r_1} &= |\overrightarrow{\Delta r_1}| \widehat{\Delta r_1} - deq \widehat{\Delta r_1} \\
\Rightarrow \Delta deq \widehat{\Delta r_1} &= \left(|\overrightarrow{\Delta r_1}| - deq \right) \widehat{\Delta r_1} \tag{4.31}
\end{aligned}$$

Ambos lados de la ecuación (4.31) son vectores, su representación en componentes son:

$$\Delta deq \widehat{\Delta r_1} = (\Delta x_1, \Delta y_1) \tag{4.32}$$

$$\left(|\overrightarrow{\Delta r_1}| - deq \right) \widehat{\Delta r_1} = \left(|\overrightarrow{\Delta r_1}| - deq \right) \left(\frac{x_{i-1} - x_i}{|\overrightarrow{\Delta r_1}|}, \frac{y_{i-1} - y_i}{|\overrightarrow{\Delta r_1}|} \right) \tag{4.33}$$

Dado que dos vectores son iguales si y solo si, sus componentes respectivas son iguales, entonces podemos igualar componente a componente del vector (4.32) con el vector (4.33), por lo que tenemos:

$$\Delta x_1 = \left(|\overrightarrow{\Delta r_1}| - deq \right) \frac{x_{i-1} - x_i}{|\overrightarrow{\Delta r_1}|} \tag{4.34}$$

$$\Delta y_1 = \left(|\overrightarrow{\Delta r_1}| - deq \right) \frac{y_{i-1} - y_i}{|\overrightarrow{\Delta r_1}|} \tag{4.35}$$

De ésta manera obtenemos las componentes Δx_1 y Δy_1 que son los incrementos de desplazamiento en los ejes X y Y de la partícula m_i para $\overrightarrow{\Delta r_1}$. Procedemos de la misma forma para encontrar Δx_2 y Δy_2 para $\overrightarrow{\Delta r_2}$.

Por *ley de Hooke* para un sistema masa resorte en una dimensión, tenemos que:

$$F = -k\Delta x \tag{4.36}$$

En general, para la partícula m_i , existen dos fuerzas ejercidas por m_{i-1} en dirección de $\overrightarrow{\Delta r_1}$, debido a las componentes x y y del vector, y dos fuerzas ejercidas por m_{i+1} en

dirección de $\overrightarrow{\Delta r_2}$, entonces sustituyendo los valores encontrados en la ecuación (4.34) y la ecuación (4.35) y sus análogos para Δx_2 y Δy_2 en la ecuación (4.36) obtenemos:

$$F_x = -k_1\Delta x_1 - k_2\Delta x_2$$

Suponiendo que los resortes que unen a las masas de la cuerda son exactamente iguales, entonces $-k_1 = -k_2 = -k$:

$$F_x = -k(\Delta x_1 + \Delta x_2) \quad (4.37)$$

Análogamente:

$$F_y = -k(\Delta y_1 + \Delta y_2) \quad (4.38)$$

Estas fuerzas son las que actúan sobre la partícula m_i , contribuyendo a su aceleración en el momento en que la partícula se encuentra oscilando y permiten acelerar a la misma. Utilizando *la segunda ley de Newton* $\overrightarrow{F} = m\overrightarrow{a}$, y la ecuación de velocidad para un movimiento uniformemente acelerado, tenemos que la velocidad final para una partícula está dada en función de su velocidad inicial y de la aceleración que siente la partícula en un instante de tiempo t , en consecuencia:

$$\begin{aligned} \overrightarrow{v}_f &= \overrightarrow{v}_i + \overrightarrow{a}t \\ &= \overrightarrow{v}_i + \frac{\overrightarrow{F}}{m}t \end{aligned}$$

Haciendo una separación de componentes y empleando los valores de fuerza encontrados en las ecuaciones (4.37) y (4.38), obtenemos las velocidades por componente para m_i que son;

$$v_{fx} = v_{ix} + \frac{F_x}{m}t \quad (4.39)$$

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE

$$v_{fy} = v_{iy} + \frac{F_y}{m}t \quad (4.40)$$

En este punto hemos encontrado la velocidad que tendrá la partícula m_i transcurrido un tiempo t , esto nos proporciona la información necesaria para calcular la nueva posición de la partícula para el mismo instante de tiempo, para esto empleando los resultados de las ecuaciones (4.39) y (4.40) y la ecuación de desplazamiento uniformemente acelerado:

$$x_{fi} = x_i + v_{ix}t + \frac{1}{2} \frac{F_x}{m}t^2 \quad (4.41)$$

$$y_{fi} = y_i + v_{iy}t + \frac{1}{2} \frac{F_y}{m}t^2 \quad (4.42)$$

Las ecuaciones (4.39), (4.40), (4.41) y (4.42), son las que se emplean en la definición de la función de evolución para el AC propuesto en la siguiente sección.

4.4. MODELO PROPUESTO PARA UNA CUERDA VIBRANTE USANDO UN AUTÓMATA CELULAR

Basado en el análisis realizado en la sección 4.3.1, definimos el modelo de AC para un sistema de cuerda vibrante fijo en los extremos de una longitud l con una deflexión inicial triangular de altura h con $0 < h \ll l$ como:

Una 4-tupla $AC = (L, S, V, \Phi)$ donde cada célula $c \in L$ está definida por su masa, posición inicial y su velocidad inicial, cuando la cuerda está en reposo, siendo:

$$\begin{aligned}
 L: & \text{ Es una retícula regular y } L = \{c_i \in \mathbb{C}^1 : i = 1, 2, \dots, n\} \\
 & \text{ es decir una retícula 1-dimensión.} \\
 S: & = \left\{ \begin{array}{l} \overrightarrow{P}_{ci}^t : \text{vector de posición en tiempo } t \\ \overrightarrow{V}_{ci}^t : \text{velocidad de la célula en el tiempo } t. \end{array} \right\} \forall c_i \in \mathbb{C}^i \\
 V: & V = \{(c_{i-1}, c_i, c_{i+1})\} \\
 \Phi: & \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}^2, \\
 & \left\{ \begin{array}{l} \text{a) } \overrightarrow{P}_{ci}^{t+1} = \overrightarrow{P}_{ci}^t + \overrightarrow{V}_{ci}^t t + \frac{\overrightarrow{F}_{i-1}^t + \overrightarrow{F}_{i+1}^t}{2m} t^2 \\ \text{b) } \overrightarrow{V}_{ci}^{t+1} = \overrightarrow{V}_{ci}^t + \frac{\overrightarrow{F}_{i-1}^t + \overrightarrow{F}_{i+1}^t}{m} t \end{array} \right\} \\
 & \text{donde : } \overrightarrow{F}_{i-1}^t + \overrightarrow{F}_{i+1}^t \text{ es la fuerza que las células } c_{i+1} \text{ y } c_{i-1} \\
 & \text{ejercen sobre } c_i \text{ en el tiempo } t. \\
 & \overrightarrow{P}_{ci}^{t+1}, \text{ es la posición final de la célula en el espacio. Y,} \\
 & \overrightarrow{V}_{ci}^{t+1}, \text{ es la velocidad final de la célula en el tiempo } t + 1.
 \end{aligned}$$

La función de transición Φ , está compuesta por dos reglas fundamentales, ambas reglas se aplican simultáneamente a todas las células que conforman la lattice.

La regla *a)* define la posición de la célula en el tiempo $t + 1$, tomando la velocidad en el tiempo t , esta posición se actualiza, siendo la nueva posición inicial para $t + 2$ y así sucesivamente. Similarmente, para *b)* la velocidad final para el tiempo $t + 1$ se actualiza, siendo la velocidad inicial para el tiempo $t + 2$.

En la siguiente sección se presenta el proceso seguido para la simulación con el AC antes propuesto.

4.5. SIMULACIÓN

El proceso de simular una cuerda real con el modelo de AC propuesto, implica la consideración de un factor importante, que es, la constante k_l de restitución de la cuerda, la cual sirve como base para la constante k_c de los resortes que unen a las células del modelo. A continuación, se describe el proceso experimental llevado a cabo para obtener la constante de restitución k_l de la cuerda.

4.5.1. Obtención experimental de la constante k_l

Se toma como base para obtener la constante k_l , una cuerda de longitud $l = 0.90m$ sin ninguna tensión aplicada y una masa $m_c = 0.00507kg$. De forma experimental, se sujeta la cuerda l en sus extremos, y aplicando una fuerza $f = mg$, en $\frac{l}{2}$. Esta fuerza cambiará al variar la masa m , como se muestra en la Figura 4.5.

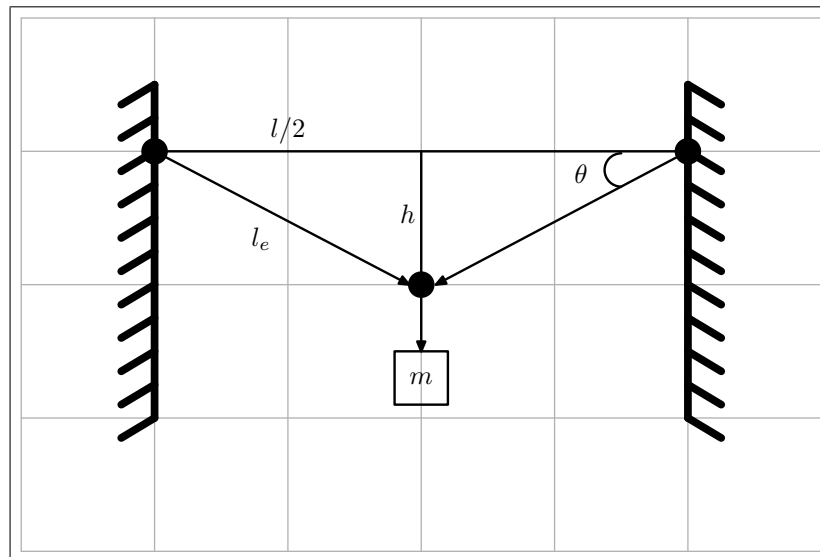


FIGURA 4.5. Esquema experimental para obtener la constante k_l de la cuerda.

donde:

- l_e , es la longitud alcanzada por la cuerda al aplicarle la fuerza del peso.

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE

- h , la longitud que se desplaza el punto $\frac{l}{2}$, desde su posición de origen.
- m , la masa variable aplicada en el experimento.

Realizado el experimento obtenemos los datos mostrados en la tabla 4.1.

TABLA 4.1. Datos experimentales.

No.	$h(m)$	$m(k)$	Peso (N)
1	0	0	0
2	0.035200	0.203310	1.992438
3	0.045000	0.303310	2.972438
4	0.051000	0.403310	3.952438
5	0.055100	0.506700	4.965660
6	0.062000	0.606700	5.945660
7	0.068000	0.706700	6.925660
8	0.071000	0.806700	7.905660
9	0.075000	0.906700	8.885660
10	0.078000	1.006700	9.865660

Para obtener la constante k_l , procedemos de la siguiente manera. Tenemos que la suma de fuerzas aplicadas a la masa m es igual a cero, pues ésta permanece en reposo, entonces.

$$\sum F_m = F_{mx} + F_{my} = 0$$

Como la fuerza aplicada a la cuerda solo se proyecta en y , tenemos que:

$$F_{my} = mg - 2k_l(l_e - \frac{l}{2}) \sin \theta = 0$$

Esto implica que:

$$mg = 2k_l(l_e - \frac{l}{2}) \sin \theta \tag{4.43}$$

Por el teorema de Pitágoras tenemos que:

$$l_e^2 = h^2 + \left(\frac{l}{2}\right)^2 \Rightarrow l_e = \sqrt{h^2 + \left(\frac{l}{2}\right)^2} \quad (4.44)$$

y que,

$$\sin \theta = \frac{h}{l_e} \quad (4.45)$$

sustituyendo (4.45), en (4.43), tenemos:

$$m \cdot g = 2k_l \left(l_e - \frac{l}{2}\right) \frac{h}{l_e} \quad (4.46)$$

Con ésta ecuación se realiza el ajuste por mínimos cuadrados del $Peso = m \cdot g$ contra $Factordeajuste = 2\left(l_e - \frac{l}{2}\right) \frac{h}{l_e}$, obteniendo los datos de la tabla 4.2.

TABLA 4.2. Datos calculados para l_e y factor de ajuste.

No.	l_e	Factor de ajuste
1	0.45	0
2	0.45137461160	0.000214395436478
3	0.45224440295	0.000446652881101
4	0.45288077901	0.000648822986109
5	0.45336079451	0.000816920121102
6	0.45425103192	0.001160433154769
7	0.45510877821	0.001526654437938
8	0.45556668008	0.001735132541646
9	0,45620718977	0.002040911425178
10	0,45670997362	0.002291948817656

La gráfica de la Figura 4.6, muestra el peso ejercido contra el factor de ajuste, representada por la etiqueta datos y la recta de ajuste, realizado el ajuste por mínimos cuadrados obtenemos que $k_l = 3963.63$, que es la constante de restitución de la cuerda.

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE

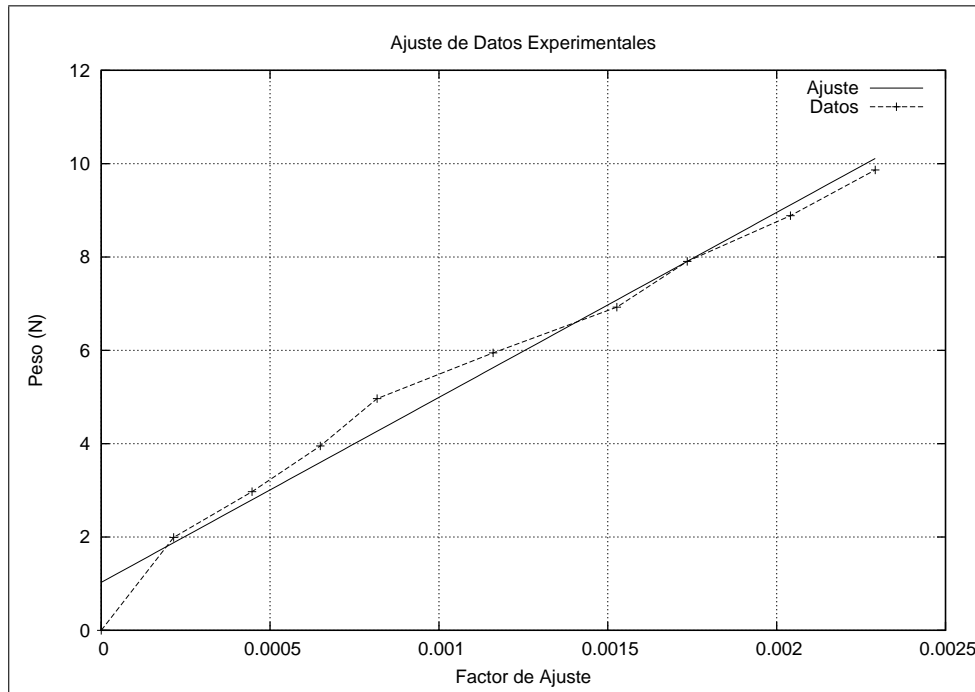


FIGURA 4.6. Esquema experimental, datos de ajuste por mínimos cuadrados.

Con este resultado, es posible calcular la constante k_c que se utiliza en el AC propuesto. Se tiene que:

$$k_l = \frac{1}{\frac{1}{k_{c1}} + \frac{1}{k_{c2}} + \dots + \frac{1}{k_{cn}}} = \frac{k_c}{n}$$

Lo que implica que:

$$k_c = n \cdot k_l \tag{4.47}$$

Es decir, la constante de restitución de un resorte (ecuación 4.47), para el modelo de AC propuesto, es directamente proporcional al número de resortes dentro del sistema por la constante de restitución de la cuerda.

4.5.2. Resultados

Esta sección presenta los resultados obtenidos de la simulación efectuada con el modelo de AC propuesto para una cuerda vibrante.

4.5.2.1. Comparación ente AC con diferente número de células

Para realizar la simulación con el AC propuesto con un número de células diferente, tomamos como base la cuerda descrita al inicio de la Sección 4.5.1.

Las condiciones iniciales para el AC son las siguientes:

- (i) La cuerda se estira un 10% de su tamaño original.
- (ii) La constante $k_l = 3963.63$.
- (iii) Cada iteración del AC, corresponde a $1 \times 10^{-6}s$.

El AC queda definido como sigue $AC = (L, S, V, \Phi)$ donde:

L : Es una retícula regular de 1-dimensión y $L = \{c_i \text{ con } i = 1 \dots n\}$

$$S: = \left\{ \begin{array}{l} \overrightarrow{P_{ci}^t} : \text{vector de posición en tiempo } t \\ \overrightarrow{V_{ci}^t} : \text{velocidad de la célula en el tiempo } t. \end{array} \right\} \forall c_i \in \mathbb{C}^i$$

$$V: V = \{(c_{i-1}, c_i, c_{i+1})\}$$

$$\Phi: \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}^2,$$

$$\Phi: \left\{ \begin{array}{l} \text{a) } \overrightarrow{P_{ci}^{t+1}} = \overrightarrow{P_{ci}^t} + \overrightarrow{V_{ci}^t}t + \frac{\overrightarrow{F_{i-1}^t} + \overrightarrow{F_{i+1}^t}}{2m}t^2 \\ \text{b) } \overrightarrow{V_{ci}^{t+1}} = \overrightarrow{V_{ci}^t} + \frac{\overrightarrow{F_{i-1}^t} + \overrightarrow{F_{i+1}^t}}{m}t \end{array} \right\}$$

donde: $\overrightarrow{F_{i-1}^t} + \overrightarrow{F_{i+1}^t}$ es la fuerza que las células c_{i+1} y c_{i-1} ejercen sobre c_i en el tiempo t .

$\overrightarrow{P_{ci}^{t+1}}$, es la posición final de la célula en el espacio, y

$\overrightarrow{V_{ci}^{t+1}}$, es la velocidad final de la célula en el tiempo $t + 1$.

Se generó un AC y se realizaron pruebas variando el número de células que contendría la retícula 1-dimensional en 10, 20, 40, 50, 60, 70, 80, 90 y 100 células, el cual fue puesto a

oscilar con las condiciones descritas en la sección 4.5.2.1. Se tomaron los datos de posición en el eje y del plano, de la célula $c_{\frac{l}{2}}$ en un número de 3×10^6 generaciones, Los datos arrojados por la oscilación del AC están presentados en las gráficas de la Figura 4.7.

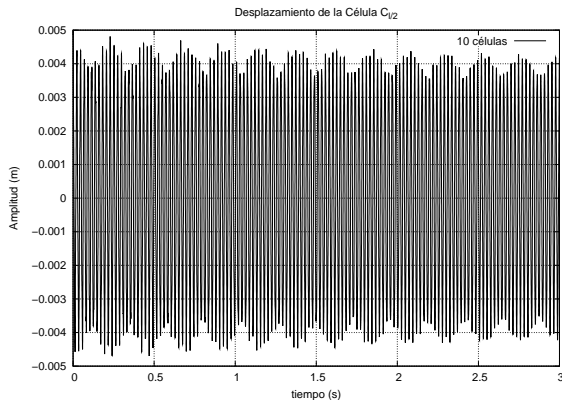
Para la gráfica presentada en la Figura 4.7-a) la célula $c_{\frac{l}{2}}$ muestra el comportamiento de un oscilador armónico, al ser pocas células las que representen a una cuerda, el comportamiento que presentan es mas parecido a un conjunto de sistemas masa-resorte puesto que la inercia está concentrada en las células que representan la masa de la cuerda.

En la Figura 4.7-b) al incrementar el número de células en el modelo, el comportamiento es mas parecido al de una cuerda real. En 4.7-c), 4.7-d), 4.7-e) y 4.7-f), muestran la oscilación de la célula central del modelo, en estas gráficas puede observarse que el AC llega a un comportamiento estable debido al incremento en el número de células.

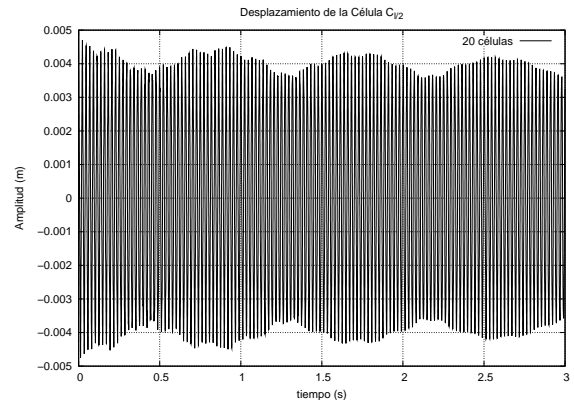
La morfología de las gráficas presenta un comportamiento al tipo de cuerda modelado que es una cuerda de guitarra, los parámetros usados no representan las condiciones a las que es sometida este tipo de cuerda, solo es con el objeto de ver el comportamiento del AC con diferentes células. Es perceptible la propagación de un error en la toma de datos, originando una ligera atenuación con forme se incrementa el número de células, esto es originado por la escala en la que se están tomando las medidas y el tipo de cuerda modelado.

En las gráficas presentadas en la Figura 4.8, se observa una sobreposición de las oscilaciones de la célula central del modelo en el eje y . En 4.8-a) se presentan las oscilaciones de un AC con 10, 20 y 30 células. Se observa un defasamiento en oscilación para la célula $c_{\frac{l}{2}}$ del AC con 10 células, a partir de 1×10^6 pasos de evolución; Continuando con la comparación en la gráfica de la Figura 4.8-b) se retoma la célula $c_{\frac{l}{2}}$ para el AC con 40, 50 y 60 células, las cuales puede verse que se encuentran en fase. Lo mismo ocurre con la gráfica de superposición de la Figura 4.9.

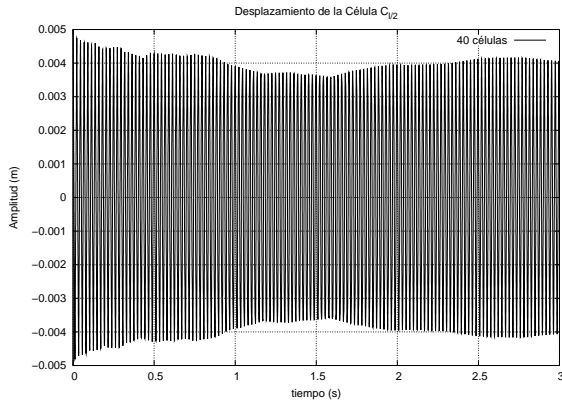
4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE



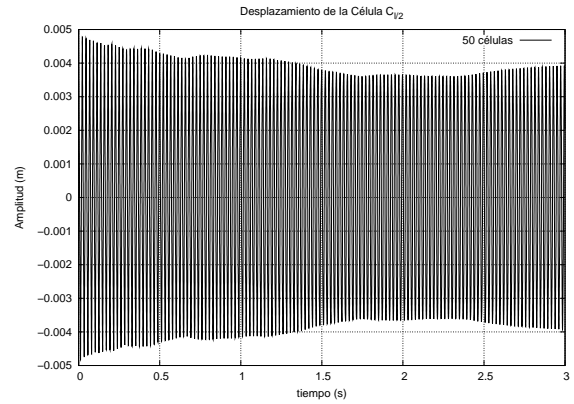
(a) Oscilación para $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y en un AC con 10 células.



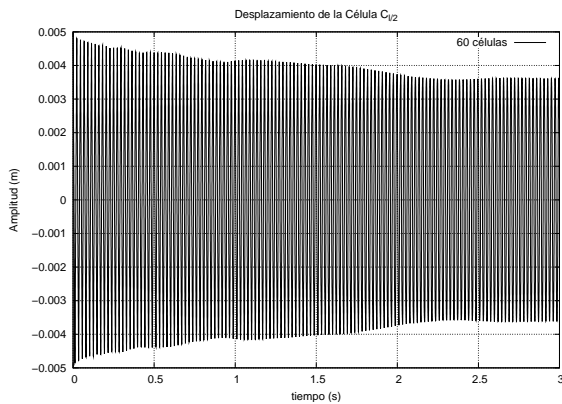
(b) Oscilación para $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y en un AC con 20 células.



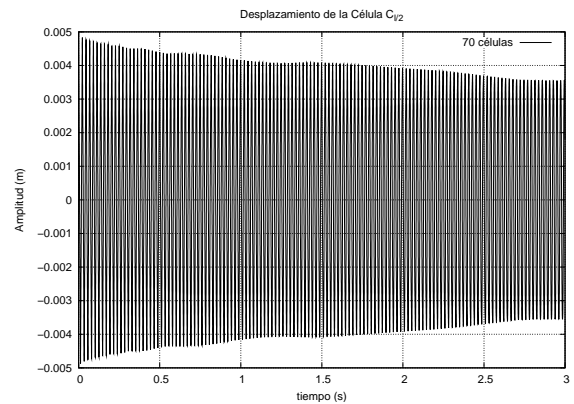
(c) Oscilación para $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y en un AC con 40 células.



(d) Oscilación para $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y en un AC con 50 células.

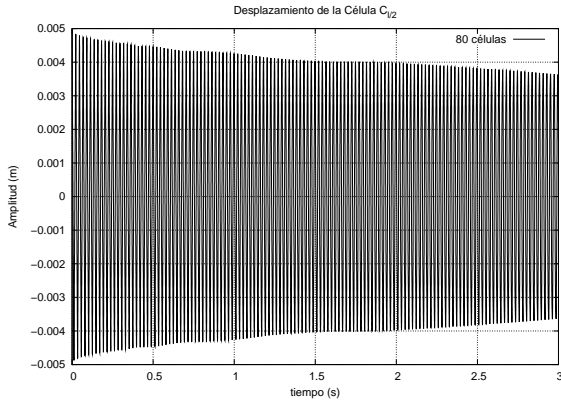


(e) Oscilación para $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y en un AC con 60 células.

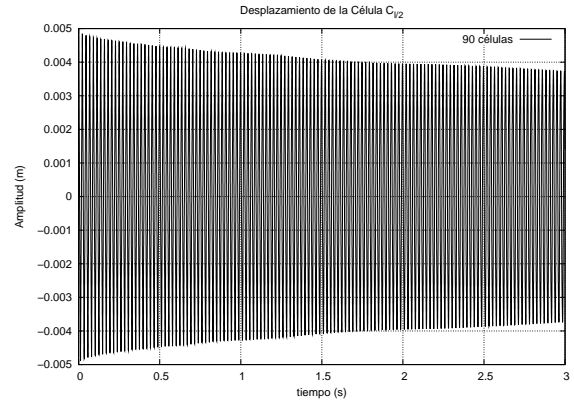


(f) Oscilación para $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y en un AC con 70 células.

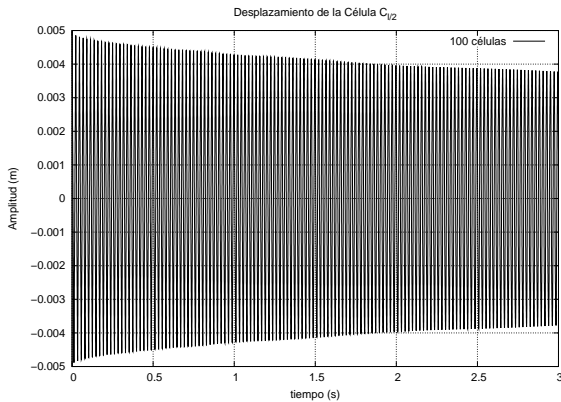
4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE



(g) Oscilación para $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y en un AC con 80 células.



(h) Oscilación para $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y en un AC con 90 células.

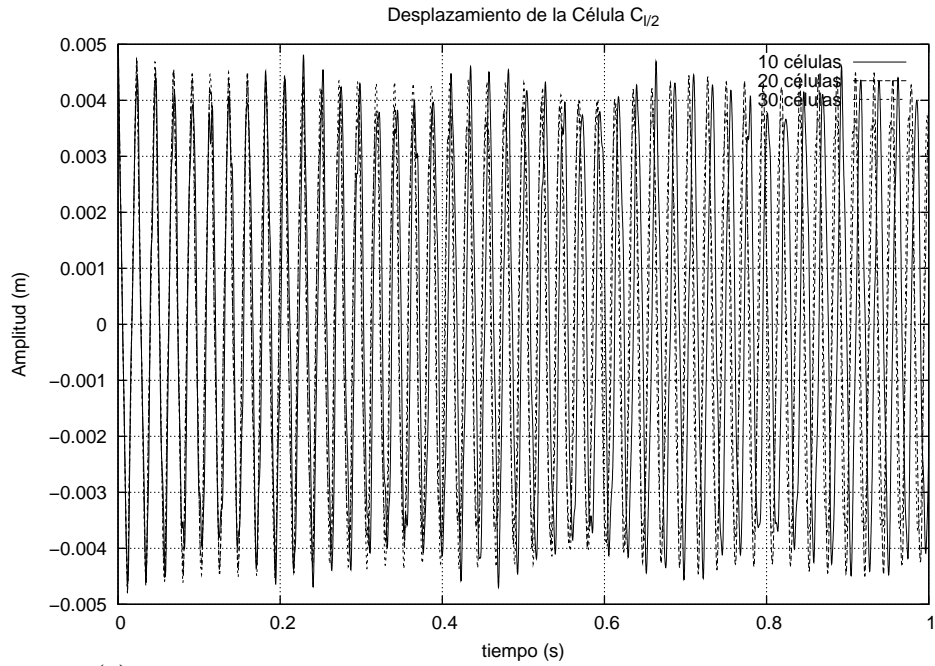


(i) Oscilación para $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y en un AC con 100 células.

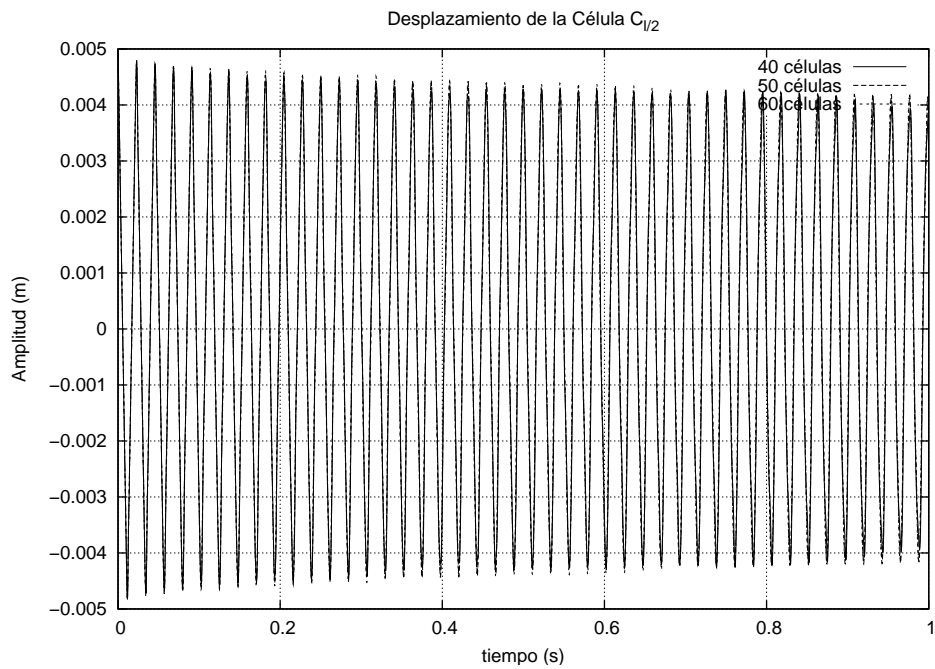
FIGURA 4.7. Oscilación de la célula $c_{\frac{l}{2}}$ en el eje y durante 3×10^6 generaciones e un AC con diferente número de células.

Al hacer una revisión de los espectros de frecuencias, en las gráficas de las Figuras 4.10, 4.11, 4.12, se puede verificar que a partir de 50 células en el AC que modela a la cuerda, el espectro de frecuencia tiende a ser el mismo que en los AC con mayor número de células, lo que implica que una cuerda con las características descritas en el inicio de la sección 4.5.2.1 puede modelarse con un AC de 50 células. En el inciso b) de las Figuras 4.10, 4.11, 4.12, se muestra la frecuencia fundamental de las oscilaciones de los AC con sus diferentes número de células.

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE



(a) Oscilación para $c_{l/2}$ en el eje y en un AC con 10, 20 y 30 células



(b) Oscilación para $c_{l/2}$ en el eje y en un AC con 40, 50 y 60 células

FIGURA 4.8. Comparación de la oscilación del AC variando el número de células, en todos los casos se toma la célula $c_{l/2}$ como punto de comparación.

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE

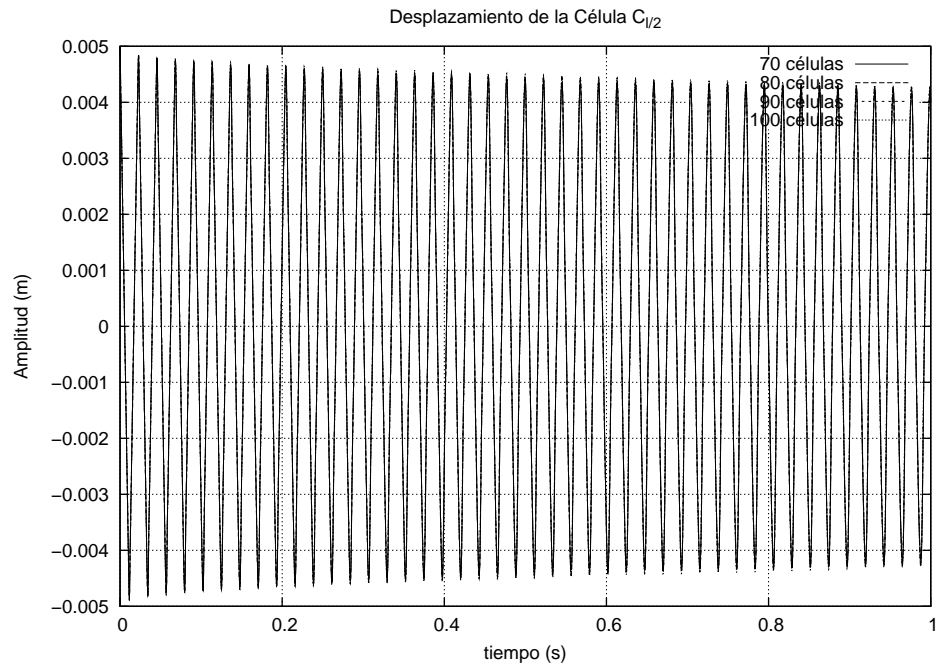
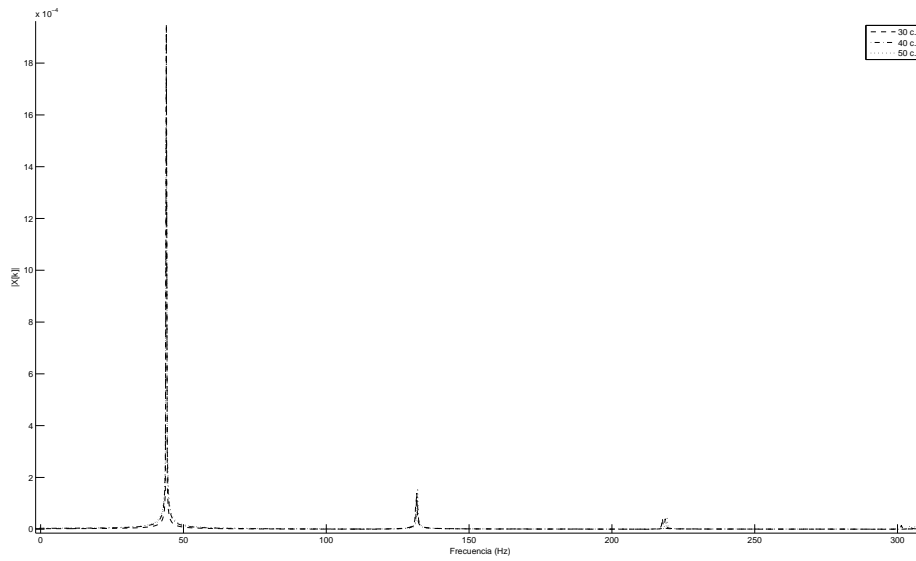


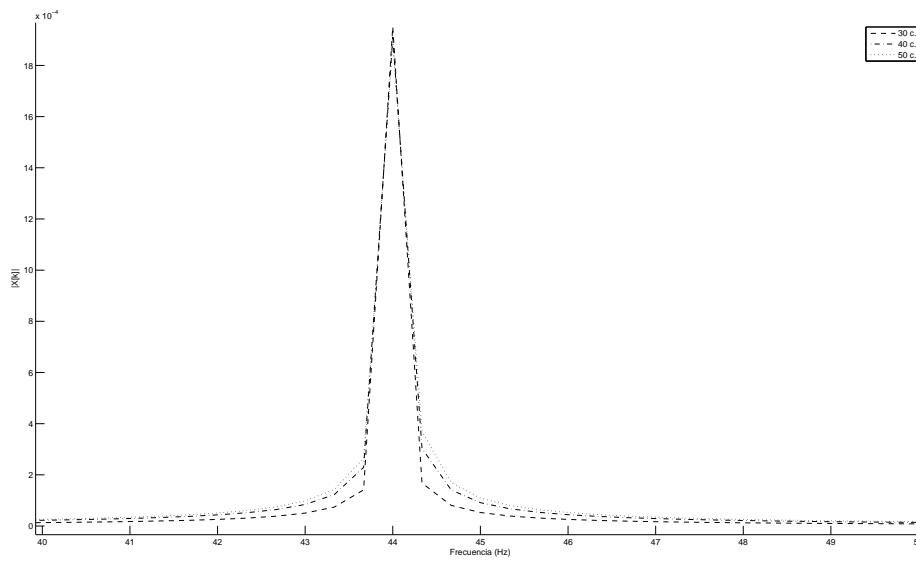
FIGURA 4.9. Comparación de la oscilación del AC variando el número de células, en todos los casos se toma la célula $c_{\frac{l}{2}}$ como punto de comparación.

De esto podemos concluir que el AC, modela una cuerda del tipo de una guitarra a partir de 50 células en su retícula. En la siguiente sección se discute la comparación entre el modelo matemático contra el modelo AC propuesto.

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE



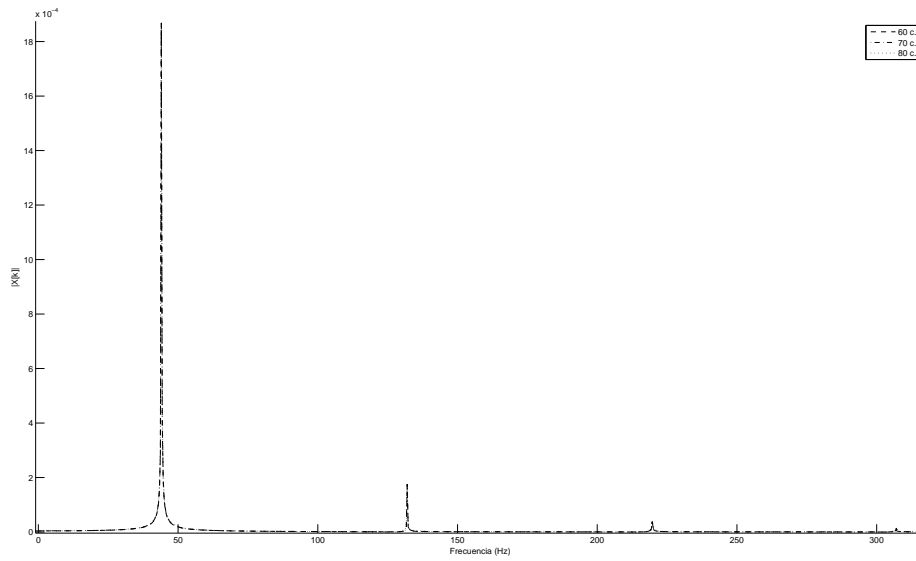
(a) Espectro de frecuencias para $c \frac{l}{2}$ de un AC con 30, 40 y 50 células



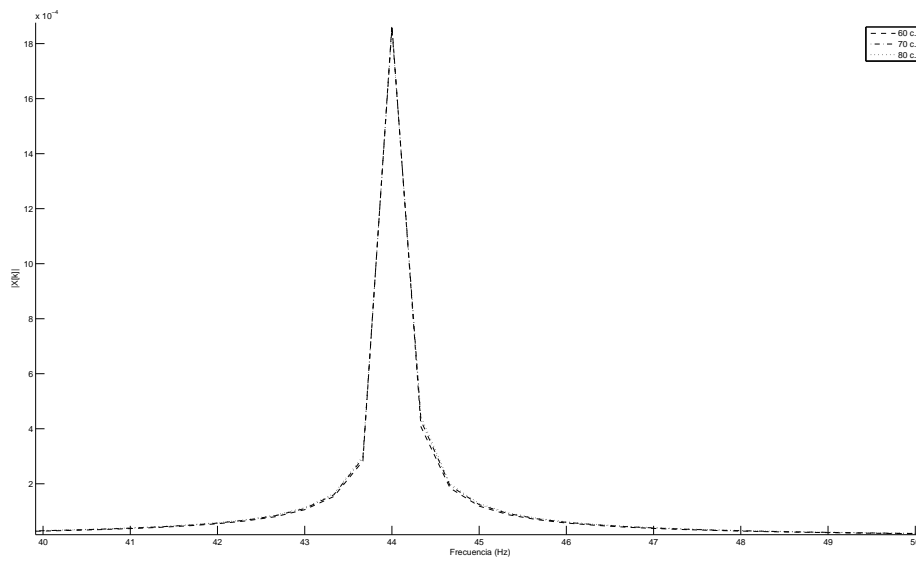
(b) Frecuencia fundamental del espectro de frecuencias para $c \frac{l}{2}$ de un AC con 30, 40 y 50 células

FIGURA 4.10. Espectro de frecuencias para $c \frac{l}{2}$ de un AC con 30, 40 y 50 células y frecuencia fundamental de los mismos.

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE



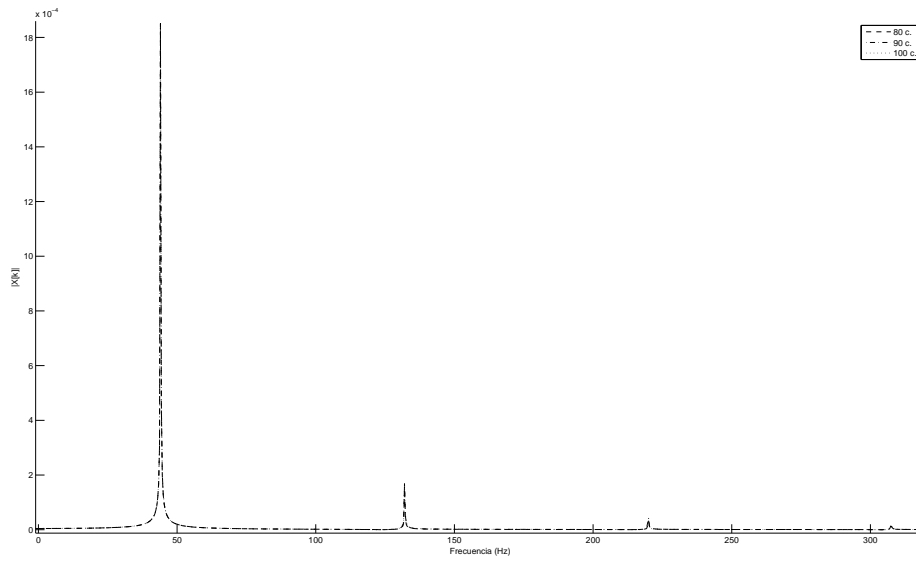
(a) Espectro de frecuencias para $c_{l/2}$ de un AC con 60, 70 y 80 células



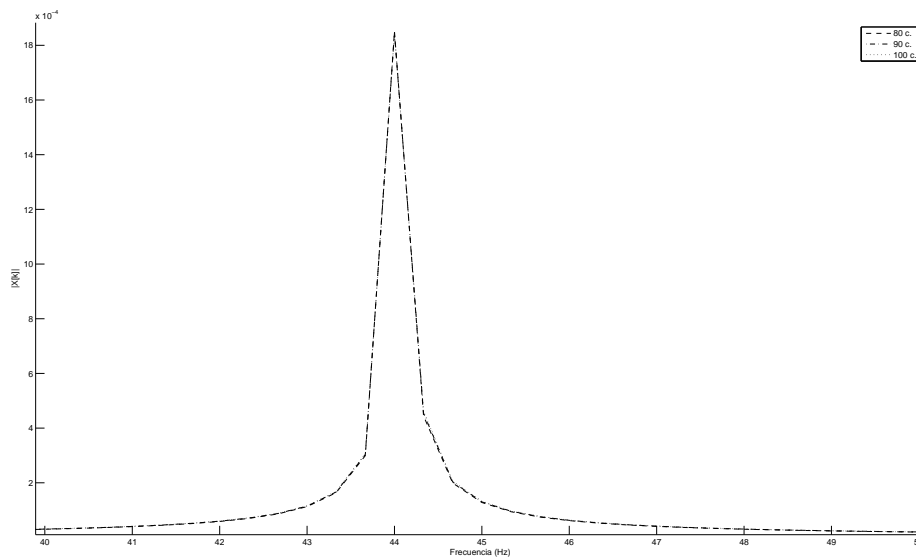
(b) Frecuencia fundamental del espectro de frecuencias para $c_{l/2}$ de un AC con 60, 70 y 80 células

FIGURA 4.11. Espectro de frecuencias para $c_{l/2}$ de un AC con 60, 70 y 80 células y frecuencia fundamental de los mismos.

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE



(a) Espectro de frecuencias para $c_{L/2}$ de un AC con 80, 90 y 100 células



(b) Frecuencia fundamental del espectro de frecuencias para $c_{L/2}$ de un AC con 80, 90 y 100 células

FIGURA 4.12. Espectro de frecuencias para $c_{L/2}$ de un AC con 80, 90 y 100 células y frecuencia fundamental de los mismos.

4.5.2.2. Comparación ente el modelo matemático y el modelo AC

Para llevar a cabo la comparación entre el AC y la ecuación de movimiento encontrada (vea pag. 54) que satisface la ec. diferencial (4.1), es necesario definir las condiciones iniciales con las que se iniciará la ecuacion; pensando en una cuerda de guitarra, se tomarán las condiciones en las que vibra una cuerda sexta:

l : longitud de la cuerda $0.90m$ la cual se estira $l = 4mm$.

h : des plazamiento desde el origen del punto medio $h = 5mm$.

x : punto que se verifica su oscilación $x = \frac{l}{2}$.

T : tensión de la cuerda una vez estirada $T = 15.84N$.

m : masa de la cuerda $masa = 0.00507kg$.

ρ : densidad lineal de la cuerda $\rho = \frac{m}{l}$.

c : constante definida en la ecuación que rige el movimiento con $c = \sqrt{\frac{T}{\rho}} = 53.144$.

Sustituyendo estos valores en la ecuacion 4.29, tenemos:

$$u\left(\frac{l}{2}, t\right) = \frac{8 \cdot 0.005}{\pi^2} \sum_{n=1}^{\infty} \frac{1}{n^2} \sin\left(\frac{n\pi}{0.904} \frac{0.904}{2}\right) \sin\left(\frac{n}{2}\pi\right) \cos\left(\frac{n\pi}{0.904} 53.144 \cdot t\right)$$

Simulando para $t = 0, \dots, 3$, la ecuación $u\left(\frac{l}{2}, t\right)$, se genera la gráfica de la Figura 4.13, en la cual se puede ver un movimiento oscilatorio del punto $x = \frac{l}{2}$. En la gráfica de la Figura 4.14 se presenta el movimiento de la célula $c_{\frac{l}{2}}$ del modelo del AC desarrollado.

4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE

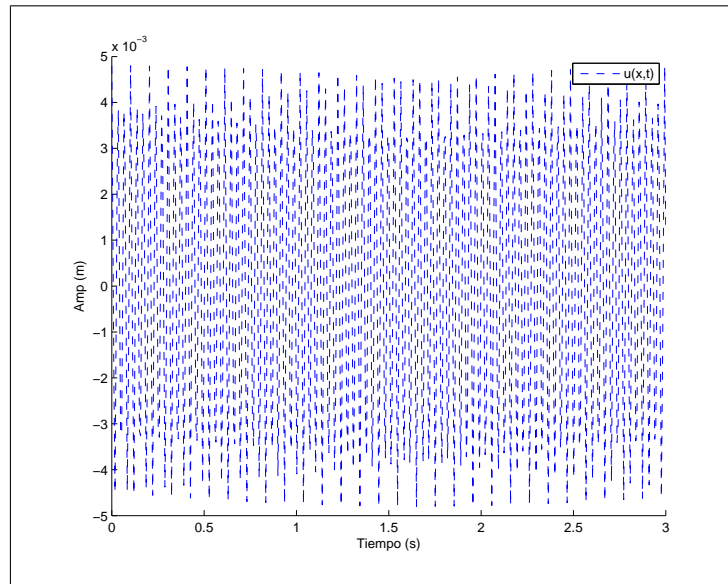


FIGURA 4.13. Gráfica generada por la ecuación de movimiento $u(\frac{1}{2}, t) : t = 0, \dots, 3$.

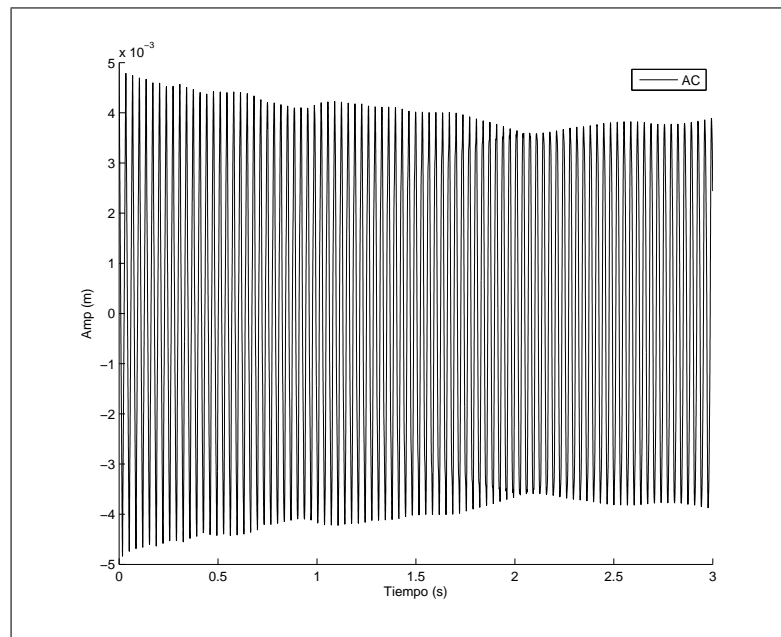


FIGURA 4.14. Gráfica generada por el modelo de AC propuesto durante un tiempo $t = 0, \dots, 3$.

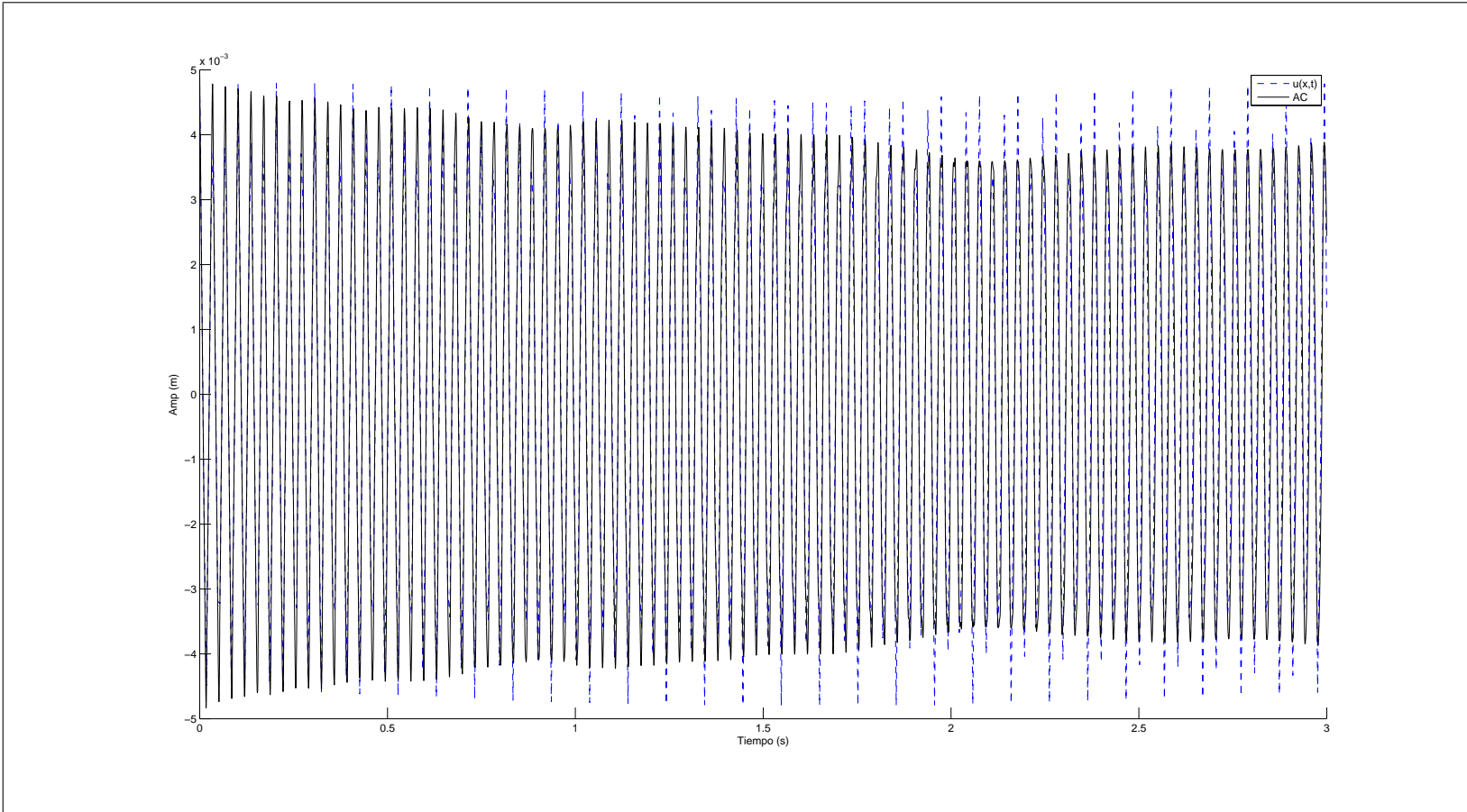


FIGURA 4.15. Gráfica generada por la superposición de las gráficas sinusoidales presentadas en las figuras 4.13 y 4.14 respectivamente.

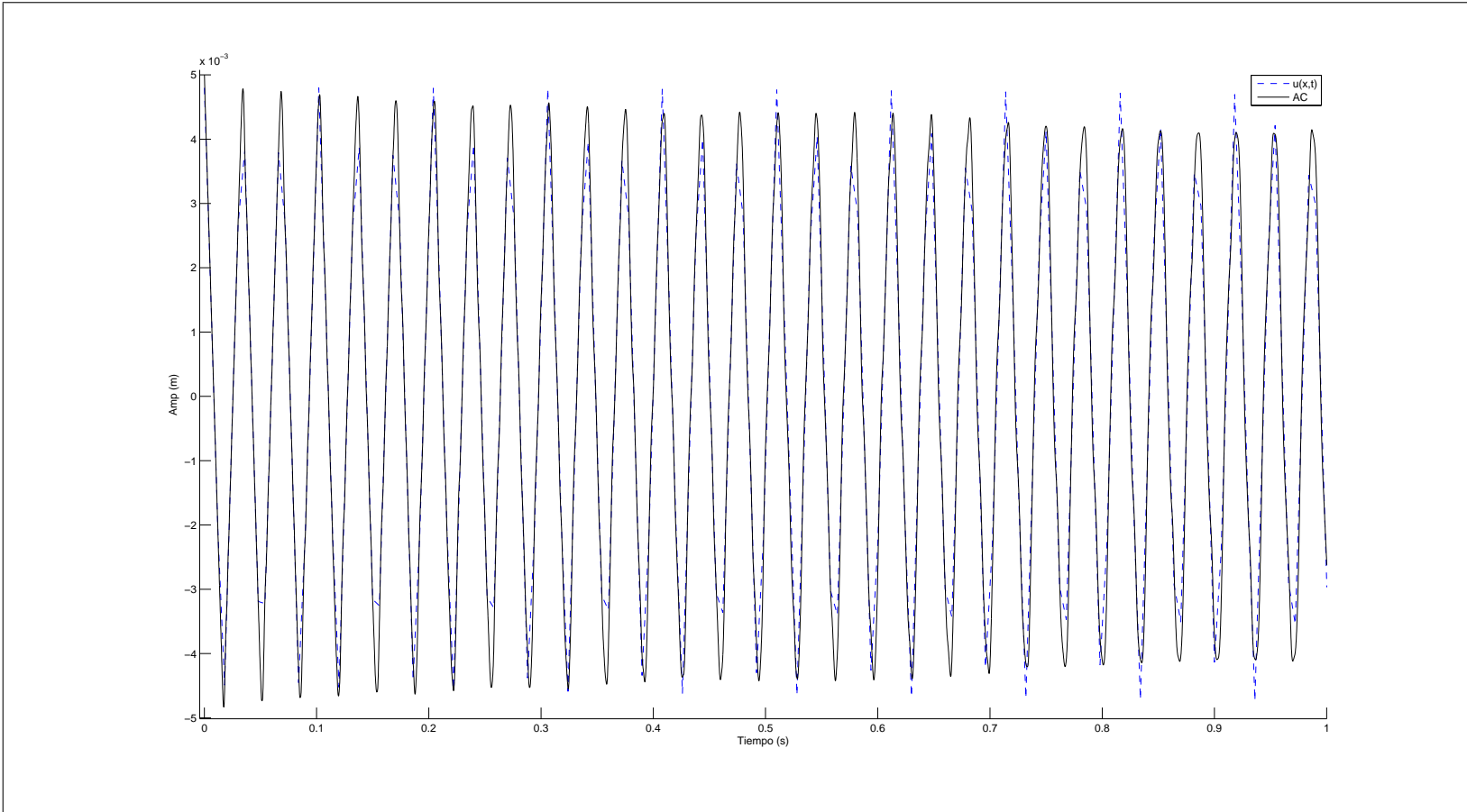


FIGURA 4.16. Gráfica generada por la la superposición de las gráficas sinusoidales ampliada.

Haciendo una comparación de los modelos y sobreponiendo las gráficas sinusoidales se obtiene la gráfica de la Figura 4.15, puede observarse que tanto la trayectoria que sigue el punto $\frac{l}{2}$, correspondiente al modelo matemático, como la trayectoria de la célula $c_{\frac{l}{2}}$, tienen una correspondencia de fase.

Obteniendo los espectros de frecuencia para ambas señales y graficándolos, se aprecia que la gráfica de la Figura 4.17-(a), los espectros de frecuencia de las dos señales se encuentran prácticamente empalmadas, observando la gráfica de la Figura 4.17-(b), que presenta las frecuencias de la frecuencia fundamental y de las primeras dos armónicas es visible que hasta la segunda armónica se aprecia un ligero defasamiento de las gráficas.

En la gráfica de la Figura 4.17-(a), puede observarse que existe una perfecta superposición de las frecuencias fundamentales de ambas señales la cual se encuentra al rededor de los $30Hz$.

Matemáticamente el elemento:

$$\cos\left(\frac{\pi}{0.904}53.144 \cdot t\right) = \cos(\omega t)$$

tomado del primer término de la sumatoria de la ecuación $u(x, t)$ cuando $n = 1$, siendo ω la frecuencia angular o fundamental de la señal, ésta se encuentra relacionada con con el periodo de una señal como:

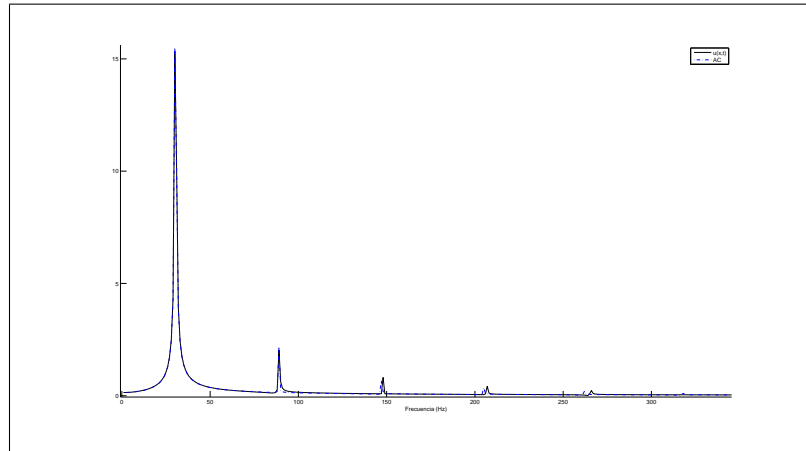
$$\omega = \frac{2\pi}{T} = 2\pi f \Rightarrow f = \frac{\omega}{2\pi}$$

donde T es el periodo y f la frecuencia. Sustituyendo datos tenemos:

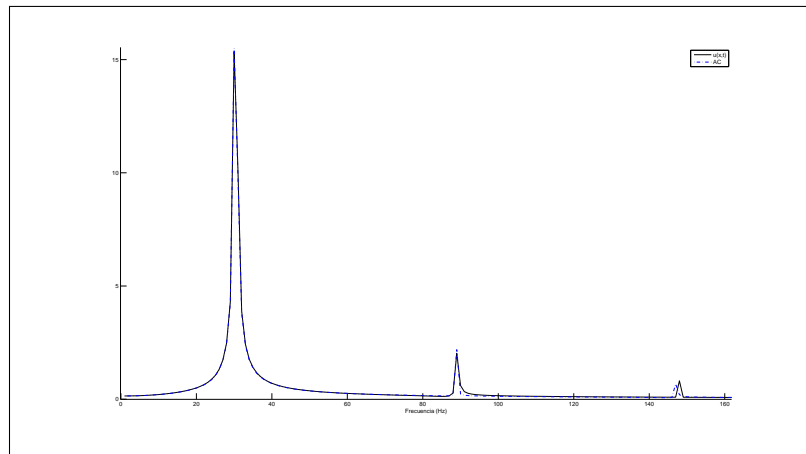
$$f = \frac{\frac{\pi}{0.904}53.144}{2\pi} = \frac{53.144\pi}{2\pi \cdot 0.904} = 29.4Hz$$

lo cual es congruente con la gráfica de espectros de frecuencia con la frecuencia fundamental.

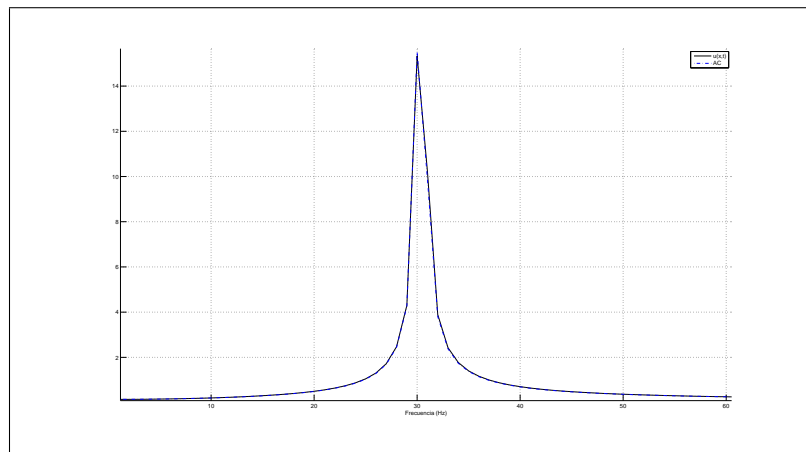
4. SISTEMA CUERDA VIBRANTE



(a) Espectro de frecuencias completo



(b) Frecuencia fundamental y 2 armónicas principales



(c) Frecuencia fundamental

FIGURA 4.17. Gráfica generada por la superposición de los espectros de frecuencia obtenidos de las señales del modelo matemático y el modelo AC.

CONCLUSIONES

“La conclusión es que sabemos muy poco y sin embargo es asombroso lo mucho que conocemos. Y más asombroso todavía que un conocimiento tan pequeño pueda dar tanto poder.”

(Bertrand Russell. Matemático y filósofo británico).

En este capítulo se presentan algunas conclusiones obtenidas a lo largo del desarrollo de los modelos basados en AC para los modelos de evolución de especies y de cuerda vibrante presentados en los capítulos 3 y 4 respectivamente.

5.1. CONCLUSIONES AL MODELO DE EVOLUCIÓN DE BAK-SNEPPEN

El modelo de evolución biológica de Bak-Sneppen, es un modelo que es relativamente fácil de implementar en un AC, dado que la regla de evolución es simple, aunado a esta simpleza en su implementación el modelo exhibe un comportamiento complejo durante su evolución presentando criticalidad auto-organizada dado que tiende a ajustarse a una ley de potencias, no importando las condiciones iniciales del sistema, tomándose esta curva como un atractor del sistema mismo. Como se mostró en el la Sección 3.4.1, todas las avalanchas registradas tienden a iniciarse con células cuya barrera se encuentra de bajo el umbral $\lambda_c = 0.67$, siendo este punto, el valor crítico de auto-organización.

La actividad evolutiva en el modelo presenta una jerarquía de avalanchas de todos los tamaños, existiendo avalanchas de todas las escalas, hasta catastróficas, esto puede tomarse como, que no es necesario que existan eventos de extinción originados por meteoros, ni eventos volcánicos devastadores, los eventos de extinción masiva pueden presentarse por la presión del medio sobre las especies.

En la comparación de las avalanchas registradas cuando existe una variación de λ es claro que se presenta una actividad mayor, que se ve en la gráfica de la Figura 3.13, en

donde a mayor presión del ambiente mayor actividad registrada, esto puede servir, si se traza con cuidado una recta sobre cada una de las gráficas de tipo escalera, para exhibir que cada una de ellas es una cota para cada sistema, lo que hace pensar que, si cada umbral λ representa un ambiente diferente, podría clasificarse a cada ambiente por la curva característica de actividad que se genera de acuerdo al estrés que éste ejerce sobre las especies que lo habitan.

5.2. CONCLUSIONES AL MODELO DE CUERDA VIBRANTE

El modelo de AC para una cuerda vibrante resulta ser de mucha utilidad una vez que se cuentan con los datos mínimos para llevar a cabo una simulación ya que no está sujeto a las condiciones iniciales de la cuerda, como sucede en el caso de la ecuación diferencial que representa el movimiento, el AC solo es desarrollado una vez y puede asignarsele cualquier condición inicial.

Para el caso de la ecuación diferencial, es necesario el conocimiento de las condiciones iniciales de la cuerda que se pretende simular ya que el resultado de la solución depende de estos datos, por lo que el AC es una herramienta que puede ser igualmente efectiva que el modelo matemático o una alternativa a las ecuaciones diferenciales. A lo largo de las pruebas, el modelo resultó ser efectivo con respecto al modelo analítico por lo que la simulación de movimiento amortiguado es factible tomando en cuenta el factor de amortiguamiento según el medio en donde oscile la cuerda y fricción que el medio ejerce sobre las células que conformen la cuerda. Cuerdas como la de los instrumentos musicales pueden ser simuladas con el AC, si se aplica define un coeficiente de fricción que amortigüe la amplitud de la oscilación, para esto es necesario tomar en cuenta el diámetro de la cuerda y la forma de las células para definir el coeficiente de amortiguamiento del aire.

Es posible evitar la pérdida de información si se simulan cuerdas cuyas condiciones iniciales puedan describirse en el sistema CGS en donde variaciones en la representación de los números reales no afecten el resultado, caso que ocurre en el redondeo de los datos debido la representación de los decimales. Se hace necesario verificar la escala a la cual se

desea simular el sistema a fin de evitar truncamiento de datos por la representación binaria de números reales, que puedan afectar al momento de calcular las fuerzas con las que son atraídas las células dentro del AC. Esto puede corregirse si se implementan en el caso del lenguaje JAVA, el uso de objetos tipo *BigDecimal* en lugar de implementar datos primitivos de tipo *double*.

Es posible ampliar el modelo de AC propuesto para simular membranas en 3-dimensiones implementando una retícula de 2-dimensiones en el AC, e incluyendo un componente más en el vector de posición y de fuerza, empleando una vecindad de Moore para simular la cohesión de las células en la membrana.

La simulación de sistemas naturales con técnicas discretas facilita la implementación computacional de los modelos dado que permite representar comportamiento complejo con reglas simples representadas como operaciones que pueden ser computadas con mayor rapidez debido a la menor complejidad en los cálculos. El empleo de la programación orientada a objetos, permite generalizar el problema lo que facilita la inclusión de componentes en el caso de las células empleadas para la cuerda vibrante.

Haciendo una revisión de la complejidad del modelo de AC para la cuerda vibrante se obtuvo que; dicha complejidad se reduce a la ejecución de dos ciclos anidados, como puede verse en el Algoritmo 5.1.

Algoritmo 5.1: Ciclos Fundamentales

Data: $pasos, celula \in N$.

```

1 inicialización de la Lattice ;
2 for  $pasos = 1, 2, \dots, m$  do
3   | for  $celula = 1, 2, \dots, n$  do
4   | | estadoSiguiete[celula] = ReglaEvolucion  $\Rightarrow$  estadoActual[celula]
5   | end
6 end
```

El ciclo exterior se ejecuta M veces. Por cada ejecución, el ciclo interno se ejecuta N veces, dado que no se necesitan funciones recursivas, como resultado, las instrucciones en el ciclo interno se ejecutan un total de $M \times N$ veces. En este caso, la complejidad es de $O(M \times N)$. En el peor de los escenarios si m y n fueran muy grandes la complejidad

del algoritmo tendría a crecer linealmente, lo que no afecta su rendimiento dado que no se necesitan tantas células para simular una cuerda, en el caso de una cuerda del tipo de una guitarra, la complejidad del algoritmo tiende a ser $O(N)$. Pudiendo implementar hilos que hagan el barrido de la retícula de forma paralela, pues no es necesario que ésta se recorra en un orden específico.

Una comparación con las complejidades que tienen los algoritmos de la *Transformada Discreta de Fourier* que es $O(N^2)$ y se reduce sustancialmente con la *Transformada Rápida de Fourier* que tiene una complejidad $O(N \log N)$, muestra que la complejidad del AC es menor a cualquiera de las dos antes mencionadas por lo que el AC tiene un rendimiento óptimo en la simulación del sistema que modela.

Puede concluirse que en el caso del sistema de cuerda vibrante, el AC, es una alternativa para el estudio de estos sistemas, a las ecuaciones diferenciales.

BIBLIOGRAFÍA

- [1] Ilachinski, A. “*Cellular Automata: a discrete universe*”. World Scientific, 2001.
- [2] Gardner, M. “The fantastic combinations of John Conway’s new solitaire game *life*”. *Scientific American*, (223):120–123, October 1970.
- [3] Mahalanabis, A. “*Introducción a la Ingeniería de Sistemas*”. Limusa, México, 1987.
- [4] Martínez, J. C. G. “De la realidad a los modelos”. *¿Como Ves?*, (n. 99):pp. 25–29, 2007.
- [5] Pressman, R. “*Ingeniería de Software: Un Enfoque Práctico*”. McGraw-Hill, México, 2006.
- [6] Wolfram, S. “preface for cellular automata: Proceedings of an interdisciplinary workshop”. *North-Holland Physics Publishing*, (10):vii–xii, 1984.
- [7] Wolfram, S. “*Emerging Syntheses in Science: Proceedings of the Founding Workshops of the Santa Fe Institute*”. Addison-Wesley, USA, 1988.
- [8] Chopard B. and et al. “*Cellular Automata Modeling of Physical Systems*”. Cambridge University Press, USA, 1998.
- [9] Toffoli, T. “Occam, Turing, von Neumann, Jaynes: How much can you get for how little? (A conceptual introduction to cellular automata)”. *InterJournal, MIT*, December 1994. Cambridge, MA.
- [10] Motta, S. and Brusici V. “*Mathematical Modelling of the Immune System*”. Springer, USA, 2004.

- [11] Wolfram, S. “cellular automata as models complexity”. *Nature*, (311):419–424, 1984.
- [12] Shannon, R. Johannes, J. “Systems simulation: the art and science”. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, vol. 6(10):pp. 723–724., 1976.
- [13] Fishwick P. “Simulation Model Design”. *Proceeding of the Winter Simulation Conference*, 1995.
- [14] Espericueta, R. “*Cellular Automata Dynamics Explorations in Parallel Processing*”. Bakersfield College, USA, 1997.
- [15] Wolfram, S. “statistical mechanics of cellular automata”. *Reviews of Modern Physics*, (55):601–644, 1983.
- [16] Bar-Yam, Y. “*Dynamics of Complex Systems*”. Addison-Wesley, USA, 1997.
- [17] Mitchell M. “Computation in cellular automata: A selected review”. *Nonstandard Computation*, pages 95–140, 1998. Weinheim: VCH Verlagsgesellschaft.
- [18] McIntosh. H. V. “Linear Cellular Automata”. 1990. Disponible en <http://cellular.ci.ulsu.mx/oldweb/pautomata.html>.
- [19] Seck Tuoh J.C. “*Autómatas Celulares Lineales Reversibles*”. UNAM-Acatlan, México, 1997. Tesis.
- [20] Sarkar P. “A brief history of cellular automata”. *ACM Computing Surveys*, 32(1):80–107, 2000.
- [21] Hoya, White S. and et al. “Modeling epidemics using cellular automata”. *Applied Mathematics and Computation*, 2006. doi:10.1016/j.amc.2006.06.126.
- [22] Wolfram, S. “Cellular automata as simple self-organizing systems”. *Caltech Preprint CALT*, 1982. submitted to Nature.
- [23] Wolfram, S. “*A New Kind of Science*”. Wolfram Media, Inc., USA, 2002.
- [24] Juárez, G. J. “*Teoría del campo promedio en Autómatas Celulares Similares a The Game of Life*”. CINVESTAV, México, 2000. Tesis de Maestría.

- [25] McIntosh, H. V. “Wolfram’s class IV automata and a good life”. *Physica D*, (45), 1990.
- [26] Niesche, H. “Introduction to Cellular Automata”. *Seminar “Organic Computing” SS2006*, 2006. Disponible en <http://kbs.cs.tu-berlin.de/teaching/sose2006/oc/index.htm>.
- [27] Alström, P. Leao, J. “Self-organized criticality in the “game of Life””. *Physical Review E*, 49(4), 1994.
- [28] Wainwright, R. T. “Life is universal!”. *Winter Simulation Conference*, 2, 1974.
- [29] Sarukhán, J. “*Las Musas de Darwin*”. La ciencia para todos. FCE, México, 2a edition, 1998.
- [30] Miramontes, P. “*Las matemáticas y su entorno*”, chapter “La biología matemática”. Aprender a Aprender. Sigo XXI Editores, México, 2004.
- [31] Bak, P. Sneppen, K. “Punctuated Equilibrium and Criticality in a Simple Model of Evolution”. *Physical Review Letters*, 71(24), 1993.
- [32] M. E. J. Newman and R. G. Palmer. Models of extinction: A review, 1999. Disponible en: <http://arxiv.org/abs/adap-org/9908002>.
- [33] Boettcher, S. “Life and times of an avalanche”. *Physica A: Statistical and Theoretical Physics*, 266(1-4):330 – 333, 1999.
- [34] M. E. J. Newman. Self-organized criticality, evolution and the fossil extinction record. *PROC.R.SOC.LONDON B*, 263:1605, 1996.
- [35] Jensen, H.J. “*Self-Organized Criticality: emergent complex behavior in physical and biological systems*”. Cambridge University Press, United Kingdom, 1998. Volumen 10 de Cambridge lecture notes in physics.
- [36] Per Bak. “*How nature works: the science of self-organized criticality*”. Copernicus, USA, 1999.
- [37] Boyce, W. E. “*Ecuaciones Diferenciales y Problemas con Valores en la Frontera*”. Ed. Limusa, México, 1990.

BIBLIOGRAFÍA

- [38] Hsu , H. P. “*Análisis de Fourier*”. Prentice Hall, México, 1998.
- [39] Spiegel, M. R. “*Análisis Vectorial*”. Schaum’s. McGraw Hill, México, 1991.

ANEXO A. DISEÑO MODELO BAK-SNEPPEN

Siguiendo el paradigma orientado a objetos, el simulador para el modelo de AC de Bak-Sneppen, fue diseñado basandose en el diagrama de casos de uso que se describe a continuación.

A.1. Diagrama de casos de uso

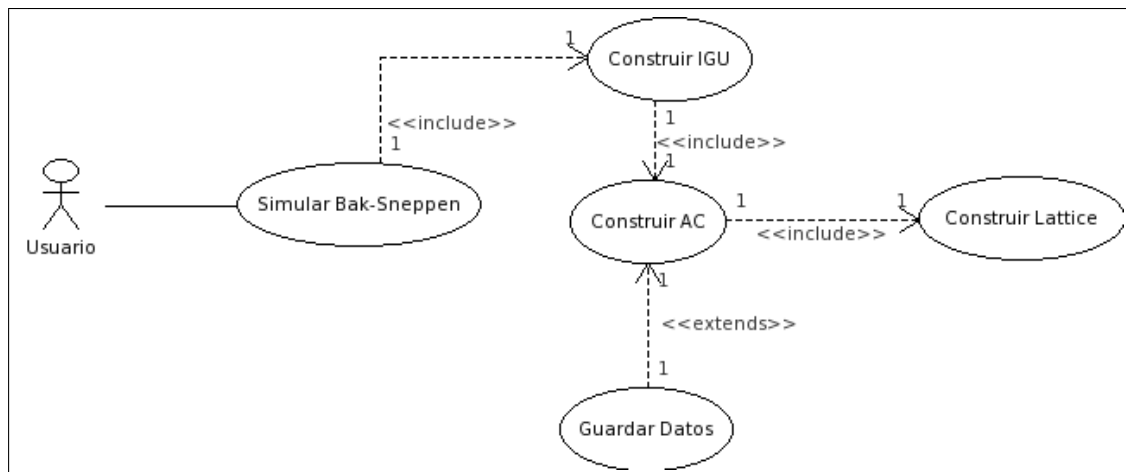


FIGURA A.1. Diagrama de Casos de uso para el simulador del modelo Bak-Sneppen.

La Figura A.1 muestra el diagrama de casos de uso para el simulador del modelo de evolución de Bak-Sneppen. El cual define los siguientes elementos:

Actores:

Usuario: Es el único actor del simulador y es el encargado de solicitar la simulación del CA.

Casos de uso:

Simular Bak-Sneppen: Caso de uso con interacción directa con el usuario el cual proporciona las funcionalidades para iniciar el simulador.

Construir IGU: Este caso de uso es el encargado de construir la interfaz gráfica para el usuario.

Construir AC: Caso de uso que elabora el CA con el que se trabaja la simulación, emplea el caso de uso “Construir lattice” así como la definición de las condiciones de frontera y vecindad.

Construir lattice: Construye la retícula que usa el AC.

Guardar datos: Caso de uso encargado de guardar datos que le sean enviados por el caso de uso “Construir Lattice” encargado de construir el “*thread*”¹ para la simulación visual.

A.2. Diagrama de clases del simulador Bak-Sneppen

El diagrama de clases mostrado en la figura A.2, muestra la interacción existente entre las clases que conforman el simulador del modelo de evolución, las cuales se describen a continuación:

CEspecie: Clase encargada de la representación de una especie que ocupa un lugar en un nicho ecológico, guarda la información de su barrera y si forma parte de las barreras mínimas.

LatticeEsp: Clase cuya responsabilidad es la de crear una retícula 1-dimensional para el AC, dicha retícula se forma con células de tipo CEspecie. Así mismo esta clase se encarga de realizar la mutación de las especies indicadas por la clase “RulesEvolution”, proporcionar el id de la posición de las barreras que se encuentren por debajo del umbral λ_c y definir las condiciones de frontera periódica y vecindad de las células.

RulesEvolution: Se encarga de implementar la función de evolución del AC, inicializa la retícula e implementa un objeto de tipo GuardaDatos para llevar a cabo la simulación.

¹También llamado hilo de ejecución.

JPanelEvolution: Clase que extiende de JPanel, la cual le da la funcionalidad de poder realizar el pintado de los datos que contiene la retícula, para esta tarea instancia un objeto de tipo RulesEvolution.

JFrameBakSneppen: Clase que extiende a JFrame, la cual es la encargada de crear el contenedor en donde es envevido el objeto de tipo JPanelEvolution que representa al AC.

Main: Clase implementada como disparador del contenedor del AC.

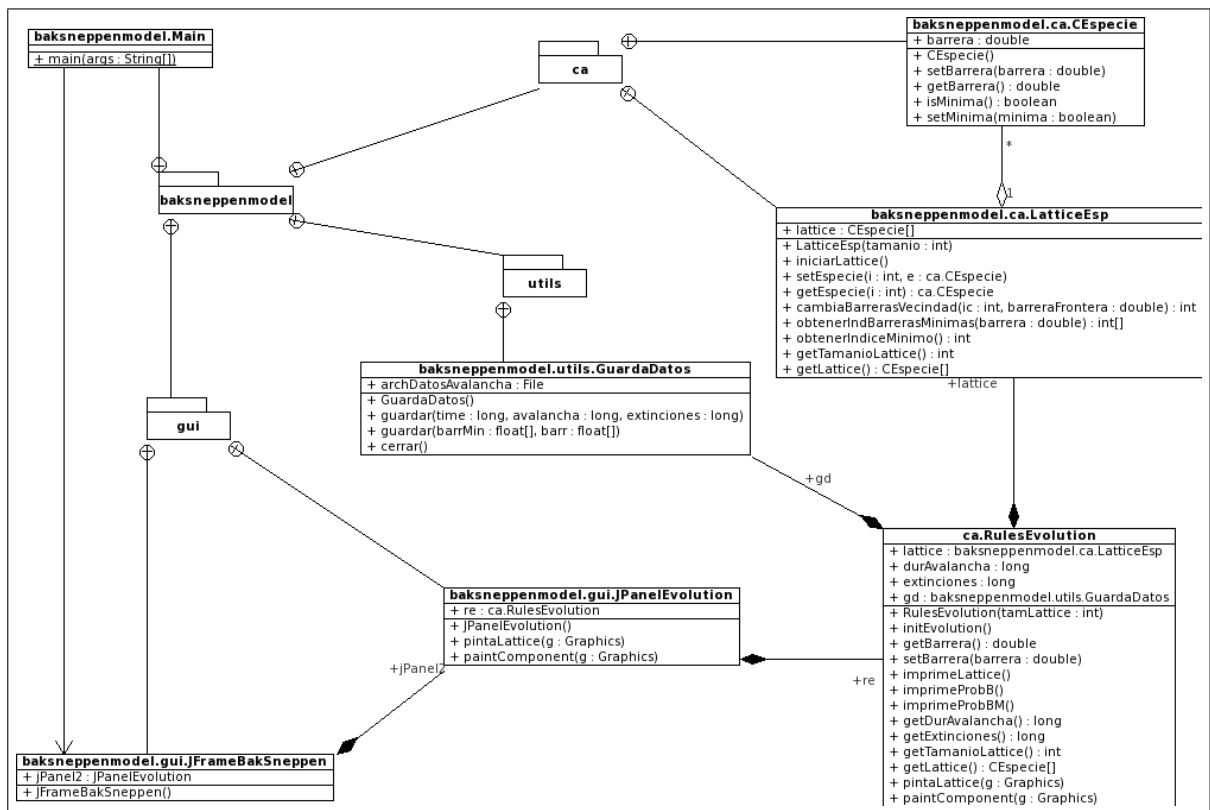


FIGURA A.2. Diagrama de clases desarrolladas para el modelo de Bak-Sneppen.

ANEXO B. DISEÑO MODELO CUERDA VIBRANTE

Como se ha mencionado anteriormente el diseño de la implementación del modelo de cuerda vibrante sigue un paradigma orientado a objetos, en esta sección se presenta el diagrama de casos de uso y diagrama de clases de esta implementación.

B.1. Diagrama de casos de uso

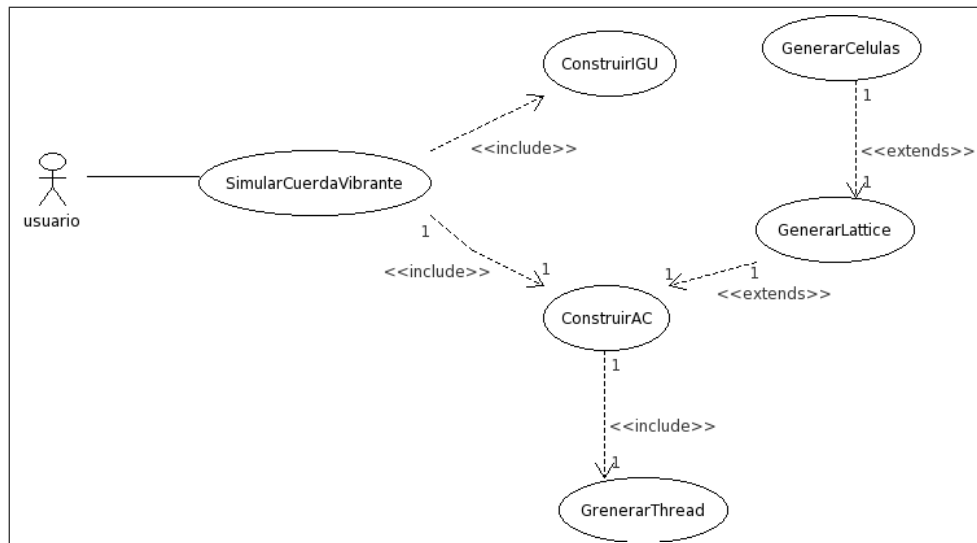


FIGURA B.1. Diagrama de Casos de uso para el simulador del modelo de cuerda vibrante.

La figura B.1 Presenta el diagrama de casos de uso para el simulador de cuerda vibrante presentado en la sección 4.4 del capítulo 4, en este diagrama se definen los siguientes elementos:

Actores:

Usuario: Es el único actor del simulador y es el encargado de solicitar la simulación del CA.

Casos de uso:

SimularCuerdaVibrante: Caso de uso encargado de llamar a la construcción de la interfaz gráfica y el llamado a la construcción del AC.

ConstruirIGU: Su función es la construcción del frame que contendrá la interfaz del simulador.

GenerarCelulas: Este caso de uso se encarga de construir las células que se incluirán en la retícula.

GenerarLattice: Encargado de la creación de la retícula para el AC definiendo el tamaño de la retícula, la vecindad a usar y las condiciones de frontera, se apoya del caso de uso GeneraCelulas para este efecto.

ConstruirAC: Caso de uso encargado de la construcción del AC, definiendo las reglas de evolución y se apoya del caso de uso GenerarLattice, define la funcionalidad para almacenar los datos generados por el AC en disco.

GenerarThread: La funcionalidad que define este caso de uso es la de crear un hilo el cual soporta la ejecución del AC en segundo plano.

En la sección siguiente se describen las clases empleadas para el desarrollo del AC de la cuerda vibrante.

B.2. Diagrama de clases

El diagrama de clases presentado en la figura B.2, muestra el conjunto de clases que conforman el AC que modela la cuerda vibrante, a continuación se describe cada una de ellas:

Celula: Clase que define una célula que es parte del AC, esta se encarga de guardar la posición de la célula en el espacio, la velocidad con la que se mueve, la masa y si es una célula fija o no.

LatticeCV: Clase que se encarga de la creación de la retícula que usa el AC, se apoya de la clase *Celula* para crear las células que conforman la retícula, en esta clase se define la longitud de la cuerda que simula el AC, el desplazamiento inicial h de la cuerda, la constante k de la cuerda y la tensión de los resortes.

RulesCV: Esta clase implementa las reglas de evolución del AC con las definiciones vistas en la sección 4.4 del capítulo 4, usa dos objetos de la clase LatticeCV llamados estadoAcutual y estadoSiguiete, como su nombre lo indica estos dos objetos guardan el estado en un tiempo t y en un tiempo $t + 1$. En esta clase se define la constante de tiempo al cual corresponde cada iteración del AC.

GuardaLattice: Como su nombre lo indica esta clase se encarga de crear los medios necesarios para el almacenamiento de los datos que genera el AC, para esto la clase recibe la referencia de la retícula de donde toma los datos para almacenarlos en disco.

JPanelSimulacion: Clase que extiende de la clase JPanel. Recibe una referencia al objeto de la clase RulesCV con la finalidad de poder dibujar en pantalla los datos que contiene la retícula.

ThreadCAVibrante: Clase que extiende de Thread, permite la implementación de un hilo con el objeto de ejecutar la simulación, el tiempo que se defina en esta misma clase, recibe una instancia de la clase JPanelSimulacion para realizar el dibujo del AC.

JFrameCuerda: Clase que extiende de la clase JFrame que proporciona la funcionalidad de un contenedor de ventana para el simulador.

Main: Clase implementada como disparador del contenedor del AC.

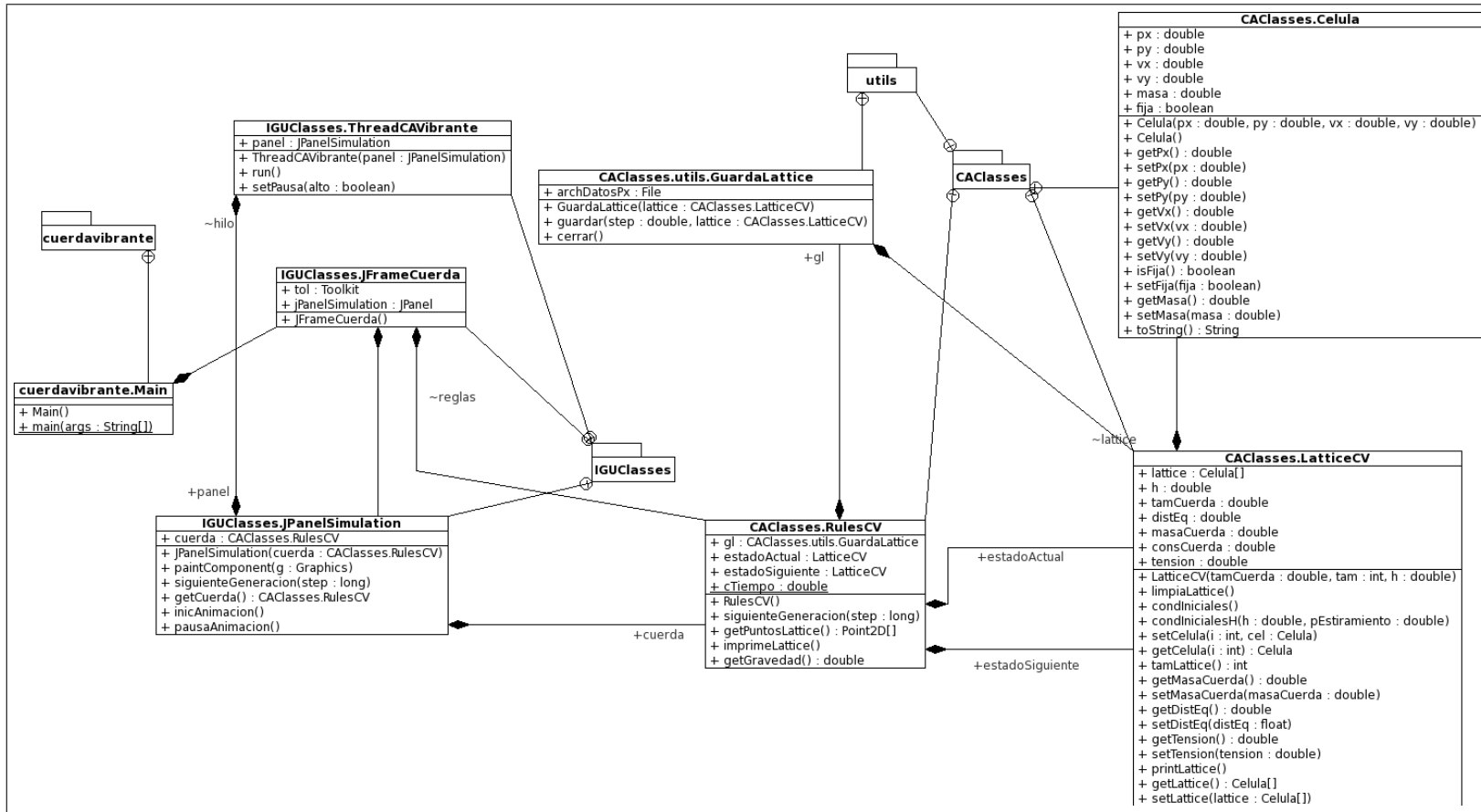


FIGURA B.2. Diagrama de clases desarrolladas para el modelo de Cuerda Vibrante.

ANEXO C. GLOSARIO

- Autómata celular:** Sistema dinámico que evoluciona a través de lapsos de tiempo discretos.
- Avalancha:** Término empleado en la teoría de la criticalidad auto-organizada que se refiere a la actividad generada por una perturbación a un sistema que se encuentra en estado de aparente equilibrio.
- Caso de uso:** Representación de un elemento funcional en el diseño de software, usado en los diagramas de casos de uso.
- Célula:** Para este caso, es una máquina de estados numerables, que conforman una retícula.
- Clase:** Una clase es una abstracción de la realidad la cual define atributos y métodos a los objetos que de ella deriven.
- Dendrita:** Concreción mineral que en forma de ramas de árbol suele presentarse en las fisuras y juntas de las rocas.
- Estrés:** Tensión provocada por situaciones agobiantes que originan reacciones psicósomáticas o trastornos psicológicos a veces graves.
- Fase:** Indica la situación instantánea en dos procesos periódicos, de una magnitud que varía cíclicamente.
- Lattice:** También llamada retícula, define el espacio de acción para el AC.
- Media:** También llamada media aritmética, es una medida estadística como medida de centralización.
- Nicho ecológico:** Término que describe la posición relacional de una especie o población en un ecosistema o el espacio concreto que ocupa en el ecosistema.
- Sistema continuo:** Se dice que un sistema es continuo, si dados dos puntos en el tiempo cercanos uno de otro, existen una infinidad de configuraciones de la evolución del sistema.

Stasis: palabra utilizada en la teoría del equilibrio puntuado, hace referencia en español a *estasis*, que significa detención, dilatación.

Varianza: Medida de dispersión de los valores de una variable aleatoria alrededor de la media.

Vecindad: Conjunto de células, las cuales generan una influencia sobre la célula a evaluar.