

Sistemas dinámicos complejos y caóticos, conjuntos de atractores, memoria y redes discretas^{*}

Andrew Wuensche
Discrete Dynamics Lab
<http://www.ddlab.org/>

19 de diciembre de 2011

Resumen

El comportamiento emergente de estructuras y su interacción en autómatas celulares, se encuentran fuertemente relacionados con las nociones de orden, complejidad y caos, que dependen, en buena medida del grado en el que convergen sus atractores. Dicha información puede encontrarse encriptada y además oculta dentro de sus trayectorias caóticas. En el caso de las redes “aleatorias”, la memoria de contenido direccionable se encuentra afectada aparentemente desde sus conjuntos de atractores y la estructuras de sus subárboles, el concepto de memoria y aprendizaje en su más básico nivel. El presente artículo es una revisión de estas ideas, resultados y aplicaciones, además ilustradas con varias imágenes creadas con el sistemas DDLab.

Palabras clave: conjuntos de atracción, autómatas celulares, redes booleanas aleatorias, caos, complejidad, ancestros, algoritmos reversibles, auto organización, memoria, aprendizaje, redes genéticas reguladas.

1. Introducción

El libro “The Global Dynamics of Cellular Automata” (Dinámica Global en Autómata Celular) [11], publicado en 1992, presentó un algoritmo invertible

^{*}Original publication, January 11, 2010. Artículo presentado en el *Summer Solstice 2009 International Conference on Discrete Models of Complex Systems*, Gdansk, Polonia, junio 22 al 24 de 2009. La versión original de este artículo fue publicada en inglés [21]. La presente versión en español (traducida por Genaro Juárez Martínez, corrección ortográfica por Adriana de la Paz Sánchez Moreno (15.12.2011)), aparece con el permiso de publicación del ACTA PY-SICA POLONICA B. Cualquier comentario enviarlo por favor a andy@ddlab.org. Traducción al español, 6 de octubre de 2011. La publicación de este artículo aparece en el libro: *Sistemas Complejos como Modelos de Computación*, G. J. Martínez, H. Zenil, & C. R. Stephens (Eds.), Luniver Press, 2011, pages 3–22.

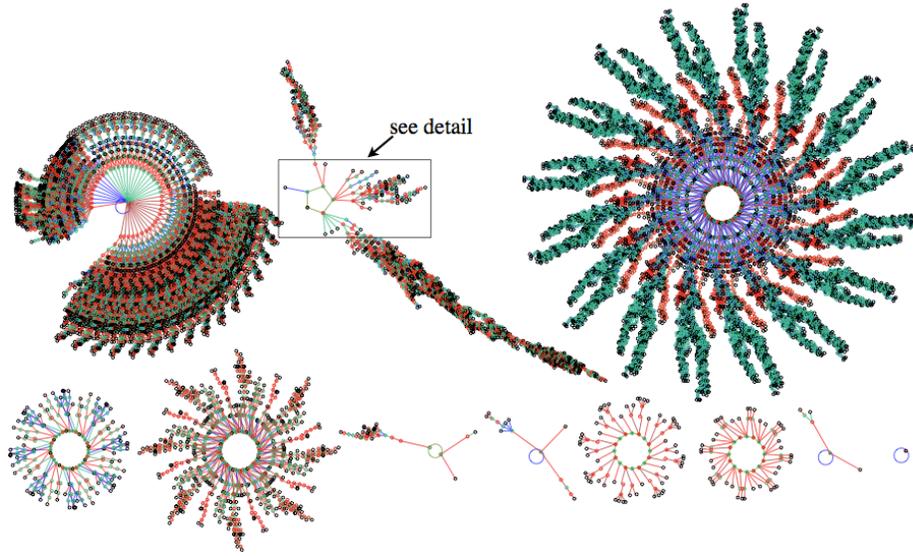
para calcular ancestros (o pre-imágenes) de estados para cualquier autómata celular (CA) binario en una dimensión (1D) con propiedades a la frontera. Esto ayudó a comprender la topología de los “conjuntos de atracción” – gráficas de estados de transición – los estados se encuentran conectados en la raíz de los árboles como ciclos atractores y éstos pueden ser calculados automáticamente (ver Fig. 1).

Posteriormente, un nuevo algoritmo invertible fue inventado para calcular los ancestros, pero ahora, en redes booleanas aleatorias (RBN) y sus conjuntos de atracción pueden ser igualmente graficados (ver Fig. 15). De hecho, fueron graficados para la portada del libro de Stuart Kauffman in 1993 “The Origins of Order” (Los Orígenes del Orden) (ver Fig. 2). El algoritmo desarrollado para las RBN se encuentra ahora mejorado, más versátil y generalizado, ahora como las “redes dinámicas discretas” (DDN). Estos algoritmos calculan ancestros directamente, realizan una muy eficiente búsqueda en el espacio y tiempo, y se encuentran implementados en el software DDLab [19].

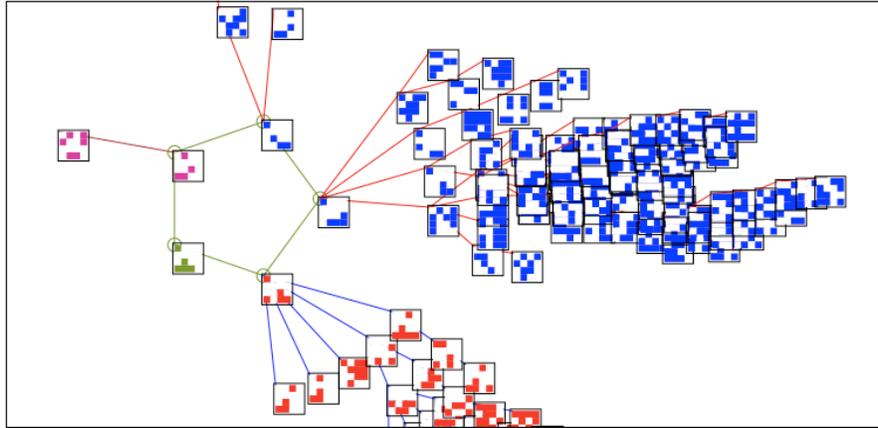
Un DDN es un conjunto finito de n elementos con estados o valores discretos. Los elementos están conectados a través de aristas dirigidas – el esquema de conexión. Entonces, cada elemento actualiza su propio valor de manera sincronizada, de acuerdo a una regla lógica que es aplicada en sus k entradas – el sistema se actualiza en tiempos y pasos discretos. Los CA son mucho más restringidos (que los RBN y DDN) porque ellos tienen una regla universal y un arreglo regular con condiciones a la frontera, creado por la conexión homogénea de “células” determinando vecindades locales, mientras que los RBN y DDN no tienen estas restricciones. Langton [2] describió los CA como “un universo artificial discretizado con su propia física local”. Obviamente existen incontables variaciones y arquitecturas intermedias entre DDN y CA – RBN clásicos [4] tienen valores binarios $\{0,1\}$ y k homogéneos, aunque todos estos sistemas reorganizan su espacio en conjuntos de atracción de la misma manera.

Ejecutando o simulando un CA, RBN o DDN hacia atrás en el tiempo y construyendo todas sus posibles ramificaciones calculando sus ancestros, abre una nueva perspectiva en el estudio de sus dinámicas. Una trayectoria empezando desde algún estado inicial puede estar situado en el contexto del flujo del espacio conduciendo a los atractores, análogo al conocido “estado fase” de Poincaré en dinámica continua, pero aplicados en sistemas donde el tiempo y espacio son discretos (como en la naturaleza). Estas implicaciones fueron discutidas por Langton en su prefacio [11]. Los sistemas dinámicos continuos y discretos comparten conceptos análogos, como son: puntos fijos, ciclos límite, caos, sensibles a condiciones iniciales y atractores caóticos. La frontera entre sus conjuntos de atracción tienen algunas afinidades en los estados (hojas) inalcanzables (conocidos como Jardín del Edén, “Garden of Eden”). La extensión de una conexión local de transiciones medido por el exponente de Liapunov, tiene su analogía en el grado de convergencia dada la densidad de los subárboles – el grado de profundidad de un estado, establecido por el parámetro Z [11, 17].

En este punto podemos indentificar ciertas analogías y discrepancias (con merecimiento para el desarrollo de una tesis) en tres importantes comportamientos de ciertos fenómenos, revisando este artículo podríamos situar algunos

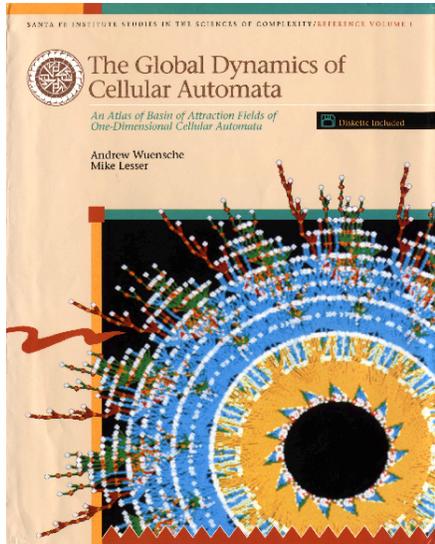


(a)

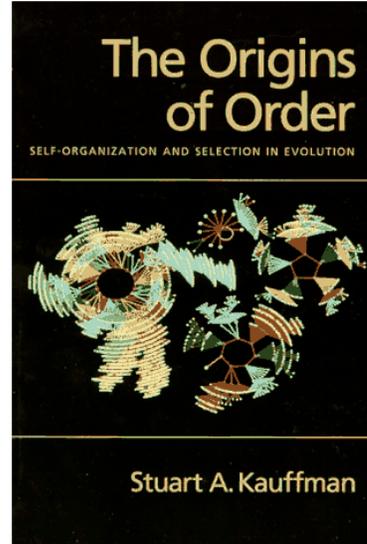


(b)

Figura 1: En (a) se ilustra el campo de conjuntos de atracción de un CA binario en 1D para $n = 16$ (n es la longitud del anillo, configuración inicial o tamaño del sistema). Los 2^{16} estados en el tiempo, se encuentran conectados dentro de 89 conjuntos de atracción, pero en este caso únicamente se ilustran los 11 conjuntos no equivalentes, con simetrías características del CA [11]. El flujo va hacia adentro del atractor en el sentido de las agujas del reloj (alrededor del ciclo atractor). (b) El segundo conjunto de atracción es ampliado de manera que podemos ver todos los detalles del atractor, aquí se ilustran los patrones de 4×4 bits.



(a)



(b)

Figura 2: Ilustramos las portadas de los libros de: (a) Wuensche y Lesser (1992) “The Global Dynamics of Cellular Automata” [11] y (b) el de Kauffman (1993) “The Origins of Order” [5]. Podemos ver un conjunto de atracción de un CA y un campo de conjuntos de atracción en un RBN, ambos fueron calculados con el precursor de DDLab.

aspectos en dinámicas discretas como opuestas en la dinámica continua: complejidad por la interacción de estructuras – en el entendimiento de la auto organización; información oculta en caos – con aplicaciones a la criptografía; y el concepto de memoria y aprendizaje en su más básico nivel – para modelar redes neuronales y genéticas.

2. Complejidad derivada por la interacción de estructuras

En algunos CA raros, la interacción dada por estructuras estáticas y móviles o partículas – gliders y glider guns, emergen y dominan la dinámica del sistema. Algunos ejemplos particulares son el Juego de la Vida, la regla 110 y la recientemente descubierta regla espiral [10] (Fig.7), donde ellos son estudiados a través del choque de sus partículas para modelar computación lógica o universal (Fig.8) [8, 7].

Desde otra perspectiva, éstos son sistemas extremadamente simples y completamente bien definidos, que también son capaces de auto organizarse y componerse en estructuras aún más complejas. El comportamiento emergente parece

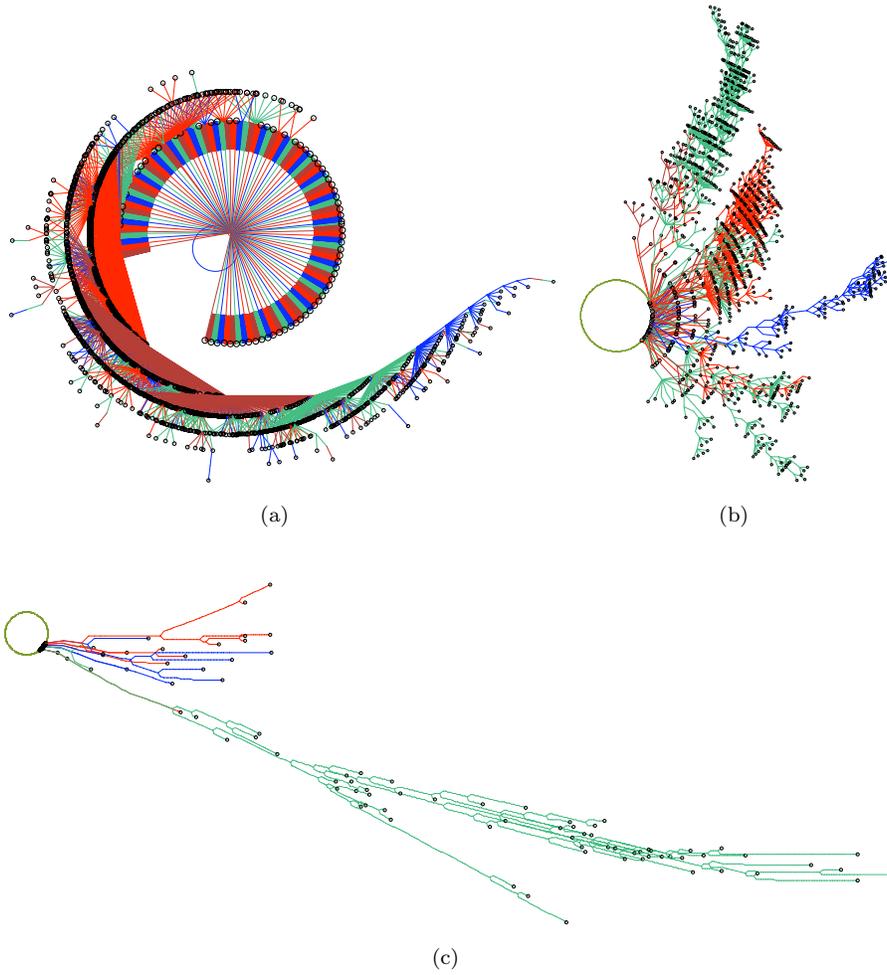


Figura 3: Ilustramos tres conjuntos de atracción en CA elemental (ECA) con topologías opuestas, para las reglas (a) 250, (b) 110 y (c) 30 con $n = 15$ y $k = 3$. Un conjunto completo de árboles equivalentes se presenta en cada caso, junto con sus estados (hojas o nodos) inalcanzables. La topología varía en los tres conjuntos con una alta densidad de ramificación – escasa ramificación, dado por el número de nodos concentrados con algunas medidas, como son la densidad de hojas, la longitud de las transiciones y la distribución de profundidad (ancestros a un estado) pronosticada por el parámetro Z .

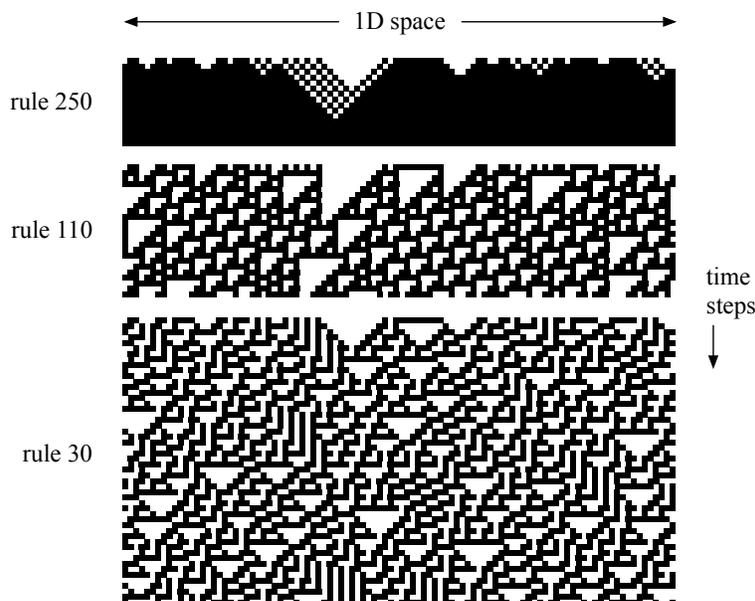


Figura 4: Aquí presentamos la producción de patrones espacio y tiempo en ECA de 1D para reglas de orden $k = 3$, desde la Fig. 3, se ilustran los comportamientos globales que presentan: orden, complejidad y caos, respectivamente. El tamaño del sistema es $n = 100$ con condiciones a la frontera. La misma condición inicial aleatoria es utilizada para las tres reglas. Un patrón espacio y tiempo es precisamente una ruta desde algún nodo seleccionado en el conjunto de atracción.

ser impredecible, de duración indefinida y limitada únicamente por el tamaño del espacio de evoluciones. Como sucede en la naturaleza estos CA complejos pueden ser descritos en un nivel ascendente – desde la “física” esencial, en la observación de las “leyes” de choques de partículas, en la descripción de interacciones complejas que resulta cada vez más importante – argumentado – en el “posible contiguo” de Kauffman [6]. Desde esta perspectiva, la complejidad de un sistema es el número descriptivo de sus niveles existenciales [12].

De esta manera surge la pregunta: ¿qué es la auto organización? Es generalmente aceptado que las reglas complejas son raras y ocurren en reglas de transición que se encuentran entre el orden y el caos [2] (Fig.10) – aunque para encontrarlas no es tan claro y simple. Una amplia variedad de reglas complejas se encuentran probablemente fuertemente relacionadas al descubrimiento de los principios generales de la auto organización. Podemos encontrar innumerables ejemplos de reglas complejas, utilizando como entrada su entropía para clasificarlas automáticamente en reglas con orden, complejas y caóticas [17, 10]. Las Figs. 5 y 6 ilustran el método (implementado en DDLab) que señala la entropía de Shannon dada la frecuencia de reglas entrantes, generando patrones

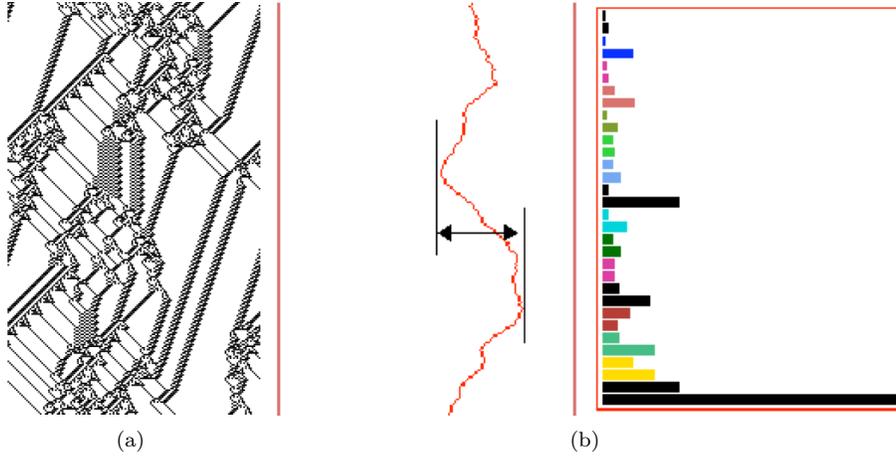


Figura 5: (a) Patrones espacio y tiempo en CA complejo de 1D con $n = 150$ evolucionando en 200 generaciones. (b) Ilustra una parte del histograma de frecuencias especificado en una ventana que representa 10 pasos de la evolución (gráfica izquierda). La gráfica central muestra el histograma calculando la entropía cambiante, su variabilidad otorga una posible medida para discriminar entre funciones con comportamientos globales ordenados, complejos y caóticos automáticamente. Una alta variabilidad relaciona fuertemente la presencia de dinámicas complejas.

en el espacio de evoluciones y la entropía variable¹ produciendo los siguientes resultados,

	ordenado	complejo	caos
entropía media	bajo	medio	alto
entropy variable	bajo	alto	bajo

Las reglas que son únicamente complejas tienen una alta entropía variable y pueden ser separadas – la entropía media separa el orden y el caos (Fig.6). La alta variabilidad relaciona la interacción de estructuras a gran escala, frecuentemente producidas por el choque de partículas porque los choques crean caos local que nos da la entropía misma, donde las partículas vuelven a emerger regulando la entropía.

La dinámica de partículas puede ser visto desde la perspectiva de un conjunto de atracción. Los estados desordenados, antes de que emerjan las partículas, están compuestos por las hojas con trayectorias cortas mientras que las trayectorias largas inducen la existencia de partículas que encuentran interactuando. Finalmente, las partículas finales o que sobreviven se encuentran en el atractor mismo.

¹La variabilidad es establecida como la desviación estándar o alternativamente, como el intervalo máximo entre un mínimo seguido de un máximo de entropía.

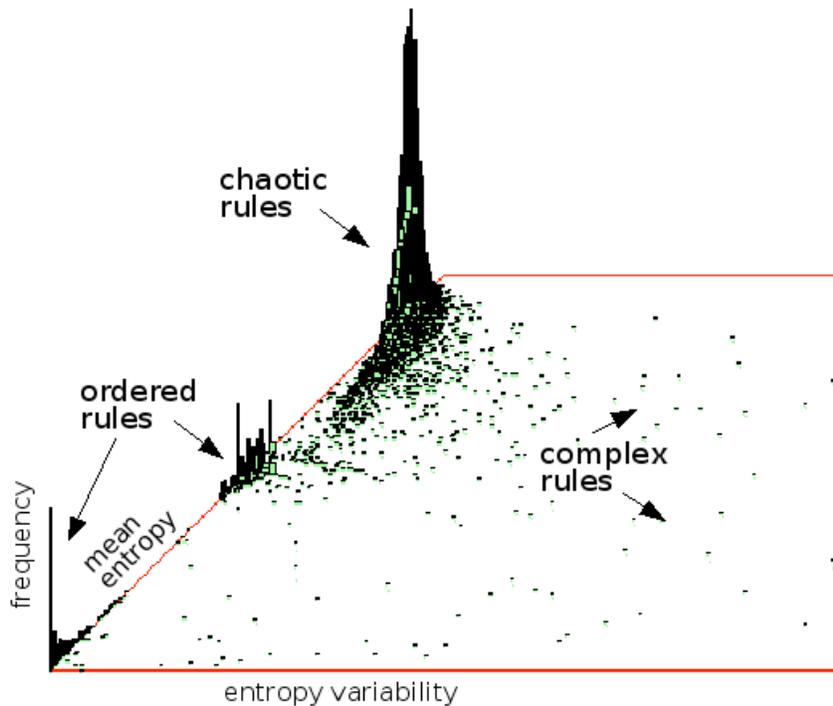


Figura 6: La presente gráfica de dispersión es calculada para 15,800 reglas de CA hexagonal, con parámetros ($v = 3, k = 6$), graficando la entropía media contra su entropía variable, que nos da como resultado la clasificación de reglas con comportamiento ordenado, complejo y caótico. La ordenada vertical representa la frecuencia de las reglas – la mayoría son caóticas. La gráfica de dispersión clasifica las reglas de evolución automáticamente.

3. Información oculta en sistemas caóticos

El estado y espacio, por definición, incluye cada posible pieza de la información codificada en el tamaño del arreglo celular de un CA – incluyendo sonetos de Shakespeare, copias de La Mona Lisa, la copia del pulgar, pero principalmente desordenado. Un CA organiza los estados tiempo en conjuntos de atracción donde cada estado tiene su lugar específico y donde los estados en la misma trayectoria están conectados por los estados del tiempo hacia adelante, de esta manera, el enunciado “el estado tiempo $B = A + x$ ” es plenamente justificado. Aunque su inversa, $A = B - x$ generalmente no lo es porque sus trayectorias viajan de regreso y deberá por lo tanto seleccionar correctamente la ramificación que debe de ser. Un punto importante son los estados que representan las hojas del atractor (estados globales sin ancestros), ya que para estos estados “ $-x$ ” el tiempo hacia atrás no existe.

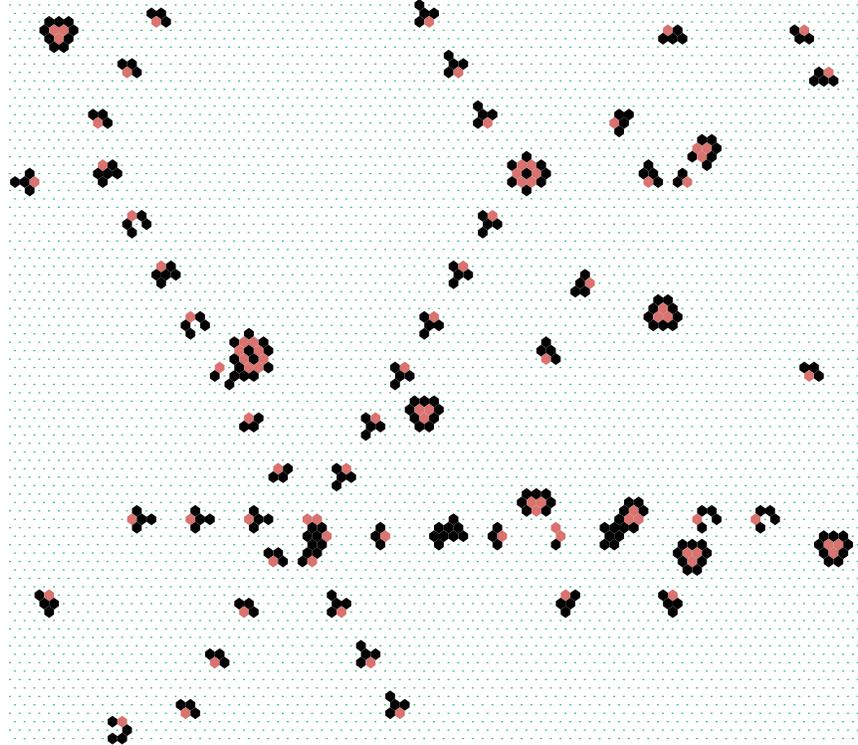


Figura 7: Presentamos un estado global del CA hexagonal 2D con tres estados, conocido como la regla espiral (spiral rule) [10], con parámetros $n = 88 \times 88$, $k = 7$. Esta regla presenta, particularmente, una interesante diversidad de estructuras complejas estáticas y con desplazamientos, emergiendo en su espacio de evoluciones, entre ellas tenemos: glider guns espirales, glider guns movibles, auto reproducción a través de choques de gliders. Los gliders se mueven orientados por la posición de la célula en color rojo.

En grados, la convergencia del flujo dinámico puede ser inferido desde la regla del mismo CA, a través del parámetro Z , la probabilidad de la siguiente célula desconocida, para un ancestro, es obtenida sin ambigüedad por su algoritmo CA inverso [11, 12, 17]. Esto es procesado en dos direcciones, con $Z_{izquierdo}$ y $Z_{derecho}$ para altos valores de Z . Ya que Z es llevada desde 0 hasta 1 con un cambio de dinámicas desde lo ordenado hasta los caóticos (Fig.10), con la densidad de sus hojas se obtiene una buena medida de su convergencia (decrementando) (Fig.3). Si el tamaño del sistema se incrementa entonces éste converge a reglas con orden y en un radio inferior converge a las reglas complejas, el restante es para las reglas caóticas que componen mucho del espacio de las reglas de evolución (Fig.11).

Sin embargo, existe una clase de máximo caos, reglas de “cadena”, donde

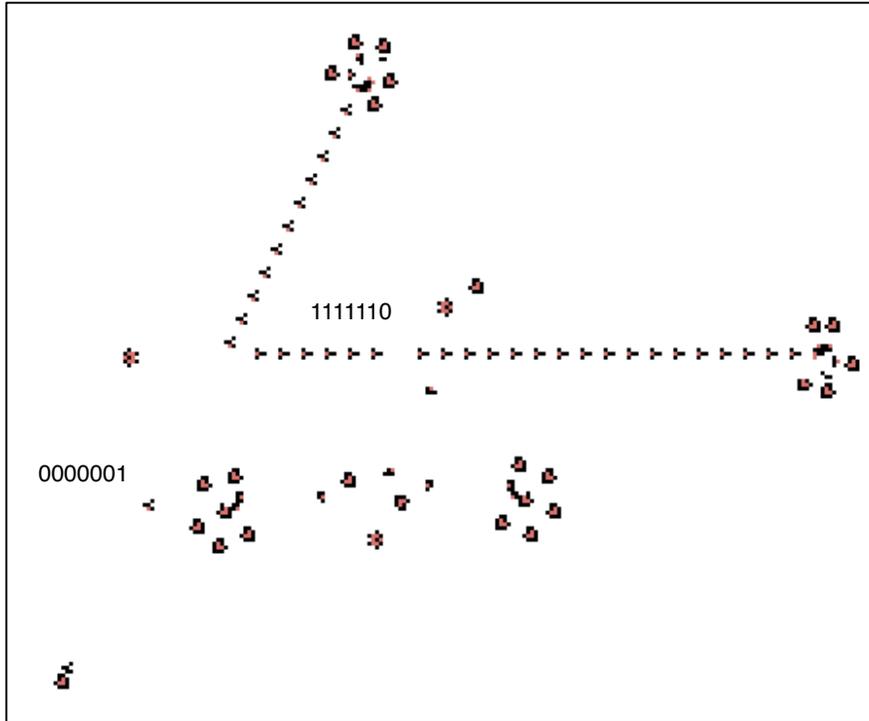


Figura 8: Una compuerta NOT es implementada en el 2D CA complejo, la regla espiral. Inspirado desde las construcciones en el Juego de la Vida, aquí se ilustra una condición inicial diseñada para producir una cadena binaria como entrada 1111110, ésta es transformada a través de una negación y produce continuamente la cadena de bits 0000001. Todas estas operaciones son realizadas desde la producción de partículas en glider gun, choques de gliders y sincronización. La simulación fue implementada en DDLab y diseñada por Genaro J. Martínez (21 de abril de 2008) http://www.youtube.com/watch?v=_bC5ucq_sKc.

$Z_{izquierdo} \text{ XOR } Z_{derecho}$ es igual a 1. La convergencia y densidad de hojas decrece con el tamaño de n (Fig.11). Cuando n se incrementa en grados ≥ 2 llega a ser menos probable y además decrece la densidad de hojas – en el límite (de un tamaño muy grande) ambas medidas se aproximan a cero (Fig.9). Para valores grandes de n y usos prácticos, las trayectorias están compuestas de largas cadenas de estados sin ramas (Fig.12), y esto es posible gracias a la unión de dos estados tanto hacia adelante como hacia atrás.

Supongamos que B es un estado con información y puede ser encriptado (Fig.12) iterando hacia atrás dada la función $A = B - x$ con el algoritmo inverso de un CA, que es especialmente eficiente para las reglas de cadena. Entonces A puede ser decodificado (Fig.13) ejecutando hacia adelante x pasos la regla adecuada, es decir, con la llave de encriptación. Acerca de la raíz cuadrada del

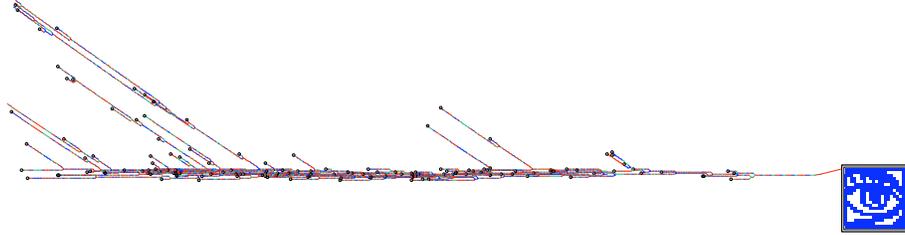


Figura 9: Mostramos el subárbol para un CA de 1D (regla de cadena) con $n = 400$. La raíz del árbol (el ojo) es ilustrado en 2D (20×20). Los iteraciones hacia atrás se detienen hasta los 500 pasos (como en la Fig. 12). El subárbol tiene 4,270 estados y la densidad tanto de las hojas como las ramificaciones es muy bajo (cerca de 0.03) – donde la máxima rama es igual a 2.

espacio de reglas binarias, ésta es compuesta de reglas de cadena, que pueden ser contruidas aleatoriamente para demostrar un gran número de llaves de encriptación. La Fig.13 ilustra la información transformada, el estado inicial contiene la información sin transformar mientras que los demás estados, antes y después son caóticos. Esto hace que el sistema salga y entre en caos, limitado únicamente por la “velocidad de la luz” de un 1D CA. Los métodos [20] están implementados en DDLab.

4. Memoria y aprendizaje

El campo de conjuntos de atracción (Fig.15) revela que el contenido de la memoria de contenido direccionable está presente en las redes dinámicas discretas y además muestra su composición exacta, donde la raíz de cada subárbol (también de cada atractor) clasifica todos los estados que fluyen dentro de él y si el estado raíz es un disparador a algún otro sistema, todos los estados en el subárbol podrían, en principio, ser reconocidos como corresponde a una entidad conceptual particular. Esta noción de memoria alejada del equilibrio [13, 14], es una extensión del trabajo de Hopfield [1] y otros conceptos clásicos de memoria en redes neuronales artificiales, que depende exclusivamente de los atractores.

Viendo la dinámica desde dentro de un atractor, ésta se encuentra precisamente de forma descendente y abre toda una jerarquía de subcategorías. Aprendiendo en este contexto, es un proceso de adaptación de las reglas y las conexiones en la red, para modificar subcategorías en el comportamiento requerido – modificando la fina estructura de subárboles y conjuntos de atracción.

Los CA clásicos no son sistemas ideales para implementar estos delicados cambios, porque se encuentran limitados a una regla universal y vecindad local, un *requisito* para el surgimiento de estructuras emergentes, y que limita seriamente su flexibilidad para establecer categorías. Por otra parte, la dinámica en CA tiene simetrías y jerarquías producto de sus condiciones a la frontera

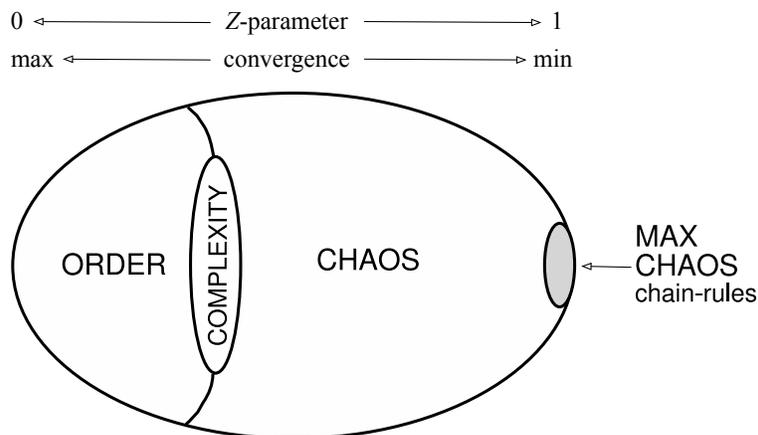


Figura 10: Una vista general del espacio de reglas (después de Langton[2], ya que Langton desconocía la existencia de las reglas de cadena). Ajustada al parámetro Z , de 0 a 1 cambia la dinámica desde la convergencia máxima hasta la mínima, desde orden hasta caos, atravesando la fase de transición donde se ubica la complejidad. Las reglas de cadenas, a la derecha, ilustran la región con máximo caos y muestran la mínima convergencia, decrementando con el tamaño del sistema y haciendo ellos ideales para la encriptación dinámica.

[11]. Sin embargo, los CA tienen un grado de estabilidad en su comportamiento cuando se mutan algunos bits en su regla – donde algunos bits son más sensibles que otros. La regla puede ser observada como el genotipo y su comportamiento (patrones espacio tiempo o conjuntos de atracción) como el fenotipo [11]. La Fig.14 ilustra la mutación de algunos CA campos de atracción.

Con las RBN y DDN existe más libertad para modificar sus reglas y conexiones que con los CA. Los algoritmos para el aprendizaje y la pérdida de aprendizaje fueron inventados e implementados en DDLab [13, 14, 15]. Los métodos designan ancestros a un estado objetivo para corregir una unión mal hecha entre el objetivo y el estado actual, cambiando bits en la reglas o cambiando conexiones. En los sitios afectados la generalización es evidente y los árboles de transiciones algunas veces son transplantados con la reasignación de ancestros.

4.1. Modelando redes neuronales

Ahora podemos establecer algunas conjeturas y especulaciones ¿Cuáles son las implicaciones de la memoria en el cerebro de los animales? La primera conjetura, quizás no tan contraversial, es que el cerebro es un sistema dinámico (no una computadora o una máquina de Turing), compuesto de la interacción de subredes. Segunda, el código neuronal es basado en patrones distribuidos y activados en subredes neuronales (no es la frecuencia de disparo de una neurona), donde cada disparo es sincronizado por muchos mecanismos posibles: fijación de

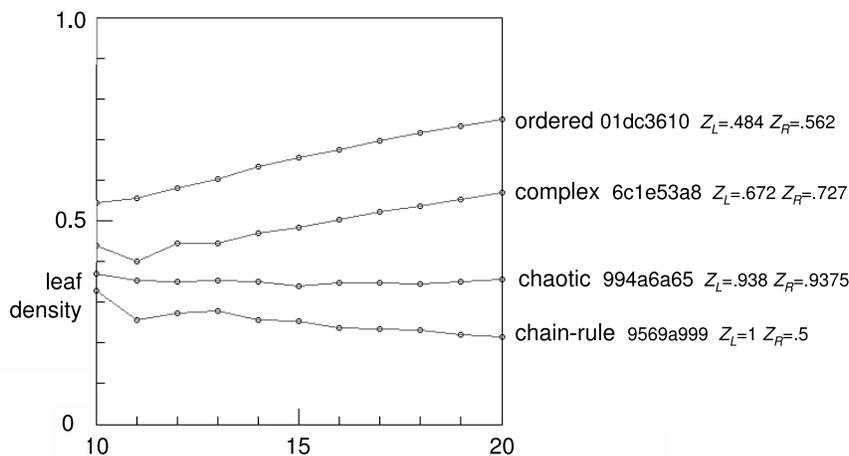


Figura 11: La densidad de las hojas (configuraciones Jardín del Edén) están graficadas con respecto al tamaño de n , para cuatro reglas típicas de CA, ilustrando la convergencia que es predicha por el parámetro Z . Únicamente, las reglas de cadena fuertemente caóticas muestran un decremento. Las medidas son realizadas desde los campos de conjuntos de atracción y consecuentemente para el espacio de evoluciones completo, parámetros $k = 5$, $n = 10$ hasta $n = 20$.

la fase, inter neuronas, uniones gap, nanotubos de la membrana, interacciones efáticas.

El comportamiento aprendido y la memoria trabajan por patrones de activación en subredes, seguido automáticamente con las subredes de los conjuntos de atracción. El reconocimiento es fácil porque el estado inicial es conocido. El hecho de recordar es lo realmente complicado, porque una asociación debe ser evocada para iniciar el flujo en el subárbol correcto.

En un nivel muy básico nos podemos preguntar. ¿Cómo podríamos hacer de un modelo DDN un remedio semiautónomo de neuronas en el cerebro cuya actividad es sincronizada? Esto sería un modelo basado en conexión de redes, donde un subconjunto de neuronas conectadas se conectaría entonces a una neurona dada. Entonces la regla lógica en una red elemental, que podría ser reemplazada por un circuito (como árbol) combinatorial equivalente, modela la lógica ejecutada por el micro circuito sináptico de un árbol de neuronas dendríticas, determinando si o no debería de disparar en el siguiente tiempo. Esto es más complejo que el umbral de la función en redes neuronales artificiales. El aprendizaje evoluciona cambios en el árbol dendrítico, o más radicadamente, los axones pueden alcanzar a conectar (o desconectar) neuronas fuera del subconjunto actual.

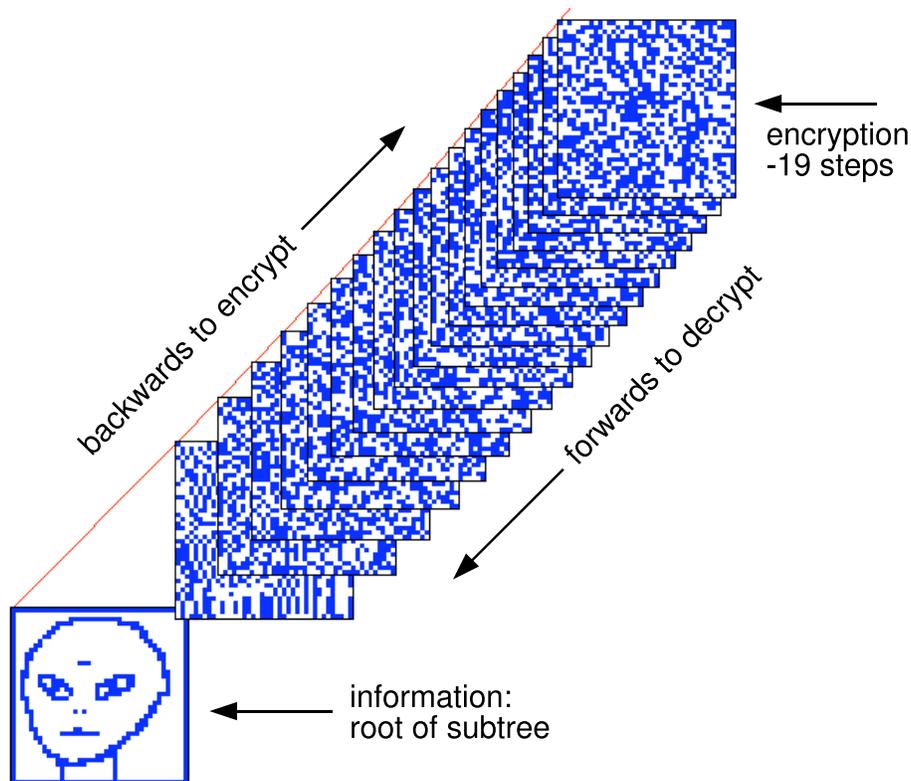


Figura 12: Mostramos un subárbol de un CA en 1D con $k = 7$ encriptando desde la raíz a un “alien”, aquí se muestra la construcción del patrón en 1D a 2D ($n = 1600, 40 \times 40$) y que puede ser representado además en ASCII o algún otro formato de información. Las iteraciones hacia atrás se detienen hasta los 19 pasos.

4.2. Modelando redes regulatorias genéticas

Los diversos tipos de células en organismos multicelulares, como los músculos, cerebro, piel, hígado y demás (cerca de 210 organismos dentro de los humanos), tienen el mismo ADN y el mismo conjunto de genes. Los diferentes tipos se derivan desde diferentes patrones dada las expresiones de los genes. Por lo que surge la pregunta ¿Cómo hacer que los patrones conserven su identidad? ¿Cómo hacer que la célula recuerde qué es lo que contenía?

Es bien conocido en biología, que existe una red regulatoria genética donde los genes regulan cualquier otra actividad con proteínas regulatorias [9]. Un tipo de célula depende de su subconjunto particular de genes activos, donde cada patrón derivado de la expresión del gen necesita ser estable y además adaptable. Algunos biólogos celulares que no se encuentran familiarizados con los sistemas

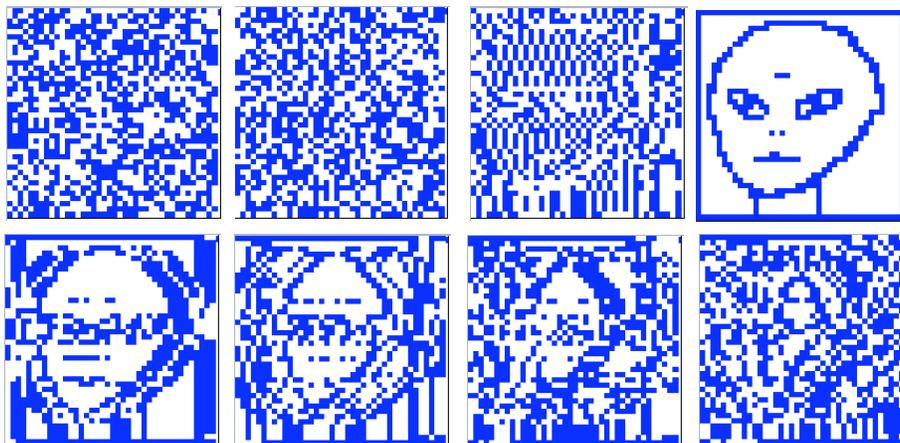


Figura 13: Para descifrarlo, empezamos desde el estado en que se quedó encriptado en la Fig. 12 y ejecutamos la misma regla hacia adelante 19 pasos. Esta figura ilustra las -3 hasta $+6$ iteraciones del espacio celular, donde podemos ver como la cara del “alien” se pierde antes y después del tiempo 0.

complejos, encuentran las ideas de Kauffman contraversiales [4, 5], donde una red regulatoria genética es un sistema dinámico donde los tipos de células son atractores, y que además él modeló con RBN. Aunque esta aproximación tiene un tremendo poder explicativo y difícil de verlo como una alternativa plausible [16].

Un gen es regulado por proteínas desde otros genes, que además debe incluir al mismo gen. En un nivel molecular, una combinación de proteínas regulatorias vincula a una secuencia promotora, que cambia el estado del gen en ON (ENCENDIDO) y OFF (APAGADO). En un nivel macro, éste determina el radio en que el gen transcribe ARN para producir su proteína específica, que puede ser medida a través de un análisis de micro arreglos.

En el modelo de Kauffman basado en RBN, un estado del gen está ENCENDIDO o APAGADO y sus conexiones son los conjuntos de genes que conservan sus proteínas regulatorias. Su regla (función booleana) representa como las proteínas se combinan en el sitio de enlace para determinar el estado del gen. Kauffman trabajó su modelo desde numerosos estados iniciales para identificar los principales atractores – la longitud de la trayectoria y el volumen del conjunto pueden ser determinados estadísticamente, un método además implementado en DDLab y útil para largos sistemas ordenados.² Los resultados demostraron que el número de entradas, k , fueron una clave variable para el número de atractores [5]. Esta aproximación enfatiza el balance de las dinámicas orden/caos, que dependen de k o alternativamente canalizando entradas, en una diagonal para

²Los atractores caóticos son difíciles de encontrar con este método porque las trayectorias y los atractores llegan a ser muy largos para ser identificados.

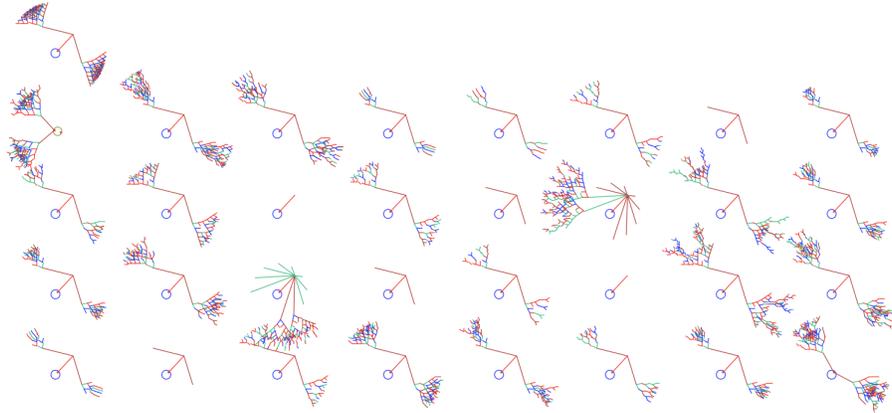
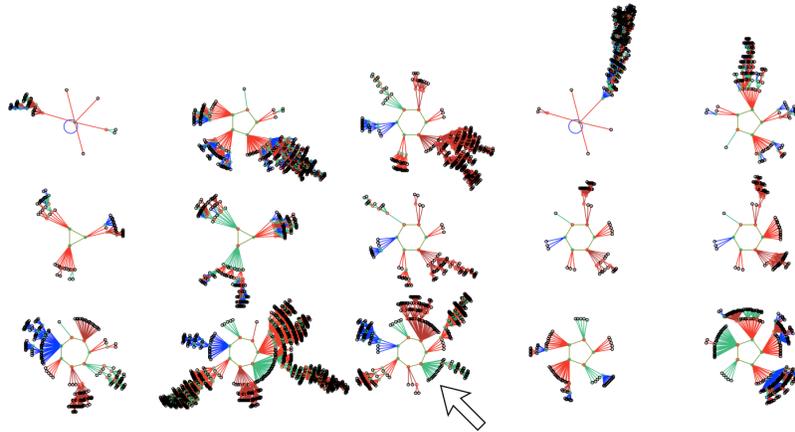


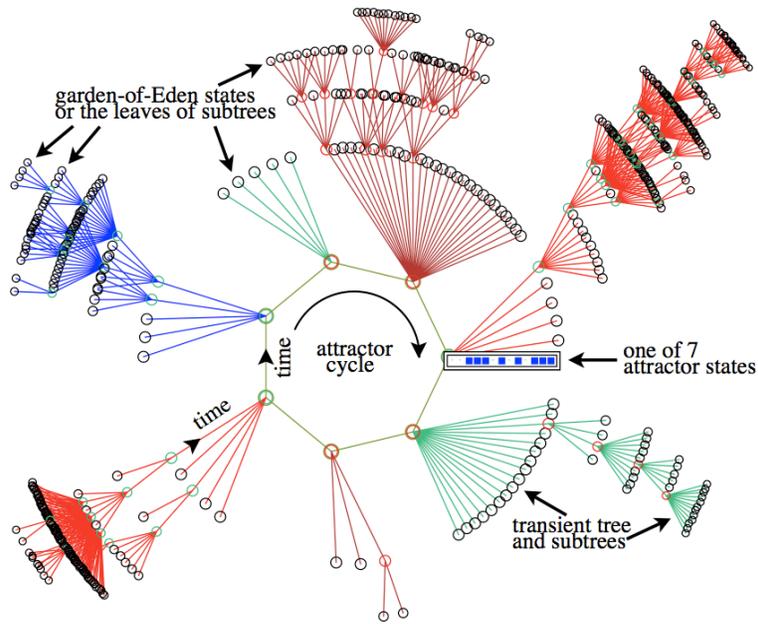
Figura 14: Mutaciones de conjuntos de atracción para $v = 2$, $k = 3$, ECA regla 60 ($n = 8$). En la parte superior izquierda se ilustra la regla original, donde todos los estados caen en un conjunto regular base. Entonces la regla es transformada, primero, por su regla equivalente $k = 5$ (f00ff00f en notación hexadecimal), con 32 bits en su tabla. Todas las 32 mutaciones son calculadas. Si la regla es el genotipo entonces el conjunto de atracción puede ser visto como el fenotipo.

valores mayores que k inducen orden [3]. Las medidas para orden/caos incluyen: la gráfica de Derrida, extensión de daños, genes congelados y distribución de atractores. La localidad de conexiones aleatorias reduciendo la extensión de conexiones cuando la red es presentada en un arreglo regular, además induce orden [15]. El nuevo método procesa conjuntos de atracción de RBN con todos los detalles [13], otorgando más profundidad al modelo [9, 3].

En un tipo de célula, el patrón derivado de la expresión del gen, pueden ser vistos como patrones (patrones en el espacio y tiempo), un gen en particular puede pasar por algunos largos intervalos de su tiempo APAGADO (congelado) o repentinamente alterado. Pero si varios genes están cambiando rápidamente (dinámica caótica) entonces la célula deberá estar inestable. Inversamente, si varios genes están congelados entonces la célula deberá estar demasiado estable para su comportamiento adaptativo. Las células necesitan constantemente adaptarse a sus patrones de expresión de genes, como una respuesta a factores de crecimiento/diferenciación, inter celulares y otras señales luego reviertan a su dinámica usual. Un tipo de célula es probablemente un conjunto de patrón de expresión de gen, estrechamente vinculado y no solo en los atractores, sino que cambia en su entorno con el conjunto de atracción, permitiendo de esta manera una medida esencial de flexibilidad en su comportamiento. Aunque también, demasiada flexibilidad debe permitir una perturbación para mover la dinámica a un conjunto de atracción diferente, desde una célula del hueso hasta una célula de la grasa o en alguna célula extraña – una célula cancerosa.



(a)



(b)

Figura 15: En (a) se ilustra el campo del conjunto de atracción de una red booleana aleatoria (RBN), $k = 3$, $n = 13$. Los $2^{13} = 8,192$ estados están organizados en 15 conjuntos con periodos de atracción que van de 1 a 7 y con un volumen entre 68 y 2,724. En (b) se presenta en detalle un conjunto de atracción, como configuraciones de bits (flecha de arriba indicada en (a)) con 604 estados de los cuales 523 son hojas y el atractor es de periodo igual a 7. La dirección del tiempo es hacia dentro del atractor y con orientación al sentido de las manecillas del reloj.

El modelo indica que la evolución ha alcanzado a un delicado balance entre orden y caos – aunque con inclinación hacia una convergencia creciente y ordenada [3]. La estabilidad de los atractores a perturbaciones pueden ser analizadas por la gráfica de salto (jump-graph) (Fig.16), que permite ilustrar la probabilidad de saltar entre conjuntos de bits perdidos (bit-flips) a los estados atractores [18]. Estos métodos están implementados in DDLab y generalizados para los DDN, donde los valores de v pueden ser mayores que 2 (binario) y un gen puede ser fraccionado como un simple estado ON/OFF.

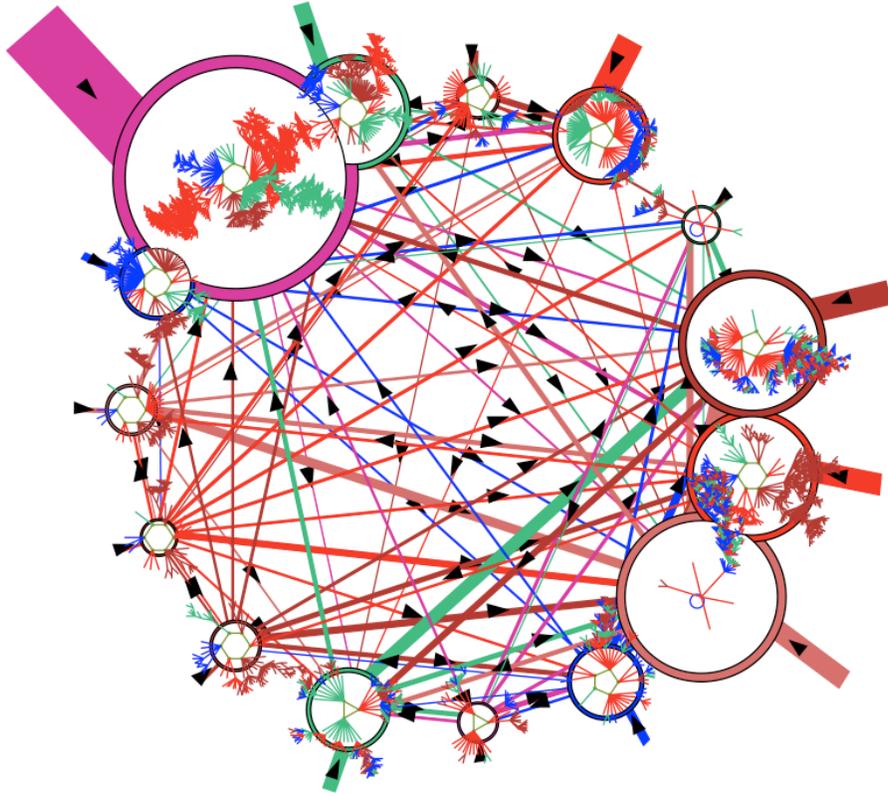


Figura 16: La gráfica de salto (jump-graph) (de la RBN de la Fig. 15) muestra la probabilidad de cambiar entre conjuntos de atracción, cambiando una célula en el estado desde 0 a 1 o de 1 a 0. Los nodos representan los conjuntos que están representados a escala de acuerdo al número de estados en el conjunto (volumen del conjunto). Las aristas están a escala de acuerdo a dos conjuntos: el volumen y la probabilidad de salto. De esta manera, las flechas indican la dirección del salto y las flechas cortas representan una auto conexión (self-jumps); los saltos que regresan al conjunto padre indican el grado de estabilidad, es decir, donde existe más estabilidad por casualidad. El conjunto de atracción relevante es dibujado dentro de cada nodo.

Un cambio reciente en el modelo del problema inverso, es la inferencia de una arquitectura basada en redes desde la información de patrones en el espacio de evoluciones. Esto es aplicado a la inferencia de redes regulatorias genéticas reales, desde la dinámica observada en la expresión de genes [3].

5. Conclusiones

El artículo presenta una revisión acerca de una variedad de redes dinámicas discretas, donde el conocimiento desde sus conjuntos de atracción nos ofrece un novedoso entendimiento y algunas aplicaciones: en la dinámica de partículas de CA complejo y en la auto organización; en CA más caótico (reglas de cadena) donde la información puede encontrarse oculta y recuperada desde un umbral de caos; y en el caso de las redes booleanas aleatorias y redes multi-valor aleatorias, que son aplicadas a modelos de redes naturales y genéticas en biología. Sin embargo, varias líneas de investigación permanecen abiertas (en sistemas dinámicos discretos), debemos ver el mérito que es pensar acerca de ellos en la perspectiva de los conjuntos de atracción.

6. Manual y software para DDLab

Los resultados obtenidos y graficados en el presente artículo, así como las simulaciones y experimentos descritos, fueron realizados con el software (de código abierto) “Discrete Dynamics Laboratory” (DDLab)[19]. La reciente versión de DDLab y la reciente edición del manual “Exploring Discrete Dynamics” [22] se encuentran disponibles desde <http://www.ddlab.org/>.

Referencias

- [Note] Referencias y más publicaciones de A. Wuensche, se encuentran disponibles en <http://www.cogs.susx.ac.uk/users/andywu/publications.html>.
- [1] Hopfield, J.J. (1982) Neural networks and physical systems with emergent collective abilities, *Proceeding of the National Academy of Sciences* **79** 2554–2558.
 - [2] Langton, C.G. (1990) Computation at the edge of chaos: Phase transitions and emergent computation, *Physica D* **42** 12–37.
 - [3] Harris, S.E., Sawhill, B.K., Wuensche, A., & Kauffman S.A. (2002) A Model of Transcriptional Regulatory Networks Based on Biases in the Observed Regulation Rules, *Complexity* **7(4)** 23–40.
 - [4] Kauffman, S.A. (1969) Metabolic Stability and Epigenesis in Randomly Constructed Genetic Nets, *Theoretical Biology* **22(3)** 439–467.

- [5] Kauffman, S.A. (1993) *The Origins of Order*, Oxford University Press.
- [6] Kauffman, S.A. (2000) *Investigations*, Oxford University Press.
- [7] Martínez, G.J., Adamatzky, A., Seck-Tuoh-Mora, J.C., & Alonso-Sanz, R. (2010) How to make dull cellular automata complex by adding memory: Rule 126 case study, *Complexity* **15(6)** 34–49.
- [8] Martínez, G.J., Adamatzky, A., Stephens, C.R., & Hoefflich, A.F. (2011) Cellular automaton supercolliders, *International Journal of Modern Physics C* **22(4)** 419–439.
- [9] Somogyi, R. & Sniegoski, C.A. (1996) Modeling the complexity of genetic networks: understanding multigene and pleiotropic regulation, *Complexity* **1** 45–63.
- [10] Wuensche, A. & Adamatzky, A. (2006) On spiral glider-guns in hexagonal cellular automata: activator-inhibitor paradigm, *International Journal of Modern Physics C* **17(7)** 1009–1026.
- [11] Wuensche, A. & Lesser, M.J. (1992) *The Global Dynamics of Cellular Automata; An Atlas of Basin of Attraction Fields of One-Dimensional Cellular Automata*, Santa Fe Institute Studies in the Sciences of Complexity, Addison-Wesley, Reading, MA.
- [12] Wuensche, A. (1994) Complexity in 1D cellular automata; Gliders, basins of attraction and the Z parameter, Santa Fe Institute *Working Paper* 94-04-025.
- [13] Wuensche, A. (1994) The ghost in the machine: Basin of attraction fields of random Boolean networks. In: *Artificial Life III*, Langton, C.G. (ed.), Addison-Wesley, Reading, MA, 496–501.
- [14] Wuensche, A. (1996) The Emergence of Memory: Categorisation Far From Equilibrium, In: *Towards a Science of Consciousness: The First Tuscon Discussions and Debates*, Hameroff, S.R., Kaszniak, A.W., & Scott, A.C. (eds.), MIT Press, Cambridge, MA, 383–392.
- [15] Wuensche, A. (1997) “Attractor basins of discrete networks: Implications on self-organisation and memory”, Cognitive Science Research Paper 461, *DPhil Thesis*, University of Sussex.
- [16] Wuensche, A. (1998) Genomic Regulation Modeled as a Network with Basins of Attraction, *Proceedings of the 1998 Pacific Symposium on Biocomputing*, World Scientific, Singapore.
- [17] Wuensche, A. (1999) Classifying cellular automata automatically; finding gliders, filtering, and relating space-time patterns, attractor basins, and the Z parameter, *Complexity* **4(3)** 47–66.

- [18] Wuensche, A. (2004) Basins of Attraction in Network Dynamics: A Conceptual Framework for Biomolecular Networks, In *Modularity in Development and Evolution*, G. Schlosser & G.P. Wagner (eds.), Chicago University Press, chapter 13, 288–311.
- [19] Wuensche, A., “Discrete Dynamics Lab” (DDLab), software for investigating discrete dynamical networks, <http://www.ddlab.org/>, 1993–2009.
- [20] Wuensche, A. (2009) Cellular Automata Encryption: The Reverse Algorithm, *Z-Parameter and Chain Rules*, *Parallel Processing Letters* **19(2)** 283–297.
- [21] Wuensche, A. (2010) Complex and Chaotic Dynamics, Basins of Attraction, and Memory in Discrete Networks”, *Acta Physica Polonica B* **3(2)** 463–478.
- [22] Wuensche, A. (2011) *Exploring Discrete Dynamics; The DDLab Manual*, Luniver Press, UK.