

135
de



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

ITERACIONES, DESARROLLO Y DIVERSIDAD.
(PROPUESTAS DE MATEMATIZACIÓN EN
BIOLOGIA)

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

B I O L O G O

P R E S E N T A

GERARDO RIVAS LECHUGA



MEXICO, D. F.

AGOSTO DE 1995

FALLA DE ORIGEN

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



UNIVERSIDAD NACIONAL
AUTÓNOMA DE
MÉXICO

M. en C. Virginia Abrín Batule
Jefe de la División de Estudios Profesionales de la
Facultad de Ciencias
Presente

Comunicamos a usted que hemos revisado el trabajo de Tesis:

ITERACIONES, DESARROLLO Y DIVERSIDAD. (PROPUESTAS DE MATEMATIZACIÓN EN BIOLOGIA)

realizado por GERARDO RIVAS LECHUGA

con número de cuenta 8723546-9 , pasante de la carrera de BIOLOGIA

Dicho trabajo cuenta con nuestro voto aprobatorio.

Atentamente

Director de Tesis	M. en C. GUILLERMO GOMEZ ALCARAZ	
Propietario		
Propietario	Dr. JORGE GONZALEZ GONZALEZ	
Propietario	Dra. DENI CLAUDIA RODRIGUEZ VARGAS	
Suplente	Dra. CLAUDIA MARIA DE LA CIENCIA VIDES	
Suplente	M. en C. MARIA DE LOURDES ESTEVA PERALTA	

Consejo Departamental de Biología

M. en C. ALEJANDRO MARTINEZ MENA
COORDINACION GENERAL
DE BIOLOGIA

**ITERACIONES, DESARROLLO Y
DIVERSIDAD.
(PROPUESTAS DE
MATEMATIZACIÓN EN BIOLOGÍA)**

Contenido

1	Introducción. Las Propuestas de Matematización en Biología	1
2	Análisis de modelos de crecimiento a partir de iteración de funciones.	8
	Modelos de crecimiento poblacional.	8
	Modelo de Malthus.	8
	Concepto de funciones iteradas.	11
	Dinámica del modelo de Malthus.	12
	Uso del Programa DERIVE.	18
	Modelo de Von Bertalanffy.	19
	Dinámica del modelo de Bertalanffy.	21
	Modelo de Verhulst o Logístico.	22
	Modelos de interacción para dos especies.	25
3	Aplicación de los sistemas Lindenmayer en Botánica.	27
	Simulación y arquitectura.	27
	Los sistemas Lindenmayer.	27
	Un ejemplo con la Curva de Koch.	29
	Simulación de diferentes tipos de crecimiento en plantas.	36
	Simulación del crecimiento clonal de <i>Bostrychia radicans</i>	38
	Primera alternativa simulación.	39
	Segunda alternativa de simulación.	43
	Dimensión fractal de <i>Bostrychia radicans</i>	48
	Simulación del crecimiento clonal de <i>Bostrychia calliptera</i>	51
4	Aspectos matemáticos en biología del desarrollo animal.	57
	Morfología y Sistemática Animal.	57
	Biología del desarrollo en animales.	61
	Patrones de segmentación.	63
	Simulación de patrones de segmentación.	65
	Sistemas-L en la simulación de la segmentación.	66
	Sistemas-L bidimensionales.	66
	Sistemas-L tridimensionales.	67
	Programa en sistemas-L de la segmentación holoblástica radial.	68
	Simulación en el Programa EVOLVER	69
	Aspectos matemáticos de la forma biológica.	82
	Estructura celular de la forma biológica.	86
	Tipos de tejidos biológicos.	89
	Superficies mínimas.	90

5	Matematización de conceptos biológicos a partir de la Teoría de invariantes.	96
	Un ejemplo con lugares geométricos.	96
	La geometría a partir de las nociones de invariante y grupo.	97
	Entidades y unidades en el ámbito ontológico-epistemológico.	99
	El concepto de Diversidad en Biología.	102
	Variables aleatorias en la simulación de unidades de conocimiento.	103
	Medidas de dispersión de una variable aleatoria.	108
	Diversidad de una variable aleatoria.	112
	Diversidad y unidades particulares del conocimiento.	114
	Glosario de confrontación.	116
	Variable aleatoria.	116
	Atributo.	117
	Variable aleatoria vectorial.	117
	Esperanza matemática.	117
	Conclusiones y Perspectivas.	117
	Soluciones de los modelos de crecimiento poblacional.	123
	Modelo de Malthus.	123
	Modelo de Von Bertalanffy.	124
	Modelo Logístico.	125
	Gramáticas de Chomsky.	127
	Estimación de parámetros por mínimos cuadrados.	128
	Definición de Variedad n-dimensional.	131
	Programas en EVOLVER para los patrones de segmentación.	131
	Construcción del Catenoide.	145

P R E F A C I O

El desarrollo y conformación de la Biomatemática como disciplina científica, ha sido menos significativo, en comparación con otras áreas interdisciplinarias como es el caso de la Biofísica o bien de la Bioquímica.

Una de las causas más factibles de lo anterior, es la problemática de la concepción y estudio de la Matemática misma, que al utilizarla como una simple herramienta, se descarta frecuentemente su filosofía y el papel que puede desempeñar en el proceso del conocimiento.

Tradicionalmente se concibe dentro de la Biomatemática a aquellos procedimientos y artificios matemáticos aplicados a una previa reducción del fenómeno biológico a un proceso físico, por ejemplo el interpretar a la célula a partir de potenciales de acción, como un sistema termodinámico o bien como un sistema de cinéticas químicas; este tipo de matemática corresponde generalmente al Cálculo Diferencial e Integral o bien las Ecuaciones Diferenciales que históricamente se han desarrollado paralelamente con la Física.

Recientemente se ha tratado de entender a la Biomatemática no como una disciplina reduccionista, diversas escuelas han propuesto otras alternativas a las clásicas.

Por todo lo mencionado anteriormente surge la inquietud de emplear un tipo de Biomatemática que permita tener un panorama más amplio y acorde a las necesidades de la Biología.

Asimismo la finalidad del presente trabajo es proponer otras alternativas de matematización en Biología, desde un punto de vista didáctico, epistemológico y también de la simulación.

El presente trabajo está estructurado en cinco capítulos. El primero, a manera de introducción, es el planteamiento general del trabajo como una serie de propuestas de matematización en Biología en los ámbitos ontológico, epistemológico y metodológico.

El segundo capítulo es una visión general del uso de las funciones iteradas como instrumento de modelación en ecología de poblaciones. Asimismo el tercer capítulo toma también el concepto de iteración para la simulación de la morfología y crecimiento en vegetales, dichos capítulos son el resultado de las experiencias de los cursos de Matemáticas Generales para Biólogos en la Facultad de Ciencias, UNAM y del trabajo interdisciplinario con personal del Laboratorio de Fisiología

de la misma institución.

El cuarto capítulo es una serie de ideas para el estudio de la Biología del Desarrollo a partir de una instrumentación matemática no clásica, además, de establecer modalidades de simulación para la etapa de la segmentación; de igual forma se establecen líneas abiertas de investigación en estas áreas

El quinto capítulo confronta por un lado una teoría del conocimiento (Teoría de los Procesos Alterados, González-González, 1992) útil en el procesamiento integral del conocimiento biológico, y por otro lado una Teoría unificadora de la conceptualización de los distintos tipos de geometrías (Teoría de Invariantes, F. Klein, 1872). De esta interrelación se introduce una propuesta de matematizar conceptos biológicos y en especial se toma como ejemplo el concepto de diversidad.

El autor agradece al personal del Laboratorio de Visualización de Imágenes y Objetos Geométricos del Departamento de Matemáticas de la Facultad de Ciencias de la UNAM, donde fue realizado el presente trabajo, en especial a José Luis Torres, Héctor Miguel Cejudo y Ruslán Gómez por la asesoría y ayuda en la realización de los programas y de las visualizaciones, y desde luego a Guillermo Gómez Alcaraz por su valiosa asesoría.

Capítulo 1

Introducción. Las Propuestas de Matematzización en Biología

Usualmente todo trabajo como científico, debe estructurarse dentro de la propuesta del Método Científico.

Dicho método a servido como punto de referencia para realizar, y en muchas ocasiones para evaluar, las actividades que desempeñan los científicos. Además didácticamente ha sido un marco contextual importante en la enseñanza de las ciencias y por lo tanto seguir los pasos de dicho método garantiza que la investigación que uno realiza tiene la categoría de un trabajo científico.

Lo anterior es una idea que gracias a la formación que recibimos en el bachillerato y en la licenciatura nos facilita un mundo de cosas, pero a su vez nos lleva a contradicciones que consisten en no poder colocar o valorar el trabajo desarrollado dentro de los esquemas del Método científico, como es el caso del presente trabajo.

Podría sugerirse de antemano la falta de experimentación, parte fundamental en dicho método, pero se tiene que considerar que la gran mayoría del trabajo que se hace en Biología no necesariamente corresponde a áreas como la Bioquímica o la Fisiología donde es muy frecuente el uso de la experimentación, sino que existe la Taxonomía, la Evolución, la Biogeografía donde dicha experimentación no necesariamente se lleva a cabo; además en este trabajo de tesis la parte de las simulaciones llevan implícitamente la parte experimental en computadoras.

Lo anterior conlleva a plantear el verdadero significado de experimento, el significado que tiene el método, y desde luego lo que representa el quehacer científico.

El quehacer científico es una práctica y una actividad social, es también, el criterio de alteración que sufren los objetos de estudio, es lo que convierte a un proceso transformado en un proceso alterado??.

Es difícil definir la ciencia la por su naturaleza, sin embargo, una caracterización lógica es posible a partir del objeto de estudio, a las intenciones y a la metodologías empleadas en dicho estudio.

La Biología bajo esta concepción es un conjunto de disciplinas científicas, entendiéndose por una disciplina científica a la sectorización de la ciencia con base a los criterios antes mencionados, es decir, una disciplina esta delimitada por el *objeto de estudio*, por las *intenciones* y por las *metodologías*.

Estos elementos son *nociones* concretas del quehacer o praxis científica, sin embargo el *objeto* de estudio está inmerso en un ámbito donde la concepción de la entidad a trabajar es fundamental; la *intención* se encuentra en un ámbito donde existe la vinculación entre el objeto de estudio, la concepción de este y la praxis, finalmente las metodologías es el conjunto de procedimientos específicos inmersos en un ámbito distinto a los anteriores pero que están íntimamente relacionados.

Los tres ámbitos o universos a los que se refiere el párrafo anterior son: el *ontológico*, el *epistemológico* y el *metodológico* respectivamente y son a su vez los marcos de referencia para la concepción de los *proyectos de investigación*.

Asimismo los proyectos de investigación deben concebirse a partir de tres contextos: de las nociones (concreto), de los conceptos (pseudconcreto) y de las categorías (abstracto), conformando así el siguiente esquemas.

	Ontológico	Epistemológico	Metológico
Abstracto			
Pseudoconcreto			
Concreto			

Los componentes que quedarían en dicho cuadro son los elementos que integran a un proyecto de investigación:

	Ontológico	Epistemológico	Metodológico
Abs.	concepción de la realidad	incremento de significado	concepción del método
Psei.	construcción	confrontación	innovación
Conc.	objeto	intención	procedimientos

Aquí la confrontación toma un papel muy importante ya que en esta etapa es donde se conforman los modelos y patrones; se describe, explica y predice la transformación de entidades en los distintos espacios-tiempos (eventos). es decir, la confrontación es el elemento que caracteriza a las disciplinas científicas, ya que el ser "científica" no se lo da la búsqueda de consensos sino la confrontación como

método, como intención y como concepción.

Cabe mencionar que un proyecto de investigación no está asignado a una única disciplina, de hecho puede ser *interdisciplinario*, es decir, con objeto de estudio común o *multidisciplinario*, o sea, con intenciones comunes.

El caso particular de este trabajo, es un ejemplo de trabajo interdisciplinario y multidisciplinario a la vez con los siguientes elementos:

	ONTOLÓGICO	EPISTEMOLÓGICO	METODOLÓGICO
A B S T R A C T O	Concepción de los procesos biológicos como procesos alterados y transformados por el conocimiento. Elaboración de unidades de conocimiento como instrumento epistemológico. Matematización de dichos procesos y realidades como una alternativa paralela de conocimiento.	La modelación de los tipos de crecimiento son susceptibles de analizarse y concebirse con ideas análogas en sistemas dinámicos discretos. La morfología animal a través de su desarrollo es posible interpretarla con diversas orientaciones de la geometría de variedades bidimensionales, desde las superficies mínimas hasta invariantes topológicos. Las unidades de conocimiento generadas a partir de la concepción de Ficoflora Dinámica se pueden interpretar como modalidades de variables aleatorias asimismo la conformación de la Diversidad como un tipo de geometría.	La matematización de conceptos y principios biológicos a como vínculo de continua confrontación en ambas áreas del conocimiento pasando de una a otra y viceversa

	ONTOLÓGICO	EPISTEMOLÓGICO	METODOLÓGICO
P S E U D O C O N C R E T O	Las reglas de crecimiento en los modelos arquitectónicos y en patrones de segmentación son reglas gramaticales de un sistema de reescritura en paralelo. Los comportamientos en velocidades de crecimiento y organismos están dados por la estabilidad y periodicidad en los puntos de sus dinámicas	Las simulaciones son prácticas en un contexto didáctico y como aproximación a la realidad es buena ya que son susceptibles a modificarse para mejoras. En la interpretación de la morfología y desarrollo animal, es necesario un mejor estudio para encontrar mejores transformaciones geométricas. La Diversidad vista como un tipo de Geometría resulta un buen ejemplo de matematización en un ámbito teórico epistemológico pero resulta muy impráctico en un contexto metodológico.	Nuevas alternativas en la enseñanza de las matemáticas para Biólogos en temas de: -modelación, simulación, ecuaciones en diferencias, álgebra, geometría, programación y probabilidad Perspectivas de investigación en áreas como: -taxonomía, sistemática y clasificación. -complejidad morfológica y ecofisiología. -biología del desarrollo animal y vegetal. -biología computacional. -epistemología de la biomatemática.

	ONTOLÓGICO	EPISTEMOLÓGICO	METODOLÓGICO
C O N C R E T O	Procesos biológicos que no han sido transformados por el conocimiento: desarrollo ontogenético y el conjunto de diferentes manifestaciones de los seres vivos	Implementación de propuestas de matematización de conceptos y principios biológicos con fines didácticos y de investigación inter y multidisciplinaria. Realización de simulaciones a partir de la idea de iteración y sistemas dinámicos discretos y con la ayuda de paquetes computacionales.	Uso de paquetes computacionales en: -cálculo de órbitas bajo funciones iteradas -representación gráfica de órbitas -representaciones tipo de sistemas-L -ilustración de iteraciones en sistemas-L -representación y procesamiento de objetos a partir de listados de vértices, caras y aristas -iteración de superficies en espacios tridimensionales -visualización y animación de objetos Análisis e interrelación de los siguientes conceptos biológicos y matemáticos: -crecimiento, interacción, morfología, arquitectura, desarrollo, segmentación, diversidad, biota, IOPE, unidades merísticas, hápticas y holísticas. -relación, función, funcional, iteración, órbita, superficie, variedad, variable aleatoria e invariante

En el presente trabajo la finalidad es elaborar propuestas de matematización a partir de tres distintos enfoques, utilizando los conceptos de *iteración* en Matemáticas y de *desarrollo* y *diversidad* en Biología.

Dichas propuestas de matematización además de servir como alternativas didácticas en la enseñanza de las matemáticas para Biólogos, pretenden construir entre la matemática y la Biología un continuo vínculo de confrontación, el cual está ubicado en un ámbito *epistemológico* y con un criterio de análisis *pseudocónceto*.

En la confrontación de ambas áreas del conocimiento se deben considerar tanto sus fundamentos y principios como sus metodologías y procedimientos. De aquí la importancia de utilizar a las matemáticas como un medio de razonamiento, susceptible de generar un mayor conocimiento y no solo la obtención de valores numéricos "estáticos" o resultados establecidos por reglas de decisión utilizadas en inferencia estadística.

De igual manera es importante considerar en los procesos biológicos su contextualización y delimitación como *nociones*, como *conceptos* y como *categorías* que a su vez corresponden a los criterios de análisis abstracto, pseudocónceto y concreto respectivamente.

Metodológicamente la matematización debe concebirse como el "paso" de la Biología a la Matemática y viceversa, es decir, que una vez establecido el objeto de estudio, en este caso cualquier proceso biológico, debe decidirse el tipo de matemática a emplear en dicha matematización. Establecido lo anterior se "regresa" a la Biología para encontrar las relaciones y la contextualización del proceso ya matematizado para obtener un incremento de significado, el cual a su vez, está inmerso en un ámbito epistemológico bajo un criterio de análisis abstracto.

Este incremento de significado, permite que de nuevo se regrese a la matemática para encontrar o bien para plantear la elaboración de nuevas herramientas o conceptualizaciones matemáticas que se relacionen con lo encontrado en la confrontación.

Particularmente en el presente trabajo, la motivación son los procesos biológicos en *individuos* (modelos arquitectónicos de macroalgas y en talla de peces), en *organismos* (desarrollo ontogénico en animales), en las *poblaciones* (con y sin limitación de recursos y condiciones) y en *especies* (con las aproximaciones propuestas en la concepción de *Ecología* dinámica); de manera análoga la motivación matemática consistió en emplear las ideas en *sistemas dinámicos discretos* y el

definición de *geometría* a partir de la noción de *invariante*.

En el caso de los modelos de crecimiento, tanto de individuos como de poblaciones, se proponen modalidades de enseñanza utilizando la idea de iteración, es decir la función compuesta consigo misma, con lo cual se puede obtener un panorama de análisis cualitativo susceptible de ser explotado para modelos más elaborados que involucren un mayor número de variables, como es el caso de los modelos de interacción entre dos o más especies.

Un caso más específico de la utilidad de las iteraciones, es interpretarla como sistemas de recurrencia que permiten la simulación y representación del crecimiento en plantas, en este caso de dos especies de macroalgas marinas, con lo cual se deja abierta otra línea de investigación que no solo sirva para estudios morfológicos sino también ecológicos como los relacionados con la ocupación del espacio.

Asimismo se esbozan una serie de ideas diversas de la matemática para la biología del desarrollo en animales, la mención de los espacios de tolerancia como forma de percepción de las formas y la plasticidad del concepto de variedad bidimensional en la representación de superficies son tan solo ejemplos de líneas de investigación propuestas que en este trabajo no se desarrollan sino que sólo se plantean.

El concebir y entender a la *geometría* no sólo como un área de la matemática, sino como un aparato formal y con una estructura propia, permite analizar e interrelacionar las nociones de *invariante*, es decir propiedades que no cambien ante un grupo de transformaciones que a su vez caracteriza a dicha geometría.

Las entidades sobre las cuales opera el tipo de geometría, mencionado anteriormente, usualmente son las figuras geométricas, en el caso de este trabajo se proponen variables aleatorias vectoriales que por un lado simulen a los seres vivos y por otro sirvan como elementos de una geometría cuya generalización permita definir matemáticamente conceptos biológicos, como es el caso de la diversidad de los seres vivos, vista bajo un ámbito de estudio como el propuesto en la Teoría de los Procesos Alterados mencionada en el Prefacio.

Se presenta entonces una serie de propuestas con el fin de ser ampliadas y modificadas de acuerdo a las necesidades de la Biología y desde luego de las matemáticas; la parte posterior a este trabajo es desarrollar los formalismos necesarios para que tenga una veracidad matemática adecuada para lograr así un mejor fortalecimiento de una propuesta para la Biomatemática como disciplina científica.

Capítulo 2

Análisis de modelos de crecimiento a partir de iteración de funciones.

Modelos de crecimiento poblacional.

En el presente capítulo, la propuesta de matematización tiene una finalidad de tipo didáctico, resultado de la experiencia en los cursos de Matemáticas Generales (Matemáticas para Biólogos) que se imparte en la Facultad de Ciencias de la UNAM.

Modelo de Malthus.

La motivación principal es la modelación de la interdependencia de dos fenómenos como es el caso de la velocidad de crecimiento de una población con respecto al tamaño poblacional.

Se considera inicialmente a una población con recursos y condiciones ilimitados, es decir, que tiene a disposición ilimitada todos los alimentos, nutrientes y espacio; de forma análoga está libre de depredadores y las condiciones ambientales son las adecuadas para que no exista inconveniente en su crecimiento. Desde luego ésta población representa un prototipo que en la realidad no existe, sin embargo, en condiciones naturales y en las primeras etapas del crecimiento de la población es posible obtener comportamientos parecidos a lo descrito anteriormente, y desde luego, los cultivos de microorganismos (como es el caso de bacterias) bajo condiciones de laboratorio, permiten estudiar paralelamente este comportamiento de crecimiento llamado comúnmente de tipo *exponencial* o bien de tipo *Malthus* [23] en honor a uno de sus principales promotores.

En un mundo, cuya iniciación y desarrollo del capitalismo estaba en pleno auge, las ideas propuestas por Malthus acerca del crecimiento geométrico de las poblaciones humanas en comparación a la obtención de recursos (principalmente alimenticios) de tipo aritmético, propició una justificación absurda de la factibilidad de la existencia de guerras y epidemias que se presentaban en las zonas de invasión de los países capitalistas.

Retomando la idea inicial, se establece que en una población con condiciones y recursos ilimitados, su velocidad de crecimiento es proporcional al tamaño de la población, es decir, entre más grande sea el número de bacterias en la población la velocidad de crecimiento de la población también crece; si se denota a V como la velocidad y a N como el tamaño de la población, la relación de éstas dos entidades quedaría como:

$$V \propto N$$

donde el símbolo \propto representa la proporcionalidad; más aún si se expresa mediante una igualdad a la expresión, quedaría como:

$$V = K \cdot N \quad (2.1)$$

donde la K es igual a la constante de proporcionalidad.

Retomando a lo que representa a la velocidad, debe especificarse que ésta es instantánea como modelo continuamente dependiente del tiempo, por lo que se debe expresar como el límite de cociente de incrementos:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{N(t + \Delta t) - N(t)}{\Delta t} = K \cdot N(t) \quad (2.2)$$

o bien si este límite existe se utiliza el símbolo de la derivada:

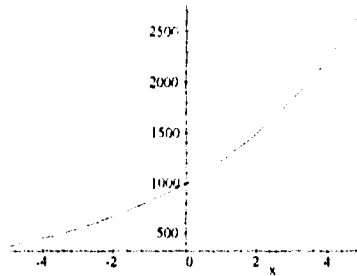
$$\frac{dN(t)}{dt} = K \cdot N(t) \quad (2.3)$$

Este sería el modelo simbólico, sin embargo siguiendo este camino se intentaría encontrar la solución continua de la ecuación diferencial, es decir, tomando como dato inicial: que el tamaño inicial de la población sea N_0 correspondiente a un tiempo inicial t_0 , no necesariamente igual a cero, por lo que la siguiente expresión representa a la ecuación diferencial con su condición inicial o problema de Cauchy del modelo de Malthus:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dN}{dt} = K \cdot N \\ N(t_0) = N_0 \end{array} \right\} \quad (2.4)$$

cuya solución, es decir la expresión $N = N(t)$, se obtiene por el método de variables separadas (ver Apéndice), la cual corresponde a $N(t) = N_0 e^{K(t - t_0)}$.

La gráfica obtenida en el espacio $N(t)$ vs. t ilustra la rapidez con que crece la variable tamaño de población en relación con el tiempo, en este caso N_0 (el tamaño inicial de la población) = 1000 y $K = 0.2$:



Regresando a la idea inicial de dependencia funcional se interpretará a la derivada como un cociente de incrementos antes del paso al límite para un Δt suficientemente pequeño y se podría considerar a la ecuación 5.41 como la ecuación aproximada:

$$\frac{N(t + \Delta t) - N(t)}{\Delta t} = K \cdot N(t) \quad (2.5)$$

$$N(t + \Delta t) - N(t) = K \cdot N(t) \cdot \Delta t \quad (2.6)$$

$$N(t + \Delta t) = (K \cdot N(t) \cdot \Delta t) + N(t) \quad (2.7)$$

$$N(t + \Delta t) = (1 + K \cdot \Delta t) \cdot N(t) \quad (2.8)$$

y pasando ahora a la variable discreta $t = n \in \mathbb{N}$ y sin perder generalidad a $\Delta t = 1$.

$$N_{n+1} = (1 + K) \cdot N_n \quad (2.9)$$

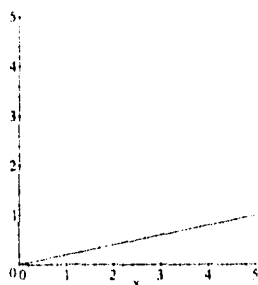
e introduciendo a $m = 1 + K$:

$$N_{n+1} = m \cdot N_n \quad (2.10)$$

que se puede renotar por:

$$y = mx \quad (2.11)$$

donde idealmente se seguiría considerando que la y como la x toman valores reales positivos cualesquiera. La ecuación 2.11 representa una función lineal con ordenada al origen igual a cero y con pendiente igual a m .



Esta nueva expresión que representa una función lineal resulta más fácil de manejar, por lo que se trabajará con la dinámica de dicha ecuación después de discutir uno de los conceptos fundamentales del presente trabajo y que se refiere a la *iteración*.

Concepto de funciones iteradas.

Definición Sean A y B dos conjuntos arbitrarios distintos al vacío y sea $A \times B$ el producto cartesiano de A con B , es decir el conjunto de todas las posible parejas ordenadas obtenidas de juntar un elemento de A con un elemento de B , dicho en notación matemática:

$$A \times B = \{(a,b) \mid a \in A \text{ y } b \in B\}$$

entonces, una relación R de A en B es cualquier subconjunto del producto cartesiano $A \times B$; es decir $R \subseteq A \times B$

Definición Sean A y B conjuntos, una función de A en B es una relación de A en B ($R \subseteq A \times B$) si cumple que:

- i) Para todo elemento de A existe un sólo elemento de B tal que la pareja ordenada de estos dos elementos pertenece a la relación
- ii) El elemento b del conjunto B es único.

en notación matemática queda como:

- i) $(\forall a \in A) (\exists ! b \in B) \rightarrow (a,b) \in R$
- ii) Si $(a,b_1) \in R, (a,b_2) \in R \rightarrow b_1 = b_2$

Notación: a la relación R que es una función de A en B se le denota por:

$$f: A \rightarrow B$$

A es el dominio de la relación, B es el contradominio de R y si $a \in A$, al único elemento $b \in B$ tal que $(a, b) \in R$, se denota como $b = f(a)$ y entonces se dice que esta es la regla de correspondencia de la función.

Definición Sean $f: A \rightarrow B$ y $g: B \rightarrow C$ dos funciones. La composición de f y g es la nueva función $g \circ f$. Es decir, que si $a \in A$.

$$g \circ f: A \rightarrow C$$

$$(g \circ f)(a) = g(f(a))$$

Definición Sea $f: A \rightarrow A$ una función, se dice que la iteración de f es una composición de f consigo misma. De manera análoga la n -ésima iteración es componer n veces a la función f consigo misma:

$$f \circ f: A \rightarrow A \tag{2.12}$$

$$f \circ f(a) = f(f(a)) = f^2(a) \tag{2.13}$$

$$\underbrace{f \circ f \circ \dots \circ f}(n \text{ veces})(a) = f(\underbrace{f \dots f}(n \text{ veces})(a)) = f^n(a) \tag{2.14}$$

Una vez establecida la idea de iteración se regresa a la ecuación 2.11 que representa la función lineal que simula al modelo de Malthus.

Dinámica del modelo de Malthus.

Considerese la ecuación $y = 0.2x$ ó en otro tipo de notación, resaltando la idea de función a $f(x) = 0.2x$; y adicionalmente se establece a x_0 como un valor fijo que está contenido en el dominio de la función, es decir en el eje de las x 's. Entonces, el valor x_0 evaluado en la función original queda como:

$$f(x_0) = 0.2x_0$$

De manera que si se itera una vez a la función tomando como punto de partida al valor x_0 se obtiene:

$$f(f(x_0)) = 0.2f(x_0)$$

y sustituyendo $f(x_0)$ por su valor que es $0.2x_0$ se tiene:

$$f(0.2x_0) = 0.2(0.2x_0)$$

lo que en la notación utilizada en 2.14 quedaría como:

$$f^2(x_0) = 0.2(0.2x_0) = (0.2)^2 x_0 = 0.04x_0$$

De forma semejante se puede seguir iterando a la función con el valor x_0 .

$$f^3(x_0) = 0.2(0.2(0.2x_0)) = (0.2)^3 x_0 = 0.008x_0$$

$$f^4(x_0) = 0.2(0.2(0.2(0.2x_0))) = (0.2)^4 x_0 = 0.0016x_0$$

$$f^5(x_0) = 0.2(0.2(0.2(0.2(0.2x_0)))) = (0.2)^5 x_0 = 0.00064x_0$$

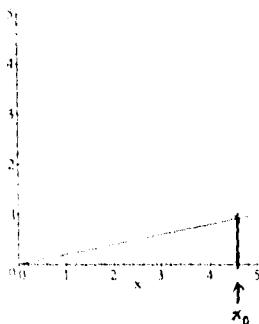
⋮

$$f^n(x_0) = 0.2(0.2(\dots 0.2(x_0)\dots)) = (0.2)^n x_0$$

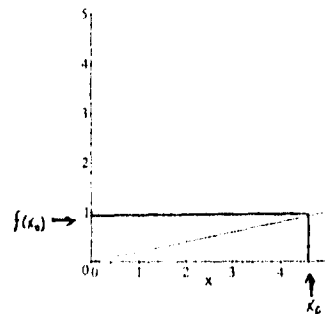
Se puede observar que conforme aumenta el grado de la iteración, el valor obtenido en la función tiende a cero.

Adicionalmente se interpretará gráficamente lo que sucede. El iterar a una función (o componerla consigo misma) se realizará de la siguiente forma:

Se toma un valor de partida, un punto fijo, que pertenezca al dominio de la función

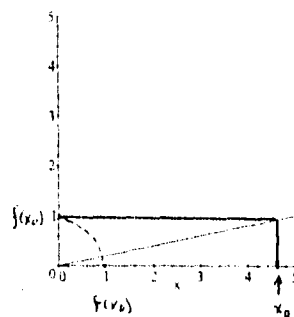


una vez establecido el punto fijo x_0 de la función este se evalúa en la función, es decir, se levanta una línea perpendicular a la abscisa o eje de las x 's con inicio en el punto fijo x_0 hasta tocar la recta (gráfica) de la función.



estando en la gráfica de la función se traza una línea horizontal, paralela al eje de la abscisa y perpendicular al de la ordenada, hasta llegar al contradominio de la función o sea al eje de las y 's u ordenada; lo hecho hasta ahora representa solamente el evaluar la función para un valor determinado, en este caso, para el punto fijo x_0 .

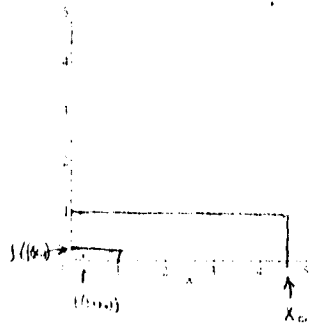
Obtenido el valor $f(x_0)$ en la ordenada se lleva al contradominio de la función con el objeto de que al efectuar la iteración, es decir $f(f(x_0))$, la función no evalúa x_0 sino $f(x_0)$, entonces como se mencionó anteriormente, el valor $f(x_0)$ se lleva al dominio de la función por medio de una porción de circunferencia generado por un radio cuyo origen se encuentra en la intersección de los dos ejes del plano cartesiano y cuyo tamaño es precisamente $f(x_0)$ por lo que la intersección de dicha circunferencia con el eje de las x 's es una magnitud igual a $f(x_0)$.



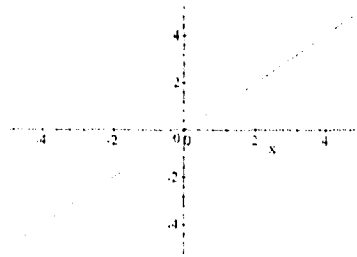
Una vez establecido en el dominio de la función el valor $f(x_0)$, se repiten los pasos anteriores vistos, es decir, trazar una línea vertical en el punto $f(x_0)$ hasta intersectar a la gráfica de la función.



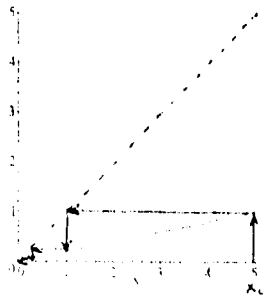
De ahí se traza una línea horizontal hasta intersectar el eje de las y 's para obtener el valor $f(f(x_0))$; dicho valor se traslada al dominio de la función (eje de las x 's) para de nuevo ser evaluado, o sea, para obtener la siguiente iteración.



Sin embargo, se pueden simplificar los trazos de los radios que permiten trasladar los valores del contradominio al dominio de la función; dicha simplificación consiste en utilizar a la función idéntica, es decir la función $f(x) = x$ (es la función cuya gráfica es una línea con inclinación de 45° y que pasa por el origen de la abscisa y de la ordenada), la cual sirve a manera de "espejo" en el plano cartesiano.

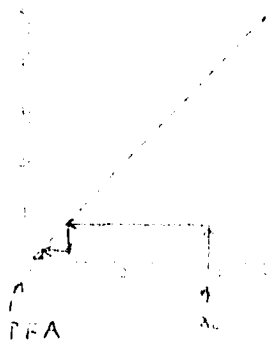


Por lo que, una vez establecidos los puntos en la gráfica de la función ya no es necesario trazar la línea horizontal hasta la ordenada sino que basta que toque a la recta de la función idéntica para después bajar con una línea vertical hasta intersectar con la gráfica de la función y así sucesivamente

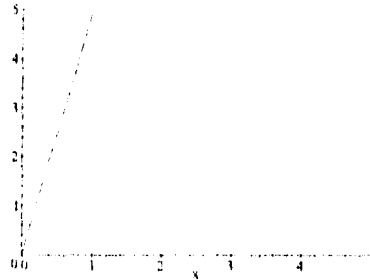


Si se indicara la dirección de las trayectorias que conforman a la "escalera" se ve que convergen en un punto, que en este caso es el 0 y al cual nombraremos como *Punto Fijo Atractor (PFA)*.

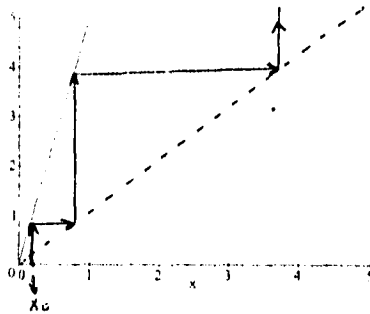
Inclusive, si se varía el valor del punto x_0 el punto fijo atractor sigue siendo el mismo.



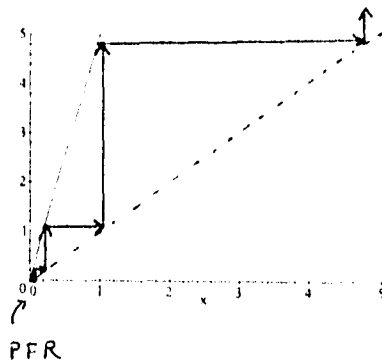
A continuación considérese la función $f(x) = 5x$



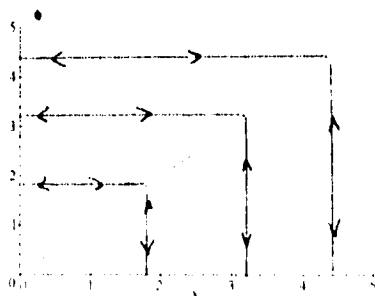
Si se sigue el mismo procedimiento análogamente al caso anterior, se observa que para este caso no existe un punto fijo atractor, sino que se escapa, es decir, que mayor grado de iteración los valores de la función tienden a infinito. Independientemente del valor que tome x_0 , el cual representa el tamaño inicial de la población, los valores que van tomando las distintas iteraciones van creciendo y tendiendo a infinito, por lo que la dinámica de la población refleja una tendencia cualitativa al crecimiento exponencial.



En este caso a la coordenada $(0,0)$ la nombraremos *Punto Fijo Repulsor (PFR)*.



Finalmente si se considera a la misma función idéntica, se obtiene que existe tantos Puntos Fijos Estables como puntos fijos x_0 se elijan



Tal parece que existen dos casos interesantes de análisis: cuando los valores de las pendientes de las gráficas de las funciones son menores o mayores a 1 respectivamente.

Para el primer caso se observa que los valores que obtiene la función al tomar un tamaño fijo de población x_0 conforme se itera se van hacia el cero, es decir, la población tiende a la extinción. Esto se debe a que la pendiente m representa la constante de proporcionalidad k utilizada originalmente en el modelo de Malthus, es decir, el aporte a la población de cada individuo por unidad de tiempo, o sea que cada individuo aportaría 0.2 individuos en la unidad de tiempo siguiente.

En el segundo caso, las tasas de crecimiento son mayores a 1, evidentemente esto representa un aporte por individuo y por unidad de tiempo de más de dos individuos por lo cual la población va creciendo de manera exponencial.

El modelo de Malthus si bien es un modelo muy alejado de la realidad, por su relativa sencillez, permite una visión de análisis útil en los posteriores modelos.

Uso del Programa DERIVE.

Una buena alternativa para poder calcular y visualizar la dinámica de el modelo de Malthus y desde luego de los otros modelos, es el uso de un programa matemático como el DERIVE. La ventaja de utilizar dicho programa es que aparte de su fácil operatividad es un software que cabe en disco flexible de $3\frac{1}{2}$ y puede ser corrido en cualquier máquina PC.

El Programa DERIVE permite realizar cálculos de diversas expresiones con base a herramientas de derivación, integración, algebra lineal, aproximaciones, redondeos y sobre todo un módulo para graficación, además es posible programar

dentro de él o bien utilizar con facilidad los programas ya incluidos en el mismo paquete.

Uno de los programas que están ya construidos dentro de Derive es el de "ITERATES" que calcula la *órbita*, es decir, los valores que va tomando una función dada, al iterarla un número finito de veces y tomando un valor inicial. La estructura del programa es de la siguiente forma:

$$\mathbf{ITERATES}(\mathbf{f(x), x, x_0, n}) : = \underbrace{f \circ f \circ \dots \circ f}_{n \text{ veces}}(x_0) = f\left(\underbrace{f \dots f}_{n-1 \text{ veces}}(x_0)\right) = f^n(x_0)$$

Donde las negritas son la parte del programa que requiere ser introducida para efectuar el cálculo de la órbita, o sea que para calcular la órbita de una función n veces iteradas es necesario: teclear en mayúsculas la palabra "iterates" seguida de un paréntesis donde se anotan en el siguiente orden y separados por comas: la variable respecto a la cual está definida la función, la función que se quiere iterar, el valor inicial de la variable sobre el cual se va a realizar la iteración y finalmente el número de veces sobre el cual se va a realizar las iteraciones.

Si se toma como ejemplo la ecuación $f(x) = 0.5x$, el valor $x_0 = 8$ y con 6 de iteraciones, entonces se tiene la siguiente programa:

$$\mathbf{ITERATES(0.5x, x, 8, 6)}$$

Del cual se obtiene la órbita: $\left[8, 4, 2, 1, \frac{1}{2}, \frac{1}{4}, \frac{1}{8}\right]$

En cuanto la interpretación gráfica, DERIVE gráfica la órbita como un conjunto de funciones de constantes, según los respectivos valores de la órbita, por lo que la dinámica de la ecuación es posible visualizarla en el contradominio de la función y no en el dominio como se realizó en el análisis anterior.

Modelo de Von Bertalanffy.

Otro modelo de crecimiento útil en la biología de una sola población es el de Von Bertalanffy[5], el cual está dado por la siguiente aseveración:

La velocidad de crecimiento de la longitud o talla de un organismo es proporcional a lo que le falta por crecer a dicho organismo. Usualmente este modelo ha sido utilizado en organismos donde su forma de crecimiento es de tipo alométrico y en particular en peces.

La mayoría de estos organismos presentan una forma hidrodinámica la cual les permite tener una mayor velocidad de desplazamiento, además esta forma disminuye las turbulencias que se puedan formar al contacto de la parte anterior del

pez con el agua. También es importante resaltar que en otros organismos marinos no es útil este modelo, por ejemplo en los ostreidos y otros tipo de bivalvos la fluctuación del crecimiento tiene igual importancia tanto en lo largo como en lo ancho de la concha.

Entonces, si se denota por t al "tiempo" y $L(t)$ a la "longitud de un pez de una especie dada al tiempo t ":

$$\frac{dL(t)}{dt} \propto (L_{\max} - L(t)) \quad (2.15)$$

donde L_{\max} es la "longitud máxima promedio alcanzada por dicho organismo", luego:

$$\frac{dL(t)}{dt} = K \cdot (L_{\max} - L(t)) \quad (2.16)$$

La cual al tomar su condición inicial: $L(0) = L_0$, se obtiene como solución la ecuación, (ver apéndice):

$$L(t) = L_0 \left(1 - \left(\frac{L_{\max} - L_0}{L_{\max}} \right) e^{-K(L_{\max} - L_0)t} \right)$$

cuya solución es posible visualizar graficamente en . Procediendo de manera análoga al modelo anterior se tiene:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{L(t + \Delta t) - L(t)}{\Delta t} = K \cdot (L_{\max} - L(t)) \quad (2.17)$$

$$\frac{L(t + \Delta t) - L(t)}{\Delta t} \approx K \cdot (L_{\max} - L(t)) \quad (2.18)$$

$$L(t + \Delta t) - L(t) \approx K \cdot \Delta t \cdot (L_{\max} - L(t)) \quad (2.19)$$

$$L(t + \Delta t) \approx (1 - K\Delta t) \cdot L(t) + K\Delta t \cdot L_{\max} \quad (2.20)$$

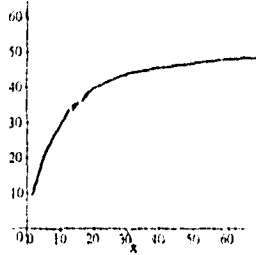
haciendo $t = n \in N$, $\Delta t = 1$ y $K \cdot L_{\max} = b$,

$$L_{n+1} = (1 - K) \cdot L_n + b \quad (2.21)$$

de manera análoga se denota a $m = 1 - K$

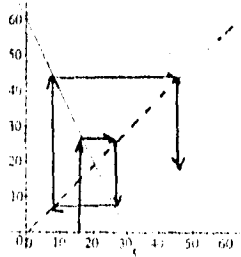
$$L_{n+1} = m \cdot L_n + b \quad (2.22)$$

$$y = mx + b \quad (2.23)$$

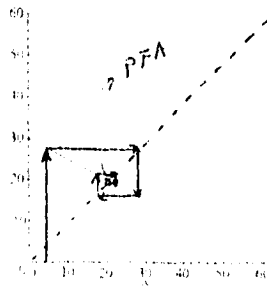


Dinámica del modelo de Bertalanffy.

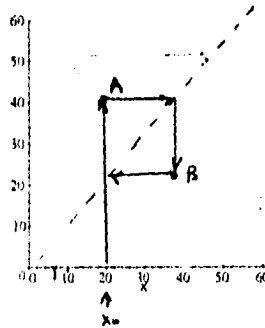
Considerese una especie de pez con un tamaño máximo de crecimiento estimado en 20 cm., una tasa de crecimiento igual a 3.



de igual manera si se toma una valor para $K = 1.5$ se obtiene un Punto Fijo Atractor



Para un valor de $K = 2$ o sea, un valor de $m = -1$ se obtiene



donde A y B son los puntos en los que para cualquier número de iteración siempre son los mismos puntos, en este caso se denominan *Puntos Fijos Periódicos de Período 2*.

Modelo de Verhulst o Logístico.

Como se mencionó anteriormente el modelo de Malthus, por su relativa sencillez, tiene la ventaja de que es posible entender la naturaleza del crecimiento de poblaciones en sus primeras etapas, en las cuales, los recursos y las condiciones aunque estén limitados son suficientes para el desarrollo y crecimiento óptimo de la población, sin embargo existe un tiempo en el cual el número de individuos es tan grande que los recursos y condiciones son ya insuficientes y a partir de este momento, el modelo de Malthus ya no resulta el idóneo.

Inclusive es imposible el concebir que dicha población crece indefinidamente ya que como se mencionó, los recursos son limitados, por lo que la velocidad de crecimiento por un lado es proporcional a la cantidad de individuos (para las primeras etapas) y por otro también es proporcional a lo que le falta por crecer a la población (para etapas posteriores) y aquí es importante el considerar a N_{\max} como el tamaño máximo que puede alcanzar la población.

Considerando ahora las nuevas premisas se plantea la siguiente ecuación:

$$\frac{dN(t)}{dt} = K \cdot N(t) \cdot (N_{\max} - N(t)) \quad (2.24)$$

nótese que ahora la velocidad de crecimiento es proporcional simultáneamente al tamaño de la población $N(t)$ y por a lo que le falta por crecer a la población, es decir $N_{\max} - N(t)$.

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{N(t + \Delta t) - N(t)}{\Delta t} = K \cdot N(t) \cdot (N_{\max} - N(t)) \quad (2.25)$$

$$\frac{N(t + \Delta t) - N(t)}{\Delta t} \approx K \cdot N(t) \cdot (N_{\max} - N(t)) \quad (2.26)$$

$$N(t + \Delta t) - N(t) \approx [K \cdot N(t) \cdot (N_{\max} - N(t))] \Delta t \quad (2.27)$$

$$N(t + \Delta t) \approx [K \cdot N(t) \cdot (N_{\max} - N(t))] \Delta t + N(t) \quad (2.28)$$

haciendo $t = n \in N$ y $\Delta t = 1$

$$N_{n+1} = [K \cdot N_n \cdot (N_{\max} - N_n)] + N_n \quad (2.29)$$

tomando al tamaño máximo de población $N_{\max} = 1$

$$N_{n+1} = [K \cdot N_n \cdot (1 - N_n)] + N_n \quad (2.30)$$

$$N_{n+1} = [K \cdot N_n - K \cdot N_n^2] + N_n \quad (2.31)$$

$$y = ax - ax^2 + x \quad (2.32)$$

$$y = x(a - ax + 1) \quad (2.33)$$

obteniendo así la ecuación logística, otra modalidad análoga es considerar de antemano la *capacidad máxima de carga* C es decir, $\frac{N_{\max} - N_0}{N_0}$ de la población quedando expresado el modelo como:

$$\frac{dN(t)}{dt} = K \cdot N(t) \left(1 - \frac{N(t)}{C}\right) \quad (2.34)$$

y siguiendo el procedimiento análogo al caso anterior se tiene

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{N(t + \Delta t) - N(t)}{\Delta t} = K \cdot N(t) \left(1 - \frac{N(t)}{C}\right) \quad (2.35)$$

$$\frac{N(t + \Delta t) - N(t)}{\Delta t} \approx K \cdot N(t) \cdot \left(1 - \frac{N(t)}{C}\right) \quad (2.36)$$

$$N(t + \Delta t) - N(t) \approx \left[K \cdot N(t) \cdot \left(1 - \frac{N(t)}{C}\right) \right] \Delta t \quad (2.37)$$

$$N(t + \Delta t) \approx \left[K \cdot N(t) \cdot \left(1 - \frac{N(t)}{C}\right) \right] \Delta t + N(t) \quad (2.38)$$

haciendo $t = n \in N$ y $\Delta t = 1$

$$N_{n+1} = \left[K \cdot N_n \cdot \left(1 - \frac{N(t)}{C} \right) \right] + N_n \quad (2.39)$$

$$N_{n+1} = (1 + K) \cdot N_n - \frac{K}{C} \cdot N_n^2 \quad (2.40)$$

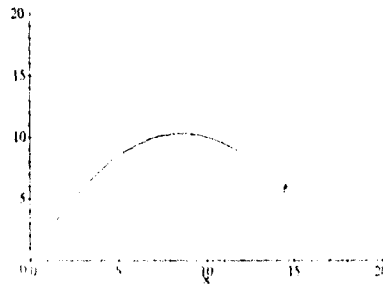
haciendo $N_{n+1} = y, N_n = x$ y $\frac{K}{C} = r$ se tiene:

$$y = (1 + K)x - rx^2 \quad (2.41)$$

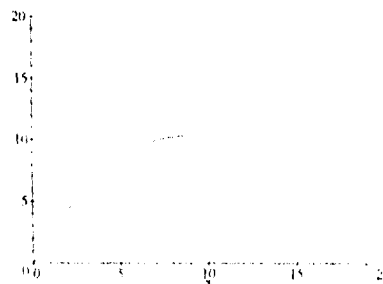
Supóngase una población con un valor de $K = 1.4$ y una capacidad máxima de carga $C = 10$, entonces la ecuación logística tiene la forma:

$$y = (1 + 1.4)x - \frac{1.4}{10}x^2$$

$$y = 2.4x - 0.14x^2$$



la cual al efectuar el método de iteraciones tomando un tamaño inicial x_0 se tiene que presenta un punto fijo atractor



En general de los modelos antes vistos se puede realizar una breve generalización basado en la siguiente definición:

Definición si se considera la ecuación

$$N_{n+1} = f(N_n)$$

un valor a es llamado valor de equilibrio o punto fijo del sistema dinámico de primer orden: $N_{n+1} = f(N_n)$ si satisface la ecuación:

$$a = f(a)$$

para el caso $A(k) = a$ esta es una solución particular del sistema dinámico.

Definición Sea $N_{n+1} = f(N_n)$ un sistema dinámico de primer orden con un valor de equilibrio a . Este valor de equilibrio es de tipo estable o atractor si dada una vecindad ε tal que $|a_0 - a| < \varepsilon$ se cumple entonces que $\lim_{k \rightarrow \infty} A(k) = a$.

Asimismo el valor de equilibrio a es inestable o repulsor, si $0 < |a_0 - a| < \varepsilon$ entonces $|A(k) - a| < \varepsilon$ para algunos (no necesariamente todos) valores de k .

Modelos de interacción para dos especies.

Otro aspecto interesante en dinámica de poblaciones es considerar que las poblaciones no existen aisladas o solas en los ecosistemas, sino que se encuentran interactuando con otras poblaciones de la misma o de diferente especie.

Las interacciones que se dan en la naturaleza son tan diversas como la misma biota en la cual se manifiestan, sin embargo, para su estudio se han establecido los siguientes tipos: Depredación, Mutualismo, Simbiosis, Parasitismo, Competencia, Amensalismo y Protocooperación.

En el caso más sencillo se tienen dos poblaciones, N_1 y N_2 respectivamente y considerando el principio de acción de masas se propone el sistema de ecuaciones:

$$\frac{dN_1}{dt} = \alpha N_1 + \beta N_1 N_2$$

$$\frac{dN_2}{dt} = \gamma N_1 + \delta N_1 N_2$$

Las cuales si dependen del tiempo discreto n se pueden expresar como el sistema:

$$A(n) = \begin{pmatrix} a(n) \\ b(n) \end{pmatrix} \tag{2.42}$$

$$F = \begin{pmatrix} f(a, b) \\ g(a, b) \end{pmatrix} \tag{2.43}$$

Análogamente, como para $a(n+1) = f(a(n))$ los valores de equilibrio son estables si $f'(a) < 1$ es decir, la derivada de la función evaluada en el punto a .

Se establece el sistema de derivadas parciales:

$$\begin{aligned} f_1(a, b) &= \frac{\partial f(a, b)}{\partial a} \\ f_2(a, b) &= \frac{\partial f(a, b)}{\partial b} \\ g_1(a, b) &= \frac{\partial g(a, b)}{\partial a} \\ g_2(a, b) &= \frac{\partial g(a, b)}{\partial b} \end{aligned} \tag{2.44}$$

Theorem 1 Sea $\begin{pmatrix} a(n+1) \\ b(n+1) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} f(a(n), b(n)) \\ g(a(n), b(n)) \end{pmatrix}$; $f, g \in C^1$ es decir f, g son funciones continuas y diferenciables

Si $A = \begin{pmatrix} a \\ b \end{pmatrix}$ es un vector de equilibrio para el sistema dinámico (1)

o sea $\begin{cases} a = f(a, b) \\ b = g(a, b) \end{cases}$.

Si se construye a $R = \begin{pmatrix} f_1 & f_2 \\ g_1 & g_2 \end{pmatrix}$

Si $\|R\| < 1$, entonces A es un vector de equilibrio estable y además también

$\lim_{k \rightarrow \infty} A(k) = A$

Si $A_{(0)}$ cerrado, este se acerca lo suficiente a A cuando $k \rightarrow \infty$

Si $\|R\| > 1$ entonces A es inestable.

Capítulo 3

Aplicación de los sistemas Lindenmayer en Botánica.

Uno de los aspectos más relevantes en la simulación, es sin duda el crecimiento que presentan los seres vivos, en particular las plantas, cuyos tipos morfológicos presentan ciertas regularidades geométricas; que inicia desde las ideas propuestas por D'Arcy Thopson [?] a finales del siglo pasado hasta los trabajos desarrollados por Prusinkievich y Lindenmayer [29] utilizando diversas técnicas de computación.

Simulación y arquitectura.

La mayoría de las simulaciones realizadas toman como referencia la arquitectura de las plantas sin considerar, en muchas ocasiones, su desarrollo ontogenético, por lo que se tomarán las siguientes consideraciones propuestas por Collado-Vides [6] (1992).

Arquitectura es la expresión morfológica visible del código genético de una planta en cualquier momento de su desarrollo.

Modelo Arquitectónico es el programa de crecimiento que determina las fases arquitectónicas sucesivas, es decir la secuencia ontogenética arquitectural.

Con base en lo anterior se plantea realizar simulaciones no sólo de la arquitectura de la planta, sino que dicha simulación también represente al modelo arquitectónico, para lo cual se propone utilizar a los sistemas-L como una alternativa para la simulación que también intente reflejar el modelo arquitectónico.

Los sistemas Lindenmayer.

Un antecedente importante de considerar para el entendimiento de los sistemas Lindenmayer es recapitular las ideas sobre gramáticas propuestas inicialmente por Noam Chomsky [8] ver Apéndice.

Dichas ideas esbozan una serie de condicionantes para establecer gramáticas,

útiles en el campo de la programación, de estas gramáticas de Chomsky se restringen los vocabularios en simples alfabetos, las reglas gramaticales en reglas de transformación sencillas y con la ayuda de un lenguaje tipo Logo se puede estructurar la idea de los Sistemas-L que son los que van a permitir las simulaciones.

A los sistemas Lindenmayer (o simplemente sistemas-L), nombre que toman en honor a su creador, Aristid Lindenmayer (1925-1989), son considerados como una buena alternativa para simular crecimiento de plantas a partir de un lenguaje tipo Logo restringido, es decir sólo se utiliza un subconjunto de sus comandos.

Adicionalmente a los sistemas-L se les puede interpretar como *Sistemas Dinámicos Discretos*, esto es como un grupo de transformaciones de un espacio en sí mismo. Dicho espacio es un conjunto con un número finito o numerable de elementos que en este caso se representa por un alfabeto.

En este caso las transformaciones son iteraciones, es decir, composiciones de dicha transformación consigo misma, las cuales se pueden interpretar como dependientes de un parámetro, el tiempo discreto y de una condición inicial (tiempo inicial y posición inicial), se identifican mediante ciertas reglas de transformación iterándola, es decir conformando un sistema de reescritura en paralelo, generando así una sucesión de palabras.

Con mayor precisión los sistemas-L se les define como una terna ordenada, cuyos componentes son: un alfabeto, una palabra inicial llamada axioma y finalmente un conjunto finito de producciones o reglas de transformación.

Definición Sean V un alfabeto, V^* el conjunto de palabras sobre V , y V^{*+} el conjunto de todas las palabras no vacías sobre V . Un sistema-L es la terna ordenada $L = \langle V, \omega, P \rangle$, donde:

$V =$ "alfabeto"

$\omega \in V^{*+} =$ "palabra no vacía, llamada *axioma* o palabra inicial"

$P \subset V \times V^{*+} =$ un conjunto finito de producciones o también conocidas como *reglas de transformación*, que ponen en correspondencia a las letras del alfabeto con palabras no vacías, es decir una pareja (a, χ) es una producción si $a \in V$ y $\chi \in V^{*+}$, se denota como $a \rightarrow \chi$. Estas producciones, son las reglas de transcripción de todos y cada uno de los elementos del alfabeto, es decir, la correspondencia que existe entre una letra y palabra.

La representación de las imágenes generadas en el plano a partir de los sistemas-

L es conocida como gráfica o función interpretativa, ya que dicha función mapea el conjunto de cadenas del alfabeto en el conjunto de todas las posibles figuras que se pueden generar en el plano cartesiano. Es decir: en el contexto de un lenguaje geométrico tipo Logo se tiene:

Definición Una figura Φ es un conjunto de puntos en el plano: $\Phi \in 2^{R \times R}$. Una función $\Gamma : V^* \rightarrow 2^{R \times R}$ que mapea, el conjunto de cadenas de palabras del alfabeto V , en el conjunto de figuras se le llama función interpretativa o gráfica.

Definición Una posición de la tortuga (en el lenguaje Logo) está dado por la terna (x, y, α) donde las coordenadas (x, y) representan la posición de la tortuga, mientras que el ángulo α , llamado inclinación de la tortuga, es interpretado como la dirección en la que la tortuga apunta.

Dado el tamaño de un avance de d pixeles y el incremento del ángulo δ , la tortuga puede responder a comandos representados por los siguientes símbolos:

f = "moverse dibujando hacia adelante un paso de longitud d ". El estado de la tortuga cambia de (x, y, α) al (x', y', α) , con

$$\begin{aligned}x' &= x + d \cdot \cos \alpha \\y' &= y + d \cdot \operatorname{sen} \alpha\end{aligned}$$

En este caso se dibuja un segmento de recta entre los puntos (x, y) y (x', y')

g = "moverse sin dibujar hacia adelante un paso de longitud d "

$+$ = "girar contra reloj un ángulo δ ", pasando del estado (x, y, α) al $(x, y, \alpha + \delta)$.

$-$ = "girar a reloj un ángulo δ ", pasando del estado (x, y, α) al $(x, y, \alpha + \delta)$.

$|$ = "girar a la dirección contraria", pasando del estado (x, y, α) al $(x, y, \alpha - 180^\circ)$

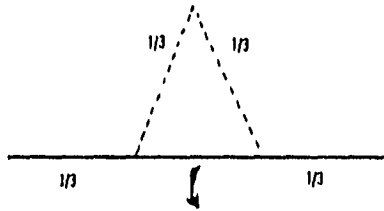
Todos los signos restantes son ignorados por la tortuga.

Un ejemplo con la Curva de Koch.

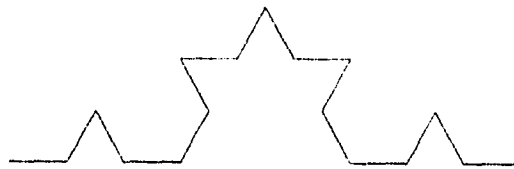
Se tomará como ejemplo a la curva de Koch para ilustrar la manera en que se utilizan a los sistemas-L y además se explicará el significado y la manera de

calcular a la dimensión fractal.

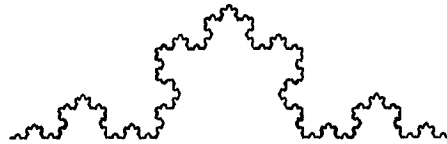
Considerese inicialmente un segmento de recta, de longitud 1, a la cual se dividirá en tres partes iguales (de $\frac{1}{3}$ de longitud cada una ellas) de tal manera que la porción que queda en medio se sustituye por dos segmentos en forma de pico, cuya longitud es igual a la porción que originalmente se quitó (o sea $\frac{1}{3}$)



De la figura obtenida, es decir cuatro segmentos de longitud $\frac{1}{3}$, cada uno de ellos se le aplica el procedimiento anterior, o sea, cada segmento se divide en tres partes iguales y se le quita la parte que queda en medio, la cual se sustituye por un pico conformado por dos segmentos que para cuya longitud es esta etapa tiene una longitud de $\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}\right) = \frac{1}{9} = \frac{1}{3^2}$, de igual forma se procede con los tres segmentos restantes.



Sucesivamente se va repitiendo el proceso, de tal forma que la longitud de los segmentos de ésta figura tienen una longitud de $\frac{1}{3^n}$, donde n es la etapa en la cual se va dando la sustitución de segmentos por picos.



A la figura obtenida se le nombra *Curva de Koch* y es posible simularla mediante los sistemas-L. Estos sistemas como se menciono anteriormente, presentan tres componentes: un alfabeto, una condición o palabra inicial y un conjunto de reglas de transcripción, para el caso de la simulación de la curva de Koch, la palabra o condición inicial es el segmento de recta del cual se van a ir obteniendo las particiones; por lo tanto la estructura del programa quedaría de la siguiente manera:

Alfabeto: {f}

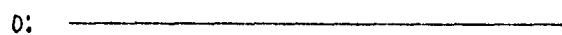
Axioma: f

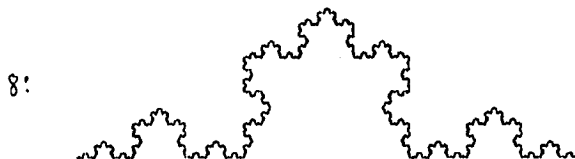
Regla de transformación: $f \rightarrow \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f$

y adicionalmente se define un ángulo de $\frac{160^\circ}{12} = 30^\circ$

De tal modo se obtienen los siguientes esquemas para las tres primeras iteraciones:

Iteración	Palabra simbólica
0	f
1	$\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f$
2	$\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) + \frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) -$ $-\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) + \frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right)$
3	$\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) + \frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) \right) +$ $-\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) + \frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) \right) +$ $\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) + \frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) \right) -$ $-\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) + \frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) \right) +$ $\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) + \frac{1}{3} \left(\frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f - \frac{1}{3}f + \frac{1}{3}f \right) \right)$





Adicionalmente la Curva de Koch conforme aumenta el número de iteraciones, la curva va teniendo más "piquitos" de hecho en el límite, es decir, cuando el número de iteraciones tiende a infinito la curva tendría una longitud infinita, ya que en cada segmento en realidad está sustituido por dos segmentos en forma de pico y así sucesivamente, lo que llevaría a una conjetura, es decir, como explicar que un longitud infinita este acotada por un área finita.

Otra peculiaridad de esta curva es que en todos sus puntos existen picos, por lo que en ningún punto es diferenciable, es decir, para que exista la derivada de una función en un punto es necesario que exista el límite de la razón de incrementos de la función con respecto a la variable; y para que exista el límite es necesario proponer dos sucesiones que converjan al punto que se quiera evaluar, pero se verifica que cada una de las sucesiones convergen a valores distintos o sea que se tendrían dos valores distintos para el límite y hay que recordar que el límite si es que existe este único.

En alusión a lo anterior cabe recordar a manera de corolario que toda función que sea diferenciable es continua, pero no toda función continua es diferenciable y como ejemplo se tiene a la curva de Koch, que es una función continua en todos los puntos y no diferenciable en todos ellos.

Retomando la conjetura planteada anteriormente se hace necesario introducir la idea de dimensión topológica de Hausdorff para reinterpretar a las figuras implicadas hasta ahora.


Las dimensiones topológicas usuales que se conocen, corresponden a números positivos enteros que se ponen en correspondencia a ciertos objetos geométricos, es decir, la línea recta por ejemplo, es un objeto con dimensión 1, una superficie


tiene dimensión dos y un cubo tiene dimensión tres, se tiene que entender adicionalmente que la recta tiene un área igual a cero, la superficie un volumen igual a cero análogamente, un punto con volumen, área y longitud igual a cero tiene dimensión igual a cero.

Si se tomara un segmento de recta de longitud 1 y a este se multiplicara por un factor de expansión igual a 3, de manera análoga con un cuadro con longitud de arista igual a 1 o sea con área 1 y finalmente con un cubo con longitud de arista igual a 1 y por lo tanto con volumen igual a 1.

Si se denota a N como el número de partes obtenidas después de aplicar los factores de expansión, a E como el factor de expansión y a D como la dimensión del objeto se puede construir la siguiente tabla:

	N	E	D
-----	$3 = 3^1$	3	1

	$9 = 3^2$	3	2
---	-----------	---	---

	$27 = 3^3$	3	3
--	------------	---	---

De donde es posible visualizar la siguiente relación:

$$N = E^D \quad (3.1)$$

es decir, el número de partes obtenidas es igual al factor elevado a la dimensión topológica; la cual se puede despejar como:

$$\ln N = \ln E^D \quad (3.2)$$





por la propiedad de los logaritmos

$$\ln N = D \ln E \quad (3.3)$$

$$D = \frac{\ln N}{\ln E} \quad (3.4)$$

quedando definida momentaneamente la dimensión topológica como el cociente de logaritmos del número de partes del objeto y del factor de expansión.

Regresando a la Curva de Koch se calcula su dimensión de manera análoga a la recta al cuadrado y al cubo, entonces quedaría como:

	N	e	D
-----	1	$1 = \frac{1}{3^0}$?
	4	$\frac{1}{3} = \frac{1}{3^1}$?
	16	$\frac{1}{9} = \frac{1}{3^2}$?
	64	$\frac{1}{27} = \frac{1}{3^3}$?
	256	$\frac{1}{81} = \frac{1}{3^4}$?

En este caso se utilizó una construcción y no una expansión por lo cual se introduce la siguiente igualdad:

$$E = \frac{1}{e}$$

donde e es el factor de contracción por lo cual la dimensión de la primera curva de Koch estará dada por la ecuación

$$D = \frac{\ln 4}{\ln \left(\frac{1}{3}\right)} = \frac{\ln 4}{\ln 3} \approx 1.2619$$

de manera análoga para la segunda curva:

$$D = \frac{\ln 16}{\ln \left(\frac{1}{3^2}\right)} = \frac{\ln 4^2}{\ln 3^2} \approx 1.2619$$

y así se puede establecer en general para la curva de Koch:

$$D = \frac{\ln 4^n}{\ln 3^n} \approx 1.2619$$

La cual resulta ser una dimensión no entera como la dimensión topológica usual, sino que resulta ser una dimensión fraccionaria que junto con otras propiedades caracteriza a una serie de objetos geométricos denominados *fractales*. La dimensión obtenida para la curva de Koch está entre 1 y 2, es decir, es un ente geométrico que está entre una curva y una superficie y el resultado puede ser asumido a lo cual podemos asumir una solución momentánea a la conjetura planteada anteriormente, o sea que una curva puede tener una longitud infinita y estar acotada simultáneamente por un área finita gracias a que presenta una dimensión fraccionaria.

SIMULACIÓN DE DIFERENTES TIPOS DE CRECIMIENTO EN PLANTAS.36

Además de la dimensión fractal o fraccionaria, los fractales también tienen la propiedad de *auto semejanza*, es decir, que si se toma una porción de un fractal esta es semejante al fractal completo. Es importante considerar que esta característica no es suficiente para establecer cuando es o no un fractal, por ejemplo, en la recta cualquier porción que se tome de ésta es semejante a toda la recta y sin embargo no es un fractal.

Establecidos entonces los conceptos de dimensión fractal y auto semejanza se procederá primeramente a simular tipos sencillos de crecimiento en plantas para posteriormente simularlos en un ente específico integrando los tipos de crecimiento y el uso de la dimensión fractal.

Simulación de diferentes tipos de crecimiento en plantas.

Crecimiento exponencial.

Se refiere al crecimiento, donde todas las subunidades del talo, por ejemplo, las células de un filamento uniseriado, tienen la potencialidad de duplicarse en un intervalo de tiempo, el cual está dado por el número de iteración.

Alfabeto: {f}

Axioma: f

Regla de transformación: $f \rightarrow f$

Iteración	Palabra Simbólica	Esquema Celular
0	f	□
1	ff	□□
2	ffff	□□□□
3	ffffff	□□□□□□
4	ffffff	□□□□□□□□□□□□

Crecimiento apical.

De manera análoga al anterior con la modalidad de que sólo la célula o porción apical es la que se va duplicando, (la célula apical se señala en este caso con el símbolo ▷, que en términos de la gráfica no se esquematiza).

Alfabeto: {f, a}

Axioma: fa

Regla de transformación:

SIMULACIÓN DE DIFERENTES TIPOS DE CRECIMIENTO EN PLANTAS.37

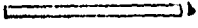
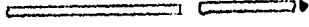
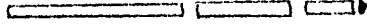

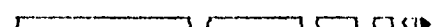
$a \rightarrow fa$
 $f \rightarrow f$

Iteración	Palabra Simbólica	Esquema Celular
0	fa	$\square \triangleright$
1	ffa	$\square \square \triangleright$
2	$fffa$	$\square \square \square \triangleright$
3	$ffffa$	$\square \square \square \square \triangleright$
4	$fffffa$	$\square \square \square \square \square \triangleright$

Crecimiento apical acotado

La longitud del crecimiento se va acotando, es decir se va reduciendo de manera que no sobrepasa una cota.

Alfabeto: $\{f, a\}$
 Axioma: fa
 Regla de transformación:
 $a \rightarrow \frac{1}{2}(fa)$
 $f \rightarrow f$

Iteración	Palabra Simbólica	Esquema Celular
0	fa	
1	$f \frac{1}{2}(fa)$	
2	$f \frac{1}{2} \left(f \frac{1}{2}(fa) \right)$	
3	$f \frac{1}{2} \left(f \frac{1}{2} \left(f \frac{1}{2}(fa) \right) \right)$	
4	$f \frac{1}{2} \left(f \frac{1}{2} \left(f \frac{1}{2} \left(f \frac{1}{2}(fa) \right) \right) \right)$	

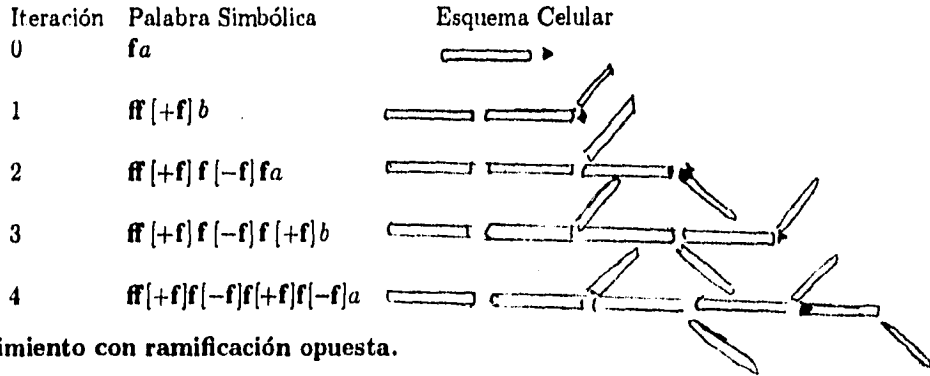
Crecimiento con ramificación alterna.

En cada nodo surge una nueva rama con un determinado ángulo de inclinación y al siguiente nodo sale con una inclinación contraria al anterior para tener así una alternancia en la ramificación.

Alfabeto: $\{a, b, f\}$
 Axioma: fa
 Ángulo: n (+ significa $360^\circ/n$)
 Regla de transformación:

SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE *BOSTRYCHIA RADICANS*.38

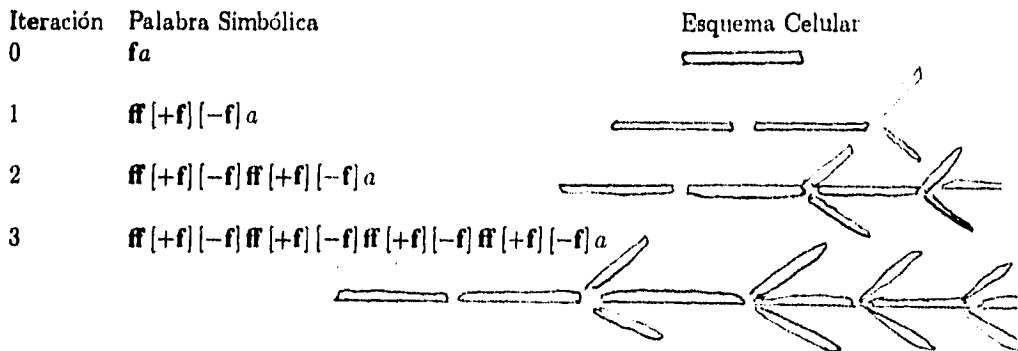
$a \rightarrow f [+f] b$
 $b \rightarrow f [-f] a$
 $f \rightarrow f$



Crecimiento con ramificación opuesta.

De forma análoga al anterior pero en el mismo nodo se forman las dos ramas con direcciones opuestas.

Alfabeto: $\{a, f\}$
 Axioma: fa
 Ángulo: n
 Regla de transformación:
 $a \rightarrow f [+f] [-f] fa$
 $f \rightarrow f$



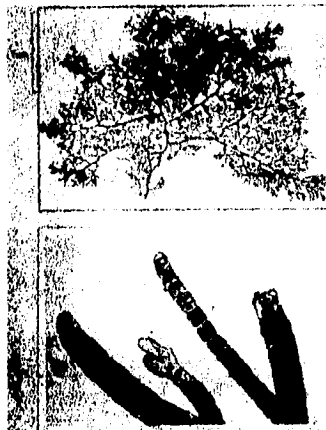
Simulación del crecimiento clonal de *Bostrychia radicans*.

Una vez establecidos los tipos de crecimiento en morfologías generales utilizadas en anatomía vegetal se procederá a realizar la simulación de un alga en

SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE *BOSTRYCHIA RADICANS*.39

particular, *Bostrychia radicans* Montagne (Montagne), que es una macroalga rodofita de la familia Rhodomelaceae que habita en las raíces de los manglares en las lagunas costeras.

Presenta crecimiento clonal por medio de ejes postrados o estolones con crecimiento indeterminado, los cuales se fijan al sustrato por cladohápteras, los ramets o módulos tienen crecimiento determinado con ramificación alterna al igual que el estolón.



Bostrychia radicans. A. Ejemplar herborizado. B. microfotografía mostrando como se divide en tres subunidades la célula apical.

Se presentan dos simulaciones la primera desarrolla el proceso de simulación por sectorización morfológica del alga y la segunda tomando en cuenta en más detalle su desarrollo ontogenético, ambas simulaciones se llevaron a cabo vía computadora por medio del software público Fractint versión 18.2.??.

Primera alternativa simulación.

Con base al crecimiento del alga se establecieron dos fases, primeramente la simulación de aquellas porciones que presentaran crecimiento determinado con ramificación alterna, que en este caso son los ramets o módulos que son las partes erectas del alga; posteriormente este tipo de crecimiento se incorporó a la formación de ejes postrados llamados estolones para que en conjunto simularan al crecimiento clonal de *Bostrychia radicans*.

El programa desarrollado para la simulación se presenta a continuación:

SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA RADICANS.40

Alfabeto: $\{a, b, c, d, e, f, h, r, s, x, y\}$

Axioma: a

Ángulo: 8

Reglas de transformación:

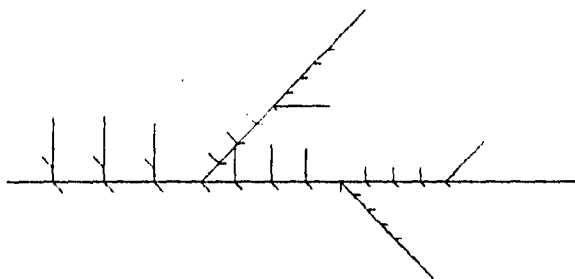
$a \rightarrow$	$f\{+x\}b$	ramificación alterna
$b \rightarrow$	$f\{-y\}a$	
$x \rightarrow$	a	
$y \rightarrow$	b	
$f \rightarrow$	$(1.36)f\{i(1.36)$	factor de proporción decreciente
$c \rightarrow$	$ff(1.1)rffrff(0.9)rffhs$	estolón
$s \rightarrow$	$ff(1.1)rffrff(0.9)rffkc$	
$h \rightarrow$	$\{+s\}\{-d\}$	
$k \rightarrow$	$\{-c\}\{- - d\}$	
$r \rightarrow$	$\{+ + a\}\{-d\}$	construye al ramet
$d \rightarrow$	f	formación del háptera

Las cuatro primeras reglas: a, b, x, y corresponden a la ramificación alternada que se presenta en los ramets o módulos, la regla correspondiente a la f (que es el único elemento del alfabeto que pinta) se refiere al factor de proporción decreciente que se presenta conforme avanzan las iteraciones. Asimismo las cuatro siguientes: c, s corresponde a la formación de ramets y h, k corresponde a la alternancia de las estructuras estoloníferas, de manera análoga la regla que se refiere a r genera a los ramets con su respectiva cladoháptera en la base que a su vez es generada por la última regla de transformación d .

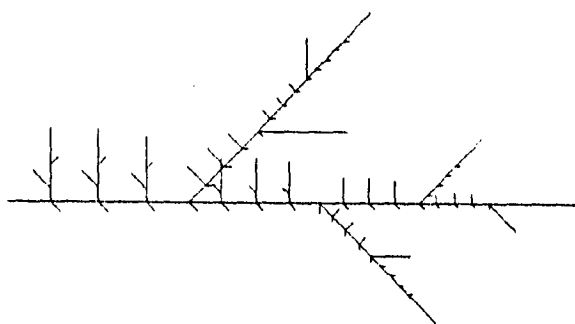


Simulación del crecimiento de *Bostrychia radicans*. Iteración 3

SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA RADICANS.41

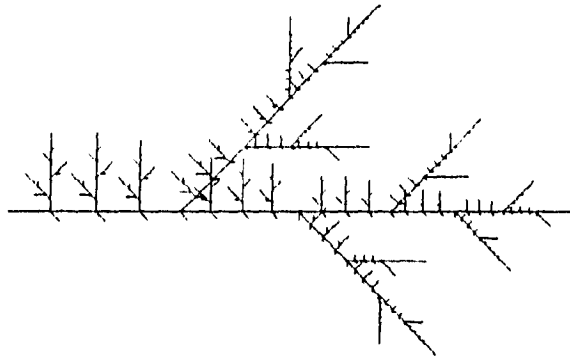


Simulación del crecimiento de Bostrychia radicans. Iteración 5.

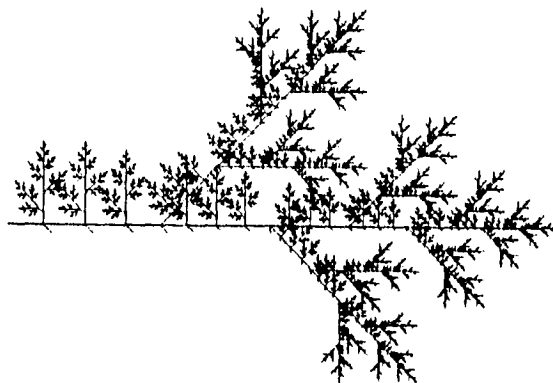


Iteración no. 6.

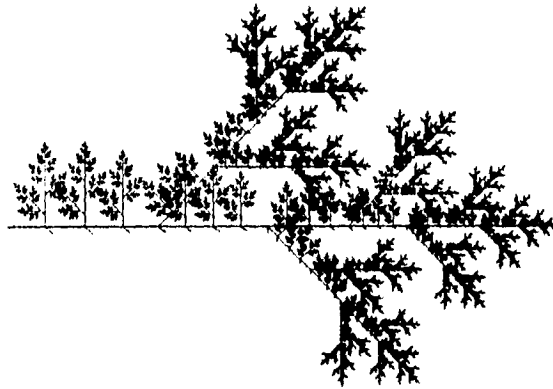
SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA RADICANS.42



Iteración no. 8.



Iteración no. 14.



Iteración no. 16.

Aunque la simulación da una idea de la morfología global de *Bostrychia radicans* los grados de ramificación se dan indefinidamente lo cual no corresponde a la realidad ya que sólo se llega a presentar dos grados de ramificación, además las diferentes iteraciones no representan tan detalladamente el desarrollo como se desearía por lo cual se procedió a realizar una segunda simulación en la cual se tratará establecer las unidades de crecimiento a nivel de la estructura polisifonal y también que reflejará la actividad de la célula apical.

Segunda alternativa de simulación.

La segunda simulación realizada también en el programa Fractint versión 18.2?, la modificación principal fue introducir espacios en la gráfica para poder establecer porciones del talo donde existen células, aún teniendo esta estructura polisifonal, estos espacios se obtienen de manera natural dentro del programa con la instrucción **g**, asimismo se introdujo la modalidad de crecimiento en la parte apical la cual consiste en tres células las cuales corresponden a la formación de ramet, estolón y cladoháptera respectivamente.

Alfabeto: {a, b, c, d, e, f, g, h, k, r, l, o, p, q, r, t, u, v, w, x, y, z}

Axioma: o

Ángulo: 12

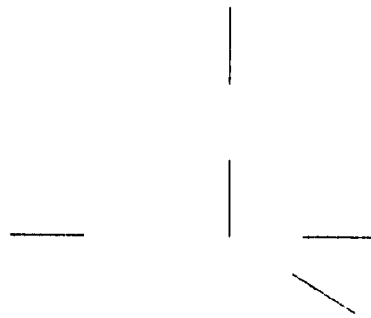
Reglas de transformación:

SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA RADICANS.44

o	→	fgd	unidad de construcción
d	→	g[+ + +fgfgrg][-gf]gfga	actividad apical
a	→	fgfgfgfg[+ + +fgr][-gf]gfgb	construcción de estolón
b	→	fgfgfgfg[+ + +fgr][-gf]gfgc	llama al 2do. ramet
c	→	fgfgfgfg[+ + +fgr][-gf]gfgk	llama al 3er. ramet
r	→	fg[+fgfgn]gfgfgh	construcción de ramet
e	→	[-fgfgx]gfgfgh	retardo de ramets
h	→	[+fgfgx]gfgfzfg	retardo de ramets
k	→	fgfgfg[+ + +fgr][-fga]gfgl	retardo de ramets
l	→	fgfggf[+ + +fgr][-gf]	llama ramet de estolón lateral
p	→	fgfgfg[+ + +fgr][-gf]gfgq	llama estolón lateral derecho
q	→	fgfgfgl	distancia entre ramet y estolón
t	→	fgfgfg[+ + +fgr][+fga]gfga	llama el estolón lateral izquierdo
u	→	[+fgfgf]gfg	2do. orden de la primera rama
x	→	[-fgfgf]gfg	2do. orden de la segunda rama
w	→	[+fgfgf]gfg	3ra rama de primer orden
z	→	[-fgfgf]gfg	4ta. rama de primer orden

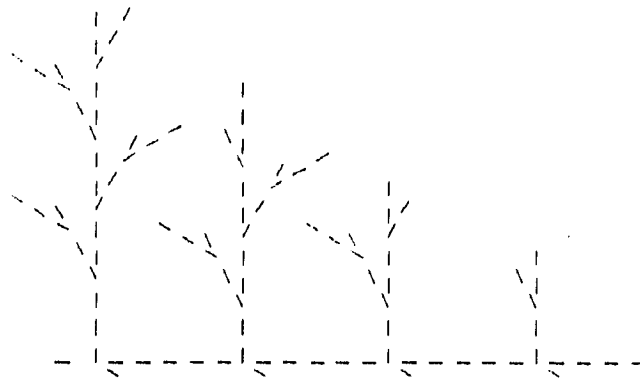
En este caso no se dio un factor de proporción por medio de contracciones, ya que la proporcionalidad en tamaños de los ramets esta dado por los tres retardos dados en la regla referente a *r*.

En la segunda reescritura se observa la actividad de la célula apical, es decir la división en tres: una para el cladoháptera, una para el eje determinado (que formará el ramet) y el eje indeterminado.



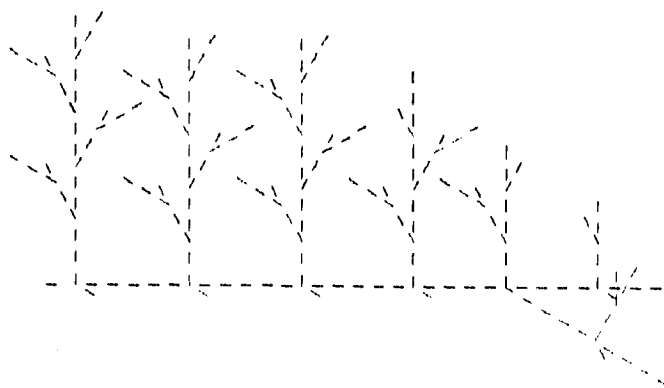
Iteración no. 2.

SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA RADICANS.45



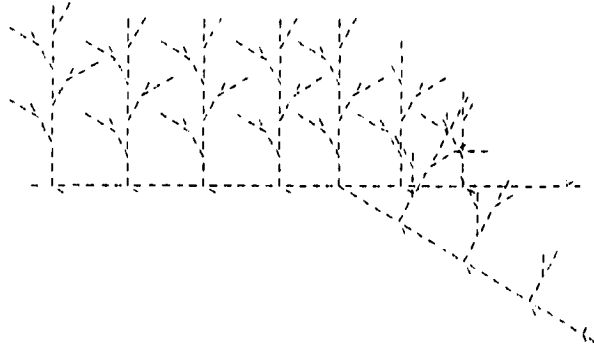
Iteración no. 6.

Aproximadamente cada cinco módulos o ramets se forma un eje postrado o estolón, este eje tiene crecimiento indeterminado, además en el sitio donde se forma el estolón también sale el ramet.

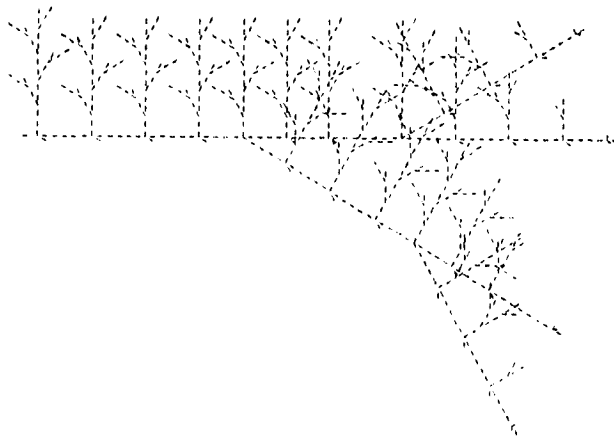


Iteración no. 8.

SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA RADICANS.46

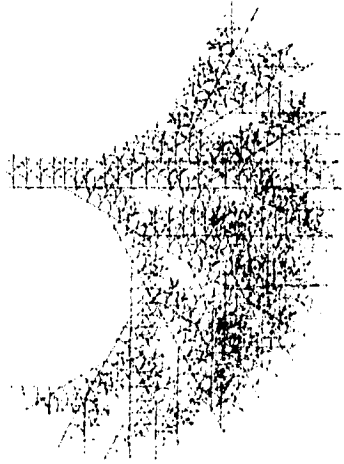


Iteración no. 12.



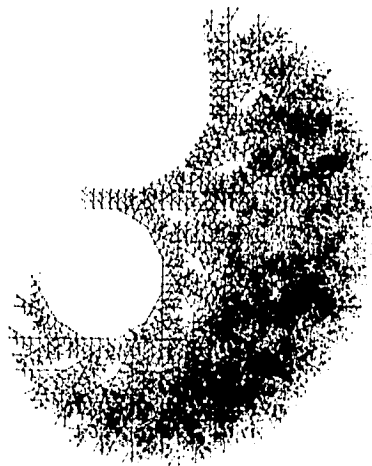
Iteración no. 18.

SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA RADICANS.47

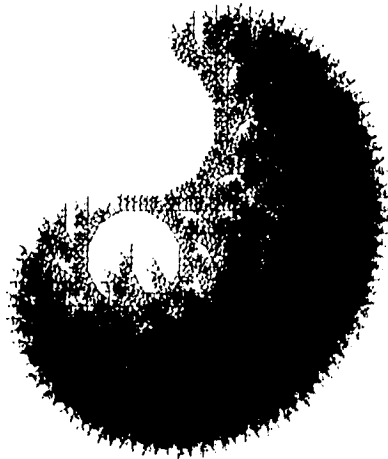


Iteración no. 30.

La invasión que va teniendo la especie tiene una forma circular que se va rodeando y sobreponiendo, lo propuesto del tipo de crecimiento teórico es de tipo falange, es decir, va cubriendo el espacio conforme el háptera va encontrando espacio disponible.



Iteración no. 35.



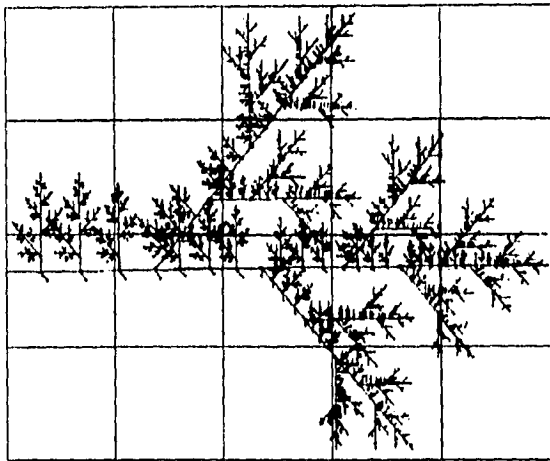
Iteración no. 50

Dimensión fractal de *Bostrychia radicans*.

Un siguiente paso a seguir fue calcular la dimensión fractal del alga, evidentemente es difícil cuantificar el número de partes y ponerlo en correspondencia con los factores de expansión que se fueron dando por lo cual se expone una vía alternativa basada en las ideas de Peittgen, et al. [28](1993).

Se construye un rectángulo tal que el área que contenga el objeto del cual se quiera obtener la dimensión fractal (dicho objeto de antemano se sabe que tiene una dimensión entre 1 y 2), en el rectángulo se ajustará casi al tamaño del objeto, en este caso se ajustará al ancho de la imagen obtenida en la primera simulación de *Bostrychia radicans*.

En el rectángulo se realizará una serie de particiones para conformar un tipo de rejilla en la cual se cuantificarán el número de subparticiones que intersectan alguna porción del objeto (del alga) y se correlacionará con el factor de la partición que se halla realizado.



Rejilla con una partición de 4.



Rejilla con una partición de 64.

De tal modo que para cada partición se tiene una pareja de la forma $\ln N_i$ y $\ln \left(\frac{1}{e} \right)_i$ (número de partes y factor de expansión de la i -ésima partición).

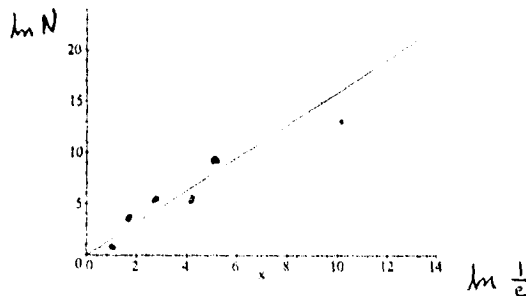
c	N	$\frac{1}{c}$	$\ln N$	$\ln\left(\frac{1}{c}\right)$
$\frac{1}{4}$	15	4	2.7080502	1.3862944
$\frac{1}{8}$	41	8	3.7135721	2.0794415
$\frac{1}{16}$	153	16	5.0304379	2.7725887
$\frac{1}{32}$	385	32	5.9532433	3.4657359
$\frac{1}{64}$	1200	64	7.0900768	4.1588831

las cuales en un espacio $\ln N$ vs. $\ln\left(\frac{1}{c}\right)$ asemeja a una recta cuya ecuación está dada por:

$$\ln N = m \cdot \ln\left(\frac{1}{c}\right)$$

de la cual si se despeja a m se obtiene:

$$m = \frac{\ln N}{\ln\left(\frac{1}{c}\right)}$$



entonces la dimensión fractal del objeto estará dada por la pendiente que mejor se ajuste al conjunto de puntos (parejas de la forma N_i y $\left(\frac{1}{c}\right)$) en el espacio $\ln N$ vs. $\ln\left(\frac{1}{c}\right)$. Dicha recta se puede obtener por un método de aproximación lineal como el de mínimos cuadrados (ver Apéndice).

x_i	y_i	$(x_i)^2$	$x_i \cdot y_i$
1.3862944	2.7080502	1.9218121	3.7541548
2.0794415	3.7135721	4.3240769	7.7321559
2.7725887	5.0304379	7.6872480	13.947335
3.4657359	5.9532433	12.011325	20.632369
4.1588831	7.0900768	17.296308	29.486801
13.862944	24.495383	43.240771	75.542815
192.18122	$= (\sum x)^2$		

Utilizando la fórmula de estimación de la pendiente m por el método de mínimos cuadrados (ver Apéndice):

$$m = \frac{n \cdot \sum_{i=1}^n x_i \cdot y_i - \sum_{i=1}^n x_i \cdot \left(\sum_{i=1}^n y_i \right)}{n \sum_{i=1}^n (x_i)^2 - \left(\sum_{i=1}^n x_i \right)^2} \quad (3.5)$$

y sustituyendo en los valores obtenidos:

$$m = \frac{5(75.542815) - 13.862944(24.49538)}{5(43.240771) - (13.862944)^2}$$

$$m = 1.5875025$$

Donde efectivamente se obtiene un valor entre 1 y 2. La dimensión fractal seguramente es sólo uno de los tantos componentes para establecer la complejidad morfológica de *Bostrychia radicans*, sin embargo, aunque se tenga este u otros valores de dimensión fractal es necesario correlacionarlos con alguna característica biológica o ecológica que permita aquilatar la posible utilidad de la dimensión como una medida de complejidad. Dicha característica desde luego debe estar relacionada con la estructura y puede proponerse, entre otras muchas cosas, la cantidad y tipo de invertebrados que puedan vivir en ella.

Simulación del crecimiento clonal de *Bostrychia calliptera*.

Bostrychia calliptera es otra especie que habita en las raíces de manglar de las lagunas costeras, las diferencias más significativas con respecto a *Bostrychia radicans* es que la fijación al sustrato es por perihápteras que se presentan como filamentos con un nivel de organización distinto al polisifonal que se presenta en el resto del alga; los ramets están formados por tres ejes principales que salen del mismo punto y tanto estos como el estolón presentan una ramificación alterna que sólo llega a un orden y se presenta tanto en los ramets como en los estolones.

La simulación se llevó a cabo utilizando los criterios generales empleados en la segunda simulación de *Bostrychia radicans*, es decir, no se tomo un factor de proporción para el crecimiento y se esquematizó con espacios vacíos la delimitación de las unidades de crecimiento.

Axioma z

Ángulo 15°

Reglas de transformación.

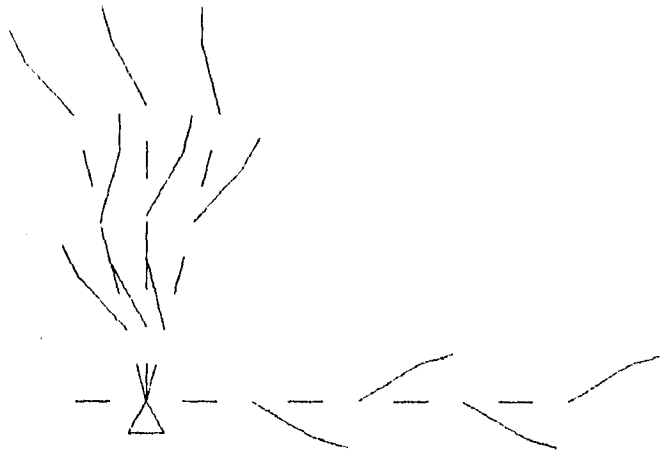
SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE *BOSTRYCHIA CALLIPTERA*.52

- $z \rightarrow fga$
- $a \rightarrow [+++++fg[+ + ff - f]gb][+++++fg[+ + ff - f]gb]$
 $[+++++fg[+ + ff - f]gb]\{w\}gn$
- $b \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gc$
- $c \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gd$
- $d \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]ge$
- $e \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gf$
- $n \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gfg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]go$
- $o \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]g:fgfg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gp$
- $p \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gfg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gq$
- $q \rightarrow xg[- - fg]v$
- $x \rightarrow [+++++fg[+ + ff - f]gb][+++++fg[+ + ff - f]g'$
 $[+++++fg[+ + ff - f]gb]\{w\}$
- $r \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gfg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gs$
- $s \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]g:fgfg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gt$
- $t \rightarrow fg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gfg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gv$
- $u \rightarrow [- - ff + f]gfg[+ + ff - f]gfg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]$
 $gfg[- - ff + f]gfg[+ + ff - f]ga$
- $v \rightarrow xg[+ + fg]u$
- $g \rightarrow g$
- $w \rightarrow - - - - - f - - - - - f - - - - - f$

En este caso los ramets son generados por la regla a , sus ramas principales por las reglas $b, c, d, y e$, los estolones estan formados con las reglas: n, o, p, q, r, s, t y v , los perihápteras por w y los estólones alternados por u .

Se presentan a continuación las imágenes de las iteraciones 3, 5, 10, 20, 30 y 50.

SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA CALLIPTERA.53

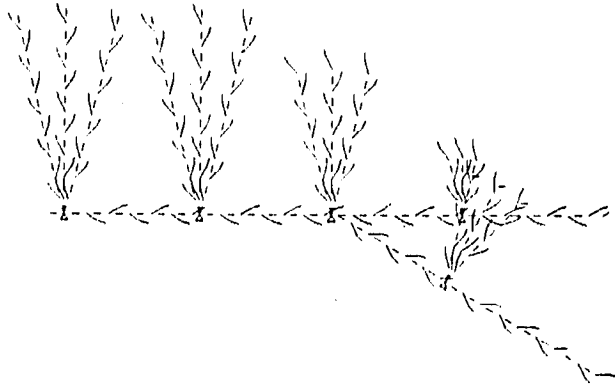


Iteración no. 3.

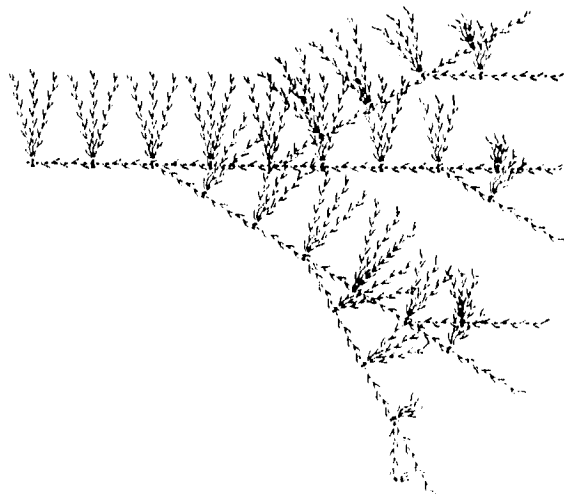


Iteración no. 5.

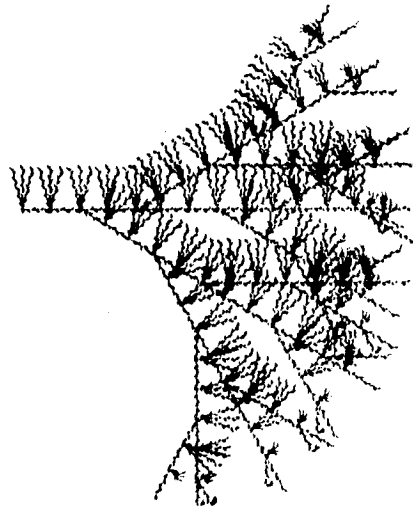
SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA CALLIPTERA. 54



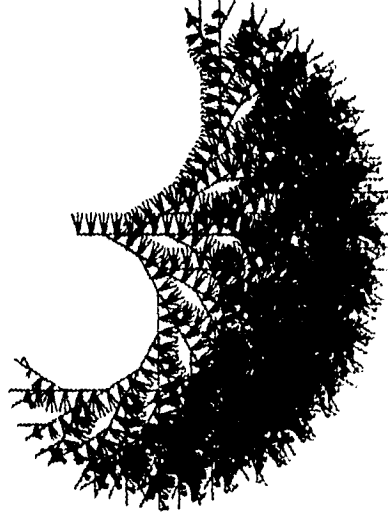
Iteración no. 10.



Iteración no. 20.



Iteración no. 30.



Iteración no. 50.

La siguiente etapa a seguir es por un lado realizar la simulación en tres dimensiones y por otro establecer dicha simulación en un cilindro, o sea la forma aproximada de las raíces de manglar que es el sustrato de las especies del género *Bostrychia*.

Además es necesario, aprovechar las ventajas de simulación para poner simultáneamente a las dos especies en un mismo sustrato para poder visualizar la

*SIMULACIÓN DEL CRECIMIENTO CLONAL DE BOSTRYCHIA CALLIPTERA.*56

competencia por el espacio y así poder pasar de hipótesis de crecimiento teórico a un crecimiento de tipo más real.

Capítulo 4

Aspectos matemáticos en biología del desarrollo animal.

En este caso el objeto de estudio son los animales, un grupo muy diverso del cual su amplia gama de formas involucradas desde luego con su desarrollo y evolución, es la principal motivación de este capítulo, donde se puntualiza que hasta el momento la gran mayoría son propuestas de temas de investigación a desarrollar y los aspectos que se lograrán materializar, como es el caso de las simulaciones son muy puntuales.

Morfología y Sistemática Animal.

Inicialmente se dará una panorámica general sobre la sistemática a nivel de grandes taxas ya que lo importante y deseable a futuro es manejar un conjunto de implementaciones que repercutan en disciplinas como la taxonomía, la paleontología y la biogeografía pero a nivel de grandes grupos, si bien es cierto que el punto de partida en todo trabajo biológico debe ser la especie, en el caso de la mayoría de los más de 20 phyla (o grupos naturales) de animales, en especial los invertebrados, la diversidad es tan amplia que se trabajan por medio de planes estructurales básicos.

Las categorías taxonómicas empleadas en la sistemática de los seres vivos son conceptos elaborados por el hombre y por lo tanto cotidianamente son discutidas sus limitaciones y sus respectivas validaciones para un determinado espacio tiempo.

Por ejemplo, la categoría taxonómica, más alta en esta jerarquía, el Reino, en las últimas décadas ha sufrido modificaciones y muchos grupos de organismos han pasado de uno a otro reino, como es el caso de ciertos microorganismos. Sin embargo, actualmente se consideran cinco reinos: Monera, Protista, Fungi, Plantae y Animalia; dentro de este último se puede incluir, siguiendo la corriente de Whitacker, al subreino protozoa dentro del reino Animal o bien incluir a los protozoarios como un grupo dentro del reino protista.

Considerando o no a los protozoarios dentro del reino animal, los metazoarios o "animales verdaderos" quedan en la categoría de subreino; la gran diversificación a

través de su desarrollo evolutivo ha propuesto, adicionalmente, la implementación de una serie de categorías taxónomicas auxiliares entre el reino y el phylum (división en el caso de plantas), es decir, *Reino*, *Subreino*, *Rama*, *Grado*, *Subgrado*, *Superphylum* y *Phylum*, conformando así la siguiente clasificación para el subreino Metazoa:

Reino Animalia				
Subreino Metazoa				
Rama	Grado	Subgrado	Phyla	
Agnatoozoa			Mesozoa	
Phagocytellozoa			Placozoa	
Parazoa			Porifera	
Eumetazoa	Radiata		Ej: Cnidaria	
	Bilateria	Acoelomata	Ej: Platyhelminthes	
		Pseudocoelomata	Ej: Nematoda	
		Coelomata	Ej: Arthropoda	

Las ramas representan el nivel en la formación de tejidos, de hecho, los organismos que no son eumetazoarios se les considera que no tienen tejidos verdaderos; el grado refleja el tipo de simetría global y el subgrado el tipo de cavidad celómica (si es que presenta) por lo cual es posible establecer patrones que reflejen la sistemática, la filogenia y la morfología de los metazoarios. Uno de los esquemas más ilustrativos a esto son las ideas propuestas por Willmer[40] (1990), en estos se contemplan como:

a) Patrones de simetría:

Bilateral es decir que sólo es necesario un plano para tener la figura simétrica, es decir en dos partes iguales, por ejemplo en cuanto a morfología externa todos los phyla de gusanos entran en ésta categoría

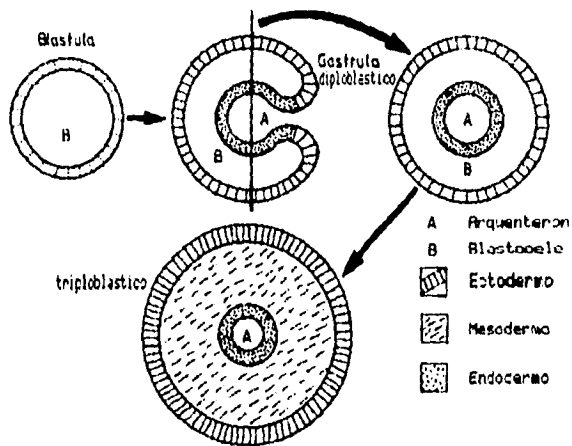
Radial puede tener dos o más planos para tener subunidades iguales, ejemplo las medusas

b) Hojas blastodérmicas Fig :

Ectodermo que es la hoja más externa obtenida a partir del proceso de gastrulación, de estas provienen los derivados dérmicos y los órganos nerviosos.

Endodermo, es la hoja más interna, de ésta se deriva todo lo referido a los aparatos digestivos.

Mesodermo que es la capa que queda en medio de las dos anteriores y de la cual se derivan los paquetes musculares y demás vísceras.



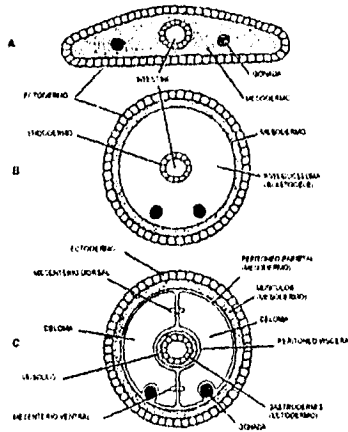
Hojas blastodérmicas. Modificado de Willmer 1990.

c) Cavidades corporales

Acelomados, es decir que no presenta celoma como ejemplo se tienen a los gusanos planos o platelmintos.

Pseudocelomados o sea que presentan un celoma derivado del blastocoele que no está recubierto de peritoneo, como ejemplo se tienen a los gusanos redondos o nemátodos.

Celomados que presentan un verdadero celoma que está cubierto por peritoneo, como ejemplo se tiene a los cordados.



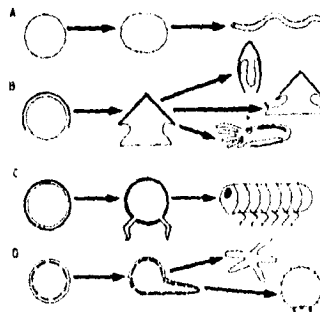
Cavidades celómicas. A. acelomado, B. pseudocelomado y C. Pseudocelomado. Modificado de Brusca 1990.

d) Metamerismo:

Segmentación en este caso no se debe confundir con el término empleado en biología del desarrollo (cleavage en inglés) si no a las partes en que pueda estar seccionado un organismo.

Metamerismo que es la regionalización de grupos de segmentos..

Sistemas esqueléticos (Fig.). que pueden no tener como es el caso de la mayoría de los gusanos, esqueleto externo parcial como lo son las conchas de los moluscos, un exoesqueleto completo como la cutícula de los artrópodos o un endoesqueleto como el sistema de placas en los equinodermos.



Sistemas esqueléticos. A. hidrostático. B. exoesqueleto parcial, C. exoesqueleto completo. D. endoesqueleto.

Todo lo anterior brinda una gama de posibilidades de conformar patrones o modelos más complejos que puedan resaltar más la biología de los animales y

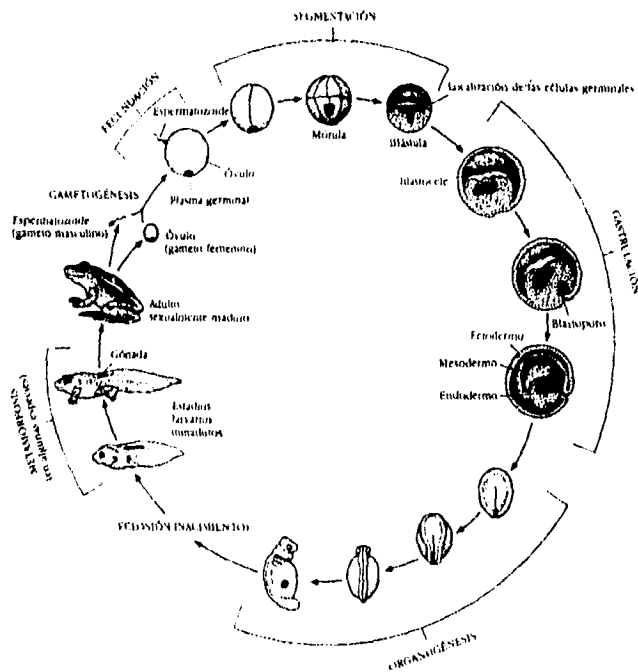
desde luego susceptibles de ser matematizables.

En este trabajo sólo se mencionaran algunos puntos un tanto aislados sobre su simulación o bien su posible conformación como propuesta biomatemática, por ejemplo el poder caracterizar a las cavidades a los planes corporales como superficies en un espacio tridimensional, las cuales al tener ciertas transformaciones de tipo topológicas, es decir "estiramientos sin ruptura" puedan simular su desarrollo a través del tiempo o bien el caracterizar la forma biológica no sólo a partir de objetos de la geometría euclídeana sino también con elementos de otro tipo de geometrías o con nuevos grupos de transformaciones de éstas.

Biología del desarrollo en animales.

De una manera clásica se consideraba a la embriología como el área de estudio de la biología encargada del estudio de las distintas fases ontogenéticas por las cuales pasa todo ser vivo, bajo esta idea las entidades que conforman todas y cada una de las fases es lo que se conocen como *individuo* y la conjunción de todas estas etapas con sus respectivos individuos conforman a lo que se maneja como *organismo*.

Este conjunto de fases ontogenéticas que conforman a la embriogenesis son: *gametogénesis*, *segmentación*, *gastrulación* y *organogénesis*; sin embargo es importante considerar adicionalmente los cambios que sufren los organismos desde el momento de su nacimiento hasta su muerte, ya que en la mayoría de los casos los cambios que sufren son tan significativos, como es el caso de la metamorfosis en los anfibios, que repercute no solamente en el ámbito fisiológico sino que también en el ecológico.



Fases de la Biología del Desarrollo. Tomado de Gilbert, 1986.

Por lo cual el término de embriología se sustituirá por el de *biología del desarrollo*, el cual resulta ser más completo si se considera la relevancia que tiene la biología del desarrollo con otras disciplinas de la biología como es el caso de la fisiología, ecología, evolución y taxonomía.

La *gametogénesis* se refiere al proceso donde las células germinales producen los gametos que se unirán en el momento de la fecundación, desde este punto de vista los animales presentan dos tipos de células; las somáticas y las germinales, las primeras conforman la parte del individuo que no están destinadas a la reproducción, al contrario de las segundas.

En la *gastrulación* se llevan a cabo los movimientos concernientes a la formación de las tres capas blastodérmicas; endodermo, mesodermo y ectodermo, también desde un principio se origina el blastocele que es una cavidad que se forma posterior a la blastula.

Adicionalmente han sido caracterizados cinco tipos de movimientos generales de migración de células y de tejidos durante el proceso de gastrulación:

Epitholia que es el movimiento de hojas epiteliales (generalmente células ectodérmicas) que se expanden para envolver las hojas más internas.

Involución es el plegamiento hacia dentro de regiones de células.

Involución es la intrusión de una capa externa en expansión, se desparrama por la superficie interna de las restantes células exteriores.

Ingresión es la migración de células aisladas desde capas superficiales al interior.

Delaminación es el desglose de una capa de células en dos.

En la *organogénesis*, que es una etapa de mayor evidencia y estudio en los vertebrados, concierne a la formación de órganos, sistemas y aparatos previos a la eclosión o nacimiento, algunos de los procesos más interesantes que han sido susceptibles de modelarse es la neurulación, es decir la formación del sistema nervioso a partir del ectodermo.

Patrones de segmentación.

Segmentación es la partición del cigoto en varias subunidades y es la etapa donde es mayor la velocidad de crecimiento del número de células y en la mayoría de los organismos no existe un aumento del volumen.

El número de unidades obtenidas a partir de la división del cigoto se puede expresar como 2^n donde n es igual al paso de división obtenido, es decir, en el momento de inicio el cigoto 2^0 es la unidad o cigoto, 2^1 que es la primera división es igual a dos subunidades o blastómeros y así sucesivamente. Se consideran dos mecanismos en la segmentación: la Cariocinesis y Citocinesis.

Los criterios para establecer los tipos de segmentación han sido establecidos con base en la cantidad de proteína vitelina (vitelo) en el cigoto, el tipo de partición y el el ángulo del huso acromático y cronometraje de formación.

El cigoto, dependiendo de su contenido y distribución de vitelo, se le puede clasificar en:

Isolecítico que es cuando la cantidad de vitelo es relativamente escasa, lo que permite particiones a lo largo del cigoto.

Mesolecítico es decir, que tiene una mayor cantidad de vitelo.

Telolecítico que tiene concentrado el vitelo pero en la parte inferior del cigoto, que es lo que se conoce como el polo vegetal.

Centrolecítico que es cuando tienen concentrado el vitelo en el centro del cigoto.

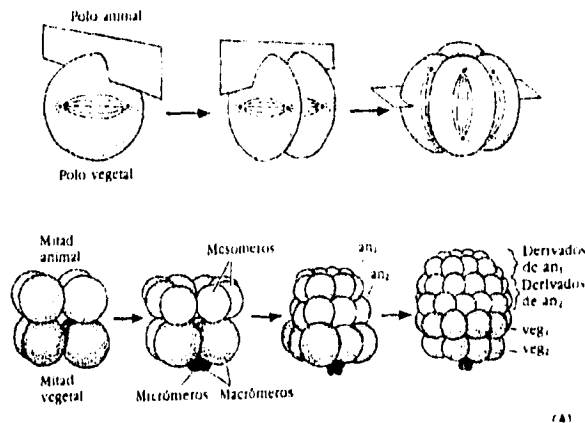
Desde luego es importante la cantidad y distribución del vitelo ya que de esto depende el tipo de partición que se lleve a cabo en este caso para cigotos, es decir, para cigotos con escaso o poco vitelo distribuido uniformemente (Isolecítico o Mesolecítico) se da una partición completa o sea *Holoblástica* y en el caso de los cigotos con zonas de alta concentración de vitelo se presenta una partición parcial, es decir sólo en la zona de baja concentración de vitelo o sea una partición *Meroblástica*.

Para el caso de la partición holoblástica o más correctamente segmentación holoblástica se pueden presentar cuatro subtipos en base a la inclinación de los planos de segmentación, en este caso pueden ser *radial* (en planos perpendiculares y paralelos), *espiral*, *rotacional* y *bilateral*.

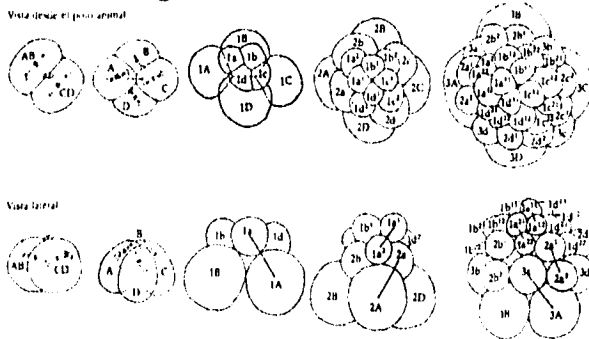
Para la segmentación meroblástica se puede presentar los subtipos *discoidal* (se da sólo en parte superior, en forma de un disco) y *superficial* (alrededor de todo el cigoto).

Por lo tanto si se toman en consideración estos tres criterios se establecen 8 tipos globales de segmentación que se enuncian a continuación:

Tipo global de segmentación	Ejemplos
1 Holoblástica radial isolecítica	Equinodermos
2 Holoblástica radial mesolecítica	Anfibios
3 Holoblástica espiral isolecítica	Anélidos
4 Holoblástica rotacional isolecítica	Ascídias
5 Holoblástica bilateral isolecítica	Mamíferos
6 Holoblástica bilateral mesolecítica	Cefalópodos
7 Meroblástica discoidal telelecítica	Peres
8 Meroblástica superficial centrolecítica	Insectos



Segmentación holoblástica radial.



Segmentación holoblástica espiral. Tomado de Gilbert, 1986.

Simulación de patrones de segmentación.

Se presentan a continuación las propuestas para llevar a cabo la simulación de los distintos tipos de segmentación, se toma como ejemplo a la segmentación holoblástica radial que es una de las más sencillas, además se presentan intentos para la segmentación espiral y el tipo de partición meroblástica discoidal.

La simulación de se llevo acabo en dos fases: la primera consistió en emplear una modalidad de los sistemas-L, utilizados en el capítulo 1, pero ahora para objetos tridimensionales; la segunda consistió en utilizar las iteraciones sucesivas sobre superficies contenidas en espacios tridimensionales, las iteraciones de dichas superficies se elaboraron por medio del programa Evolver.

El vínculo de estos dos caminos para conformar la simulación sólo queda esbozado y es una línea de trabajo a desarrollar en el área de programación, sin embargo las dos alternativas utilizadas por separado tienen una validez y una interpretación biológica propia. Por lo cual se tratará por separado las dos alternativas.

Sistemas-L en la simulación de la segmentación.

En el capítulo uno se estableció la definición de los Sistemas-L como la terna ordenada $L = (V, \omega, P)$, donde V es el alfabeto, ω el axioma y P el conjunto de reglas de transformación. A partir de esta se tomarán extensiones la primera para modelar capas celulares por medio de sistemas-L bidimensionales o sistemas-L de mapa [2], y la segunda para modelación de estructuras celulares en tercera dimensión, es decir los sistemas-L tridimensionales o bien Sistemas-L de trabajo en células.

Sistemas-L bidimensionales.

La idea es representar en el plano las estructuras celulares por medio de un tipo especial de gráfica llamados *mapas* con las siguientes características:

- a) Un mapa es un conjunto finito de regiones las cuales a su vez están limitadas por aristas que convergen a vértices.
- b) Cada arista tiene dos vértices asociados a esta, además cada arista es parte de la frontera de la región y
- c) El conjunto de aristas está conectado.

Un mapa corresponde a una visión microscópica de una capa de células, las regiones representan a las células y las aristas a las paredes que a su vez son perpendiculares al plano de visión, los componentes subcelulares como es el caso de los organelos no son considerados para la simulación.

El proceso de división celular puede describirse como una reescritura del mapa, en general los sistemas de reescritura de mapas son categorizados como reescritura paralela.

Por lo cual se implementa el uso de los *sistemas-L marcadores binarios de propagación de mapas* (sistemas-L mBPM) ya que el sistema binario permite la división entre más de dos regiones hijas; se habla de *propagación* en el sentido de que las aristas no se pueden borrar, las regiones (células) no se pueden "morir", adicionalmente las especifican la posición de inserción de borde entre las regiones.

Entre las ventajas mencionadas por Prusinckievich [2] se encuentra la interpretación de las marcas como compartimentos biológicos en bandas de microtúbulos en la profase, que adicionalmente coincide con los sitios de achatamiento

para la división de membranas que se forman durante la mitosis.

Por lo tanto se establece la definición de los (sistemas-L mBPM).

Definición Un sistema-L mBPM (marcadores binarios de propagación de mapas) es una terna G de la forma

$$G = \langle \Sigma, \omega, P \rangle$$

donde Σ es un conjunto finito de aristas que conforma a el alfabeto, ω que es un mapa inicial formado por aristas contenidas en Σ y P que es conjunto finito de producciones de aristas.

Sistemas-L tridimensionales.

Para la simulación de estructuras tridimensionales Lindenmayer [24] propone una extensión a los sistemas-L mBPM basada en unidades llamadas "células de trabajo" las cuales presentan las siguientes características:

a) una *célula de trabajo* es un conjunto finito de células, cada célula a su vez es limitada por una o mas caras.

b) cada *cara* esta rodeada por una secuencia circular finita de aristas que convergen en vértices.

c) las caras no pueden intersectarse sin la formación de una arista, aunque puede haber caras sin aristas (en este caso se formarían como esferas o como toros).

d) la cara es parte de la frontera de la célula y el conjunto de caras esta conectado.

Definición Un sistema-L mBPC (marcador binario de propagación de células de trabajo) es la terna G de la forma:

$$G = \langle \Sigma, \Gamma, \omega, P \rangle$$

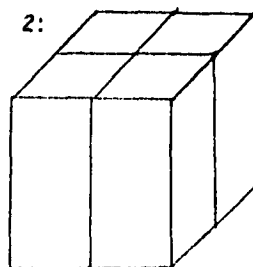
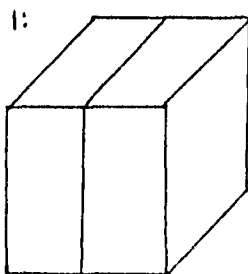
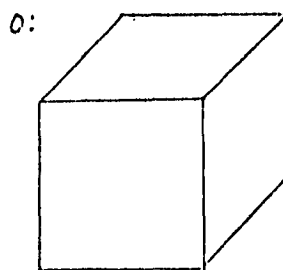
donde Σ es un alfabeto finito de aristas, Γ es un conjunto finito de caras etiquetadas, ω es la célula de trabajo inicial, la cual está dada por una lista de caras con sus respectivas aristas y finalmente P es el conjunto de producciones o reglas de transformación.

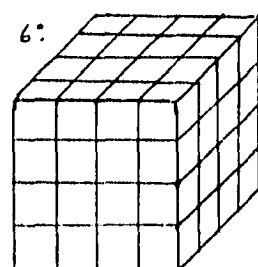
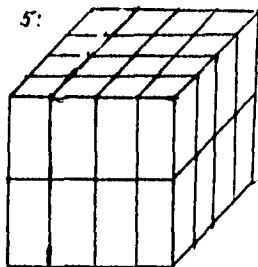
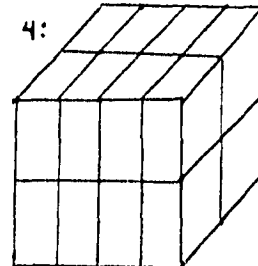
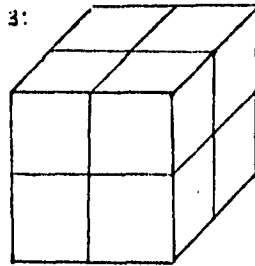
En este caso las aristas pueden o no estar dirigidas es decir ser interpretadas como un vector, lo cual está indicado con una flecha en la parte superior. Las producciones son de la forma $A : x \rightarrow y$, donde $A \in \Sigma$ es una arista que funciona como el predecesor, la cadena $x \in \Gamma$ denota el conjunto de caras que fungirán como paredes y la cadena $y \in \Sigma$ es el sucesor.

Programa en sistemas-L de la segmentación holoblástica radial.

Reglas de transformación

$$\begin{aligned} A: 1 &\rightarrow \frac{1}{2}(B)[A_2]\frac{1}{2}(B) \\ A: 2 &\rightarrow \frac{1}{2}(B)[C_2]\frac{1}{2}(B) \\ B: 1 &\rightarrow A \\ B: 2 &\rightarrow A \\ C: 1 &\rightarrow D \\ D: 1 &\rightarrow \frac{1}{2}(B)[A_2]\frac{1}{2}(B) \end{aligned}$$





Iteraciones en sistemas-L de la simulación holoblástica radial.

Simulación en el Programa EVOLVER

La segunda parte de la simulación global de la segmentación consiste en que una vez obtenidas las particiones de los cubos (es decir de las células de trabajo iniciales) se procede a *iterarlos*, es decir, que dado un objeto, en este caso un cubo, las aristas se reacomodan de tal forma que las caras se van triangulando

para formar más caras conforme va aumentando las iteraciones; de este modo se esperaría que cuando el número de iteraciones tiende a infinito el número de caras también tiende a infinito para conformar una superficie que al tener un volumen fijo minimiza el área, que en este caso dicha superficie es la esfera.

Dichas iteraciones se realizaron en la versión 1.88a del program Evolver, Brakke [3] (1993). mediante una estación de trabajo Silicon Graphics, la visualización se efectuó a través del programa Geomview, versión 1.4.3.

Brevemente el procedimiento consistió en que por medio de un editor se escriben y numeran debidamente el total de vértices, aristas, caras y cuerpos que se quieran iterar; numerarlas adecuadamente significa que los vértices deben estar dados por coordenadas en un espacio tridimensional, las aristas por los números asignados a los vértices, las caras estarán asignadas por las aristas que las limitan y en un orden y en una dirección tal que los vectores normales a dicha cara siempre apunten hacia afuera.

La estructura del archivo, para la primera partición de la *segmentación holoblástica radial* para ser leído posteriormente por el programa Evolver es la siguiente:

```
// segholrad.fe // Evolver data for cube of prescribed volume.
```

```
vertices
```

```
1 0 0 0
2 1 0 0
3 1 1 0
4 0 1 0
5 0 0 1
6 1 0 1
7 1 1 1
8 0 1 1
```

```
edges /* given by endpoints and attribute */
```

```

1  1  2
2  2  3
3  3  4
4  4  1
5  5  6
6  6  7
7  7  8
8  8  5
9  1  5
10 2  6
11 3  7
12 4  8

```

faces /* given by oriented edge loop */

```

1  1 10 -5 -9
2  2 11 -6 -10
3  3 12 -7 -11
4  4 9  -8 -12
5  5 6  7  8
6  -4 -3 -2 -1

```

bodies /* one body, defined by its oriented faces */

```

1  1 2 3 4 5 6 volume 1

```

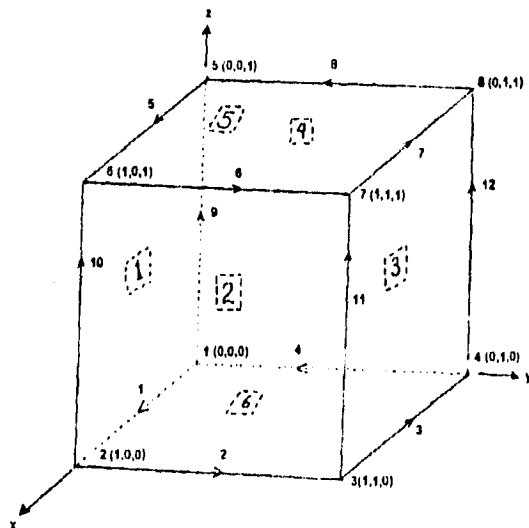
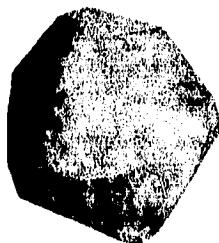


Ilustración del cubo con sus vértices numerados y determinados con un sistema de coordenadas de la (x,y,z) ; las aristas con su respectiva dirección y finalmente las caras.

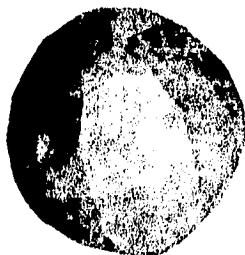
Una vez establecidos todos y cada uno de los archivos se procedió a iterarlos y a visualizarlos en el Geomview versión 1.4.3. obteniéndose las siguientes imágenes.



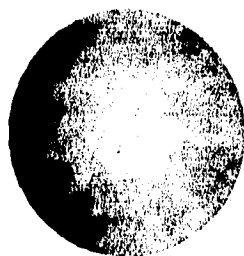
Cubo generado en EVOLVER para la simulación del cigoto.



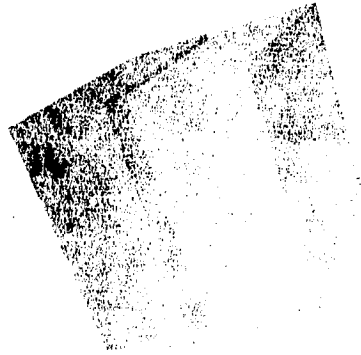
Cubo con 15 iteraciones.



Cubo con 40 iteraciones



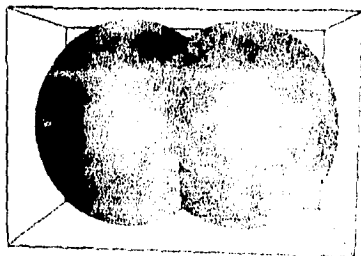
Cubo con 50 iteraciones. Cigoto



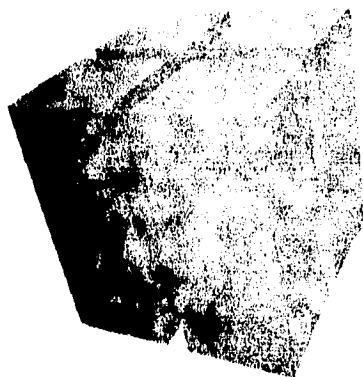
Primera partición de la segmentación holocástica radial



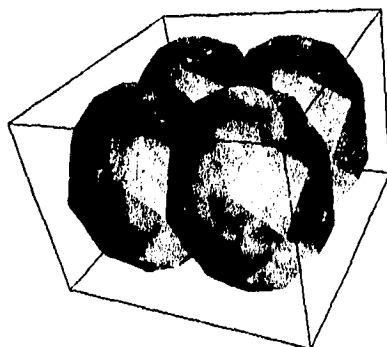
Primera partición de la segmentación holocástica radial con 20 iteraciones.



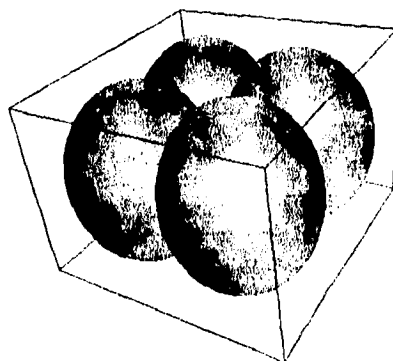
Primera partición de la segmentación holoblástica radial con 50 iteraciones.



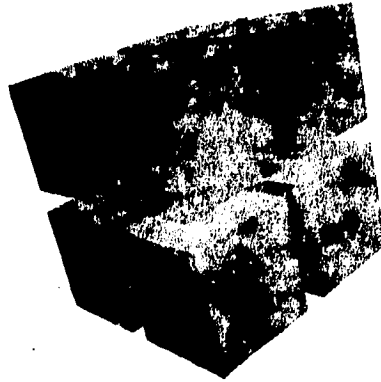
Segunda partición del cubo para la segmentación holoblástica radial.



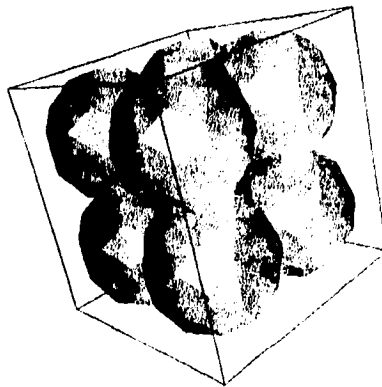
Segunda segmentación holoblástica radial con 25 iteraciones.



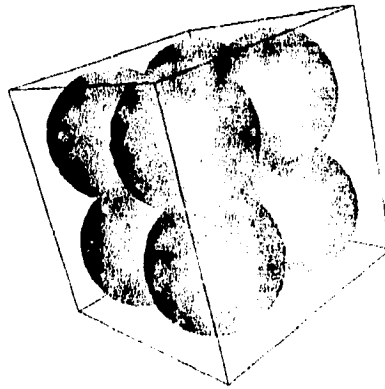
Segunda segmentación holoblástica radial con 50 iteraciones.



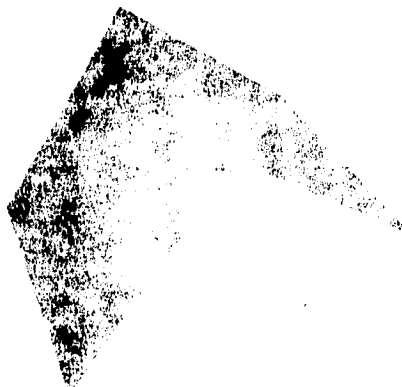
Tercera partición del cubo para la segmentación holoblástica radial.



Tercera partición de la segmentación holoblástica radial con 28 iteraciones.



Tercera partición en la segmentación holoblástica radial con 50 iteraciones.

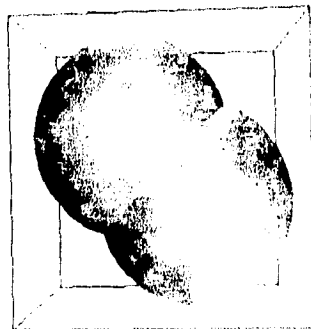


Primera partición del cubo para la segmentación holoblástica espiral

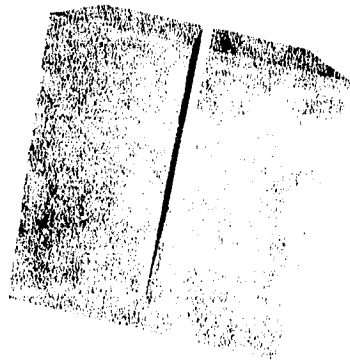
ESTA TESIS NO DEBE
SALIR DE LA BIBLIOTECA



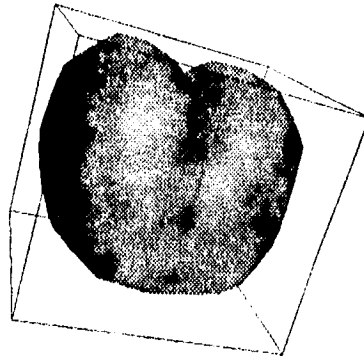
Primera partición para la segmentación holoblástica radial con 25 iteraciones.



Primera partición para la segmentación holoblástica radial con 50 iteraciones.



Primera partición del cubo para la segmentación meroblástica discoidal.



Primera etapa de la segmentación meroblástica radial con 50 iteraciones.

Aspectos matemáticos de la forma biológica.

Uno de los cuestionamientos importantes en Biología es como se hereda la forma, el cambio de ésta en el proceso de desarrollo de los organismos y sobre todo el por qué las plantas o los animales tienen una cierta forma geométrica.

En su tiempo Rashevsky [30](1967) consideraba que en el sentido estrictamente matemático un animal dado, no tiene una forma determinada y proponía un "principio de proyección adecuada" el cual aseguraba que si las funciones biológicas estaban definidas de antemano, entonces, la forma del organismo determina tales funciones.

Por su parte Rosen [34](1967) formuló un problema de tipo variacional para los cambios filogenéticos y ontogénéticos de la forma orgánica, sin puntualizar esto último.

Sin embargo, definir o más bien reducir a otros conceptos el problema de la forma de un organismo no da respuesta a un cuestionamiento integral de lo que sucede.

No obstante, la dificultad inherente a la descripción formal de la forma de los organismos, siempre impresiona su admirable simetría o sus peculiares regularidades.

Por ejemplo, se pueden citar la forma de los radiolarios. (Thompson, [37]1942), división temprana, filotaxia que es una manifestación de una proporción peculiar en la estructura espacial de las plantas, algunos son ejemplos ilustrados con la sucesiones de los números de tipo Fibonacci: 1, 1, 2, 3, 5, 8, ... (Coxeter [9]1984)

Surge una pregunta natural, si se puede expresar en forma matemática determinadas formas orgánicas, no se podrá explicarlas a partir de principios variacionales, como ejemplo puede servir el Principio de la energía potencial mínima.

Aquí también es interesante el modelo de división del eritrocito a través del óvalo de Cassini y su evidente analogía con la división de gotas de líquidos cargadas como dinámicas de superficies equipotenciales [4]

Queda aun la peculiar forma de la mitocondria, la cual al fijarla se descompone en fragmentos; la reconstrucción tridimensional de algunas mitocondrias ha mostrado que tienen formas irregulares en su conjunto, tipo, cuerpo ramificado.

es decir, la forma de las mitocondrias es lábil y depende del potencial de la membrana; la conclusión pareciera ser que la forma de las mitocondrias, no se hereda, sólo se hereda la forma global de conexión de tipo geométrico, demás por los contactos morfológicos intercelulares entre mitocondrias se tendría una estructura común única en el organismo.

Otro problema lo constituye la psicología del observador, el cual percibe las imágenes espacio temporales del mundo exterior. Es indiscutible que cada animal y el hombre son capaces de distinguir las formas geométricas y las formas de comportamiento que le son necesarias. En otras palabras, el papel que juega el observador está basado en reglas de identificación.

Feynman [14] menciona la factibilidad de estudiar de las condiciones, bajo las cuales dos excitaciones (reacciones) resultan ser indistinguibles. Para ello no hay necesidad de saber si pueden dos personas obtener en condiciones distintas la misma sensación visual, sino establecer que dos excitaciones induzcan la misma percepción en un individuo conducen a la misma en el otro.

Lo dicho por Feynman queda bien enmarcado en la concepción de tolerancia (4) que formaliza el proceso de percepción de las formas geométricas.

Definición Sea $X = X_1 \times X_2 \times \dots \times X_n$. $R \subset X$ define una relación n -área, si $R \cup R^c = X$ y $R \cap R^c = \phi$.

Es decir, si R y R^c forman una partición de X en 2 subconjuntos. Si $n = 1$ entonces la relación es monaria, si $n = 2$ entonces la relación es binaria, es decir, $R \subset X \times X$ define una relación binaria.

Una relación es *reflexiva* si $X \sim X$, para toda $x \in X$

Una relación es *simétrica* si $X_1 \sim X_2$ entonces $X_2 \sim X_1$ para todos $x_1, x_2 \in X$

Si una relación cumple las condiciones anteriores no es una relación de equivalencia, que son las más usuales, para serlo es necesario que adicionalmente sea transitiva, es decir, una relación es *transitiva* si $X_1 \sim X_2$ y $X_2 \sim X_3$ entonces $X_1 \sim X_3$ para todos $x_1, x_2, x_3 \in X$

Definición Tolerancia ξ en el conjunto X se le llama a toda relación que sea reflexiva y simétrica

A la pareja (X, ξ) de un conjunto cualquiera X con la tolerancia ξ dada en él se le llama *espacio de tolerancia*.

A la transformación $f : X \rightarrow Y$, que pone en correspondencia a los espacios de tolerancia (X, ξ) y (Y, η) , se le llama se le llama transformación de tolerancia si $x_1 \sim x_2$ implica que $f(x_1) \sim f(x_2)$, donde \sim es la equivalencia respecto a la relación de tolerancia ξ .

Si $f : X \rightarrow Y$ es cierta transformación del conjunto X en el espacio de tolerancia (Y, η) . Definamos en X su tolerancia $\xi = f^{-1}\eta$, haciendo $x_1 \sim x_2$, si $f(x_1) \sim f(x_2)$. A la tolerancia $\xi = f^{-1}\eta$ se le llama *contraimagen* de la tolerancia η bajo la transformación f . Respecto de esta tolerancia la función f resulta ser una transformación de tolerancia.

Ejemplos:

Los campos receptores de los ganglios de la retina determinan la tolerancia η en la retina. La visión es una transformación f del campo de visión a la retina del ojo. Entonces la tolerancia ξ de la agudeza visual no representa otra cosa que la imagen inversa $f^{-1}\eta$ de la tolerancia η bajo la transformación f . Es así que el reconocimiento de formas por parte de los animales depende de la capacidad de resolución de nuestros aparatos de observación.

Es natural que los aspectos psicofísicos de las observaciones tienen relación con los modelos construidos de las formas orgánicas.

Así de acuerdo con Hoffmann U. [20] cualquier organismo está constituido por la unión de tejidos:

$$O = UT_j \quad (4.1)$$

donde el tejido T_j es una variedad compacta desarrollada en células y O evidentemente representa a un organismo.

El modelo matemático de la forma biológica y las funciones mencionadas por Hoffman [20] aparecen como cierto pseudogrupo de transformaciones de las mencionadas variedades (tejidos).

En el plano de la modelación, sin duda que algo mejor desarrollado como modelo de la forma biológica lo constituye la Teoría de Patrones Espacio temporales de Grenander [19]

En dicha teoría se separa la clase de *generatrices*:

$$G = \{g\} \quad (4.2)$$

a las que se ponen en correspondencia con el criterio:

$$g \mapsto a(g) \quad (4.3)$$

Además a cada generatriz g le corresponde un cierto enlace:

$$\omega(g) \quad (4.4)$$

el cual se expresa mediante números enteros no negativos o el símbolo infinito.

La magnitud del enlace muestra el número máximo de uniones que comunican a la generatriz dada con las restantes.

A la unión estructural de dichas generatrices se llama configuración. Las configuraciones cambian en el tiempo.

Ejemplo:

$$g^\alpha = g^\alpha(x, y) \quad / \alpha = \overrightarrow{1, n} / \quad (4.5)$$

El conjunto de generatrices (concentraciones de las sustancias químicas activas), $\alpha = 1$ corresponde al medio en el que está inmerso el organismo. Suponiendo la existencia de sólo dos tipos de procesos: difusión y reacción y así se llega a la Teoría clásica de Morfogenésis de Turing [38].

Considerese que el crecimiento de la configuración influye en el número de generatrices y de sus índices.

Las generatrices son campos con simetría axial y centro $\zeta = (\xi, \eta)$. esto es

$$g^\alpha(z) = \varphi^\alpha(\|z - \zeta\|) \quad (4.6)$$

$$z = (x, y) \quad (4.7)$$

Aquí la idea consiste en mantener a la célula con la información posicional en el sentido de Volpert [β].

Supongase que los campos se generan mediante la suma de generatrices g^{α} , entonces con más razón estará definido el gradiente, el cual hipotéticamente actuaría sobre células aisladas y ellas se moverán en las correspondientes direcciones.

La imagen del desarrollo se generará mediante mecanismos, uno de los cuales da el movimiento de las células y los centros de los campos y otro define las transiciones entre las generatrices, este segundo mecanismo propicia un cambio de índices de las generatrices. esta idea parece tener una relación directa con la obtención del pseudogrupo de transformaciones de los tejidos en el modelo de Hoffman.

Estructura celular de la forma biológica.

Considere la siguiente definición:

Partición celular es un espacio topológico:

$$K = \cup e_i^q \quad (4.8)$$

tal que $e_i^q \cap e_j^q = \phi$, donde $i \neq j$

Para cada célula está dada una función continua:

$$f : D^q \rightarrow K \quad (4.9)$$

que es una función característica donde D^q es una esfera cerrada de q dimensiones; con la restricción de que restringido a $Int D^q$ es un *homeomorfismo*, es decir:

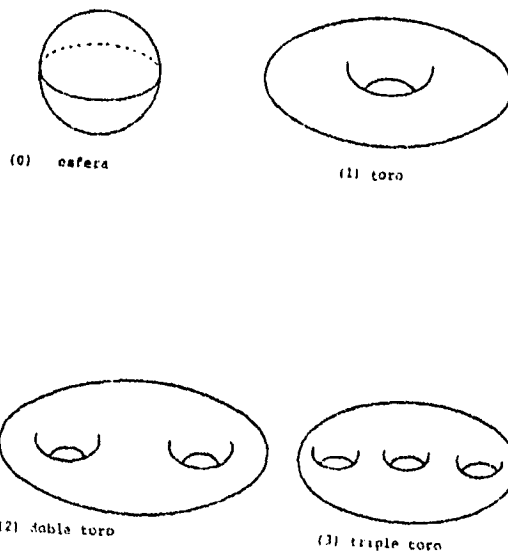
Un homeomorfismo entre dos superficies es una correspondencia tal que a todo punto de una de ellas corresponde uno y sólo un punto de la otra, y que a dos puntos vecinos de una corresponden dos vecinos de la otra [24].

$$f : Int D^q \rightarrow e_i^q \quad (4.10)$$

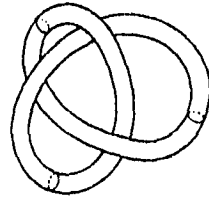
ASPECTOS MATEMÁTICOS DE LA FORMA BIOLÓGICA.87

En K se pueden considerar por lo tanto subparticiones T_j conexas formadas por células (tejido).

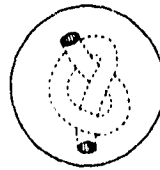
Por consiguiente es posible establecer la geometría de los tejidos biológicos pueden clasificarse usando la clasificación de las variedades orientables cerradas de dimensión 2.



Superficies de variedad dimensional 2. (Tomado de Michá, 1983)



(1) toro anudado



(5) esfera a la que se le ha pegado un asa anudada.

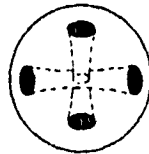


(6) esfera con dos asas pegadas

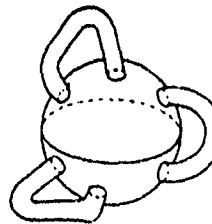


(7) esfera con un asa anudada pegada.

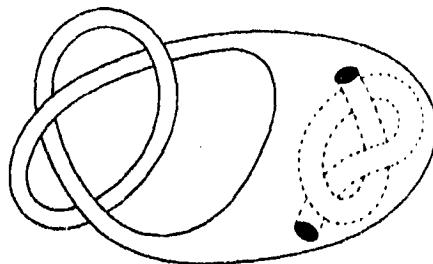
Superficies de variedad dimensional 2. (Tomado de Micha, 1983)



(8) esfera con dos perforaciones entrelazadas

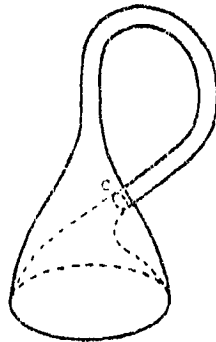


(9) esfera con tres asas perforadas



(10) doble toro anudado

Superficies de variedad dimensional 2 (Tomado de Micha, 1983)



(11) botella de Klein

Tipos de tejidos biológicos.

1. Tejido con cavidad (estrato). El tejido tiene frontera exterior y fronteras interiores (cavidades. Cualquiera de estas es no homeomorfa a una esfera bidimensional, pero es una variedad de dimensión 2).

2. Tejido plano (sin cavidades).

3. Célula libre: $c_j^3 \rightarrow T_j^2(T_j^2$ armazón bidimensional de $T_j^3)$

4. Tejido poroso (conjuntos de células débilmente unidas).

Las transformaciones morfogenéticas en el desarrollo individual de los organismos pueden representarse como el siguiente conjunto de operaciones:

i) *División celular*:

ii) *Muerte de células*: $c_j^3 \rightarrow T_j^2$ (T_j^2 armazón bidimensional de T_j^3).

iii) *Pegar asas a uno o a dos tejidos* (en este segundo caso se trata de una suma conexa de dos tejidos). La ruptura bucal o el orificio anal, formación de las aberturas branquiales.

iv) *Cortamiento de asas*. El tejido puede cortarse en dos tejidos, por ejemplo cuando ocurren acordonamientos (crecimiento de orificios branquiales en los vertebrados).

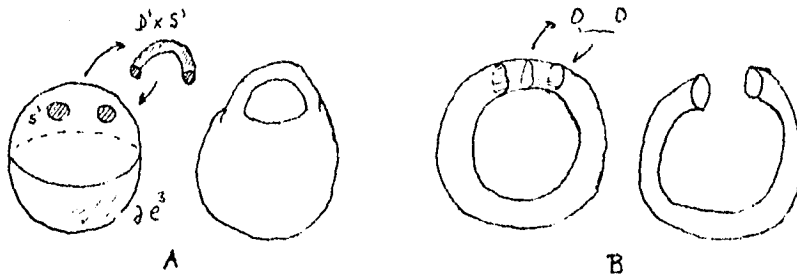
v) *Formación de cavidades*. Manera esquizoforme de la formación de las cavi-

dades.

vi) *Cerradura de cavidades.*

vii) *Formación de tejidos con células diferentes.*

viii) *Remoción de tejidos.* (decaimiento de células independientes del rango nervioso bajo neuroregulación)



Transformaciones morfogenéticas. A. División celular. B. Cortadura de asas.

Al aparecer la actividad fisiológica del organismo su modelo celular K sufre una transformación homeomorfa celular $K_1 \rightarrow K_2$. Bajo esta transformación también se conserva su estructura de tejido.

Superficies mínimas.

Otro elemento interesante de considerar en los aspectos matemáticos de la forma así como su desarrollo, son las superficies mínimas que se puedan presentar en algunas morfologías peculiares o bien algunos principios fisiológicos que estén relacionados con esta conceptualización matemática que está por detrás de las superficies mínimas.

Para entender lo que representa una superficie mínima considerese el siguiente problema:

Hallar la curva, con sus puntos frontera dados, que al girar alrededor del eje de las abscisas forme una superficie de área mínima; el resultado es que la curva buscada es la catenaria.

Considerese a una cadena de metal uniforme la cual al sostenerla de dos extremos cualesquiera, ésta cuelga libremente bajo acción de la fuerza de gravedad, si la magnitud de los eslabones que conforman a esta cadena tiende a ceros se

construye la idealización de una curva infinita contenida en un plano cartesiano, dicha curva se le denomina *catenaria*.

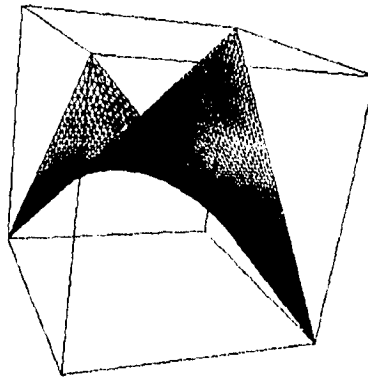
Esta curva al rotarla sobre el eje x genera una superficie de revolución llamada catenoide, cuya construcción se esboza en el apéndice, este es un ejemplo de superficie mínima.

Las semejanzas con superficies mínimas encontradas en la naturaleza se pueden ejemplificar a nivel de microestructuras, como es el caso de placas en equinodermos, a nivel de individuos completos, como los radiolarios y heliozoarios o bien fases del desarrollo animal como es el caso de la segmentación.

En el caso de los equinodermos, los estudios la microestructura a partir de cristalografía (Nissen [25], 1969) han proporcionado evidencias que las placas interambulacrales asemejan superficies de fractura.

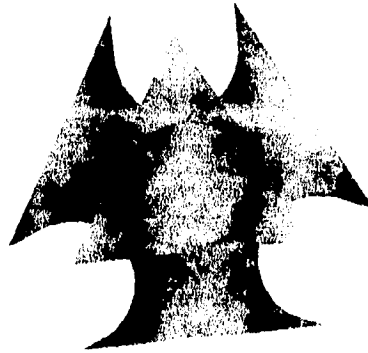
Asimismo la difracción por rayos X en estudios realizados por Donnay y Pawson [10](1969) muestran que la interface entre cristales inorgánicos y materia orgánica asemeja a una superficie mínima de tipo periódica.

Nitshe [26](1989) menciona adicionalmente la semejanza de las fotografías de microscopía electrónica, obtenidas en el trabajo de Nissen, con la superficie mínima de Schwartz.



Superficie mínima de Schwartz.

SUPERFICIES MÍNIMAS.



Superficie minima de Schwartz periódica.

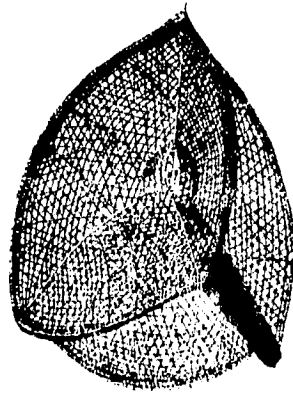
Los radiolarios son protozoarios cuyo esqueleto calcáreo perdura con el tiempo y por lo cual es posible tener registros fósiles en el área de micropaleontología, las formas geométricas que presentan dicho esqueleto han propiciado una serie de investigaciones, uno de los principales iniciadores fue D'Arcy Thompson [37] donde menciona la semejanza de estas morfologías con las superficies mínimas generadas por pompas de jabón.

Dichas superficies son generadas artificialmente teniendo de antemano una configuración de alambre, la cual al humectarla con una solución de glicerina con jabón, se forman películas que minimizan el área de las superficies cuyos contornos están dados por las configuraciones de alambre.

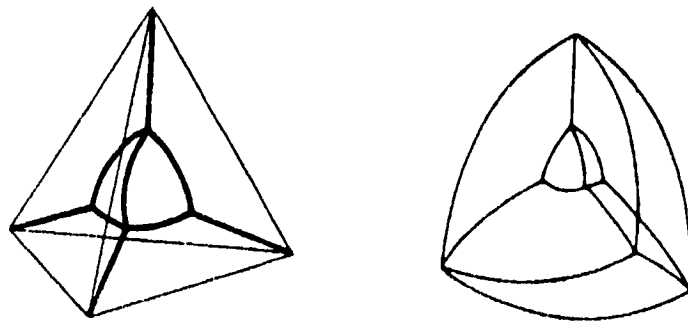
En el caso del catenoide, este se puede formar con un alambre con dos circunferencias concéntricas cuyos radios sean los valores de la función en los puntos extremos, es decir las alturas sobre el eje x de los puntos extremos de la curva de la catenaria. Este alambre al sumergirlo en la solución de glicerina y jabón genera un catenoide ya que físicamente, lo que ocurre es que las fuerzas de tensión minimizan el área de la superficie.

En los trabajos de Thompson [37] se presentan las configuraciones que deben tener los contornos de las superficies que se asemejan a los radiolarios, en este caso un tetraedro con *Callimitra agnasca*, un prisma triangular con *Prismatium tripodium* y finalmente un cubo con *Lithocubus geometricus*.

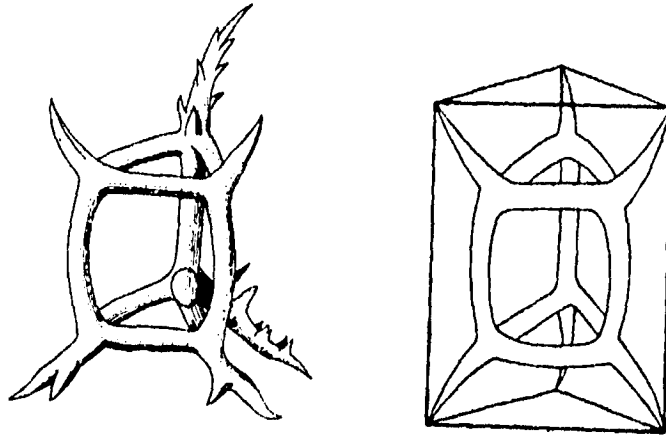
SUPERFICIES MÍNIMAS.



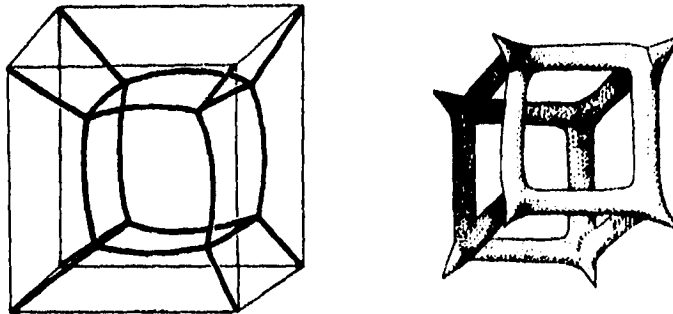
Callamitra agnaae. Tomado de Thompson, 1942.



Superficies mínimas generadas a partir de tetrahedros que asemejan a Callamitra agnaae. Tomado de Thompson, 1942.

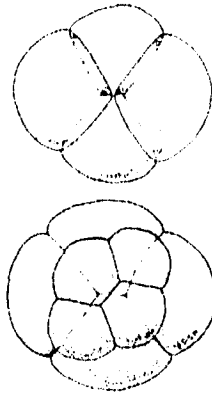


Prismatium tripodium, a la derecha el prisma que genera a la superficie mínima. Tomado de Thompson, 1942



Lithocubus geometricus con el cubo que genera la superficie mínima. Tomado de Thompson, 1942

De forma análoga las pompas de jabón en forma de esferas al juntarlas o al fragmentarse se asemejan a las etapas de segmentación espiral.



Fragmentación y conformación de pompas de jabón que asemejan a la segmentación holoblástica radial.

Capítulo 5

Matematización de conceptos biológicos a partir de la Teoría de invariantes.

En este capítulo se presenta una alternativa de matematización de conceptos biológicos, en este caso el de diversidad, a partir de una serie de ideas desarrolladas en el siglo XIX sobre el enfoque de la geometría según Klein.

La modificación primordial en dicha propuesta, es la implementación de las variables aleatorias como un tipo especial de simulador de las características de los seres vivos; por lo que la formalización matemática requerida para la conformación de una "geometría" es aun muy pobre en cuanto a los resultados e inferencias aquí presentados, por lo que se reitera que apenas es una alternativa de propuesta.

Felix Klein (1849-1925), destacado matemático alemán, presentó en 1872 el llamado *Programa de Erlanger*, en la Universidad del mismo nombre; dicho programa pretendía presentar un visión unificadora de la geometría hasta el siglo XIX, y proponía fundamentalmente una nueva alternativa de enseñanza para la geometría y con base en esto una nueva concepción de la geometría como un grupo transformaciones (tipo traslaciones, rotaciones, etc.) que operan sobre entes geométricos y que mantienen *invariantes* a ciertas propiedades y características de dicho conjunto.

La presente propuesta se explicará con diferentes aproximaciones considerando aspectos de la matemática, de la biología y de la epistemología.

Un ejemplo con lugares geométricos.

Considerese inicialmente a ciertos lugares geométricos bajo el contexto de la geometría euclidea; por ejemplo a una recta, que al trasladarla (moverla por ejemplo hacia arriba o abajo) o bien rotarla (cambios de inclinación en el plano cartesiano), sigue conservando su característica de ser *recta*, es decir que al aplicar ciertas transformaciones (en este caso rotaciones o traslaciones) se conserva invariante ante el análisis geométrico que se quiera realizar de esta entidad llamada recta,

como por ejemplo la distancia (norma) entre un par de puntos de ella, la cual es la misma aunque se rote o traslade la recta; en otras palabras:

En el enfoque de Klein, la geometría euclídeana, queda definida y caracterizada por un grupo de transformaciones del espacio, éstas tienen la propiedad de conservar la distancia entre dos puntos cualesquiera y a su vez la orientación de las figuras transformadas; en particular a todas transformaciones que cumplan con estas dos características se le denominan *movimientos*.

Siguiendo esta idea se puede mencionar que:

La *Geometría afín* queda definida y caracterizada por el grupo de transformaciones afines. La *Geometría proyectiva* a su vez está definida y caracterizada por el grupo de transformaciones afines proyectivas, así mismo la *Geometría de Lobachewski* está determinada por el grupo de transformaciones proyectivas que transforman en sí mismo cierto círculo o cualquier sección cónica.

De este modo el Programa de Erlangen se puede considerar como un método unitario para definir y caracterizar diferentes tipos de geometría a partir del grupo de transformaciones que opera sobre ciertos tipos de entes, con ciertos invariantes respecto del grupo de transformaciones y nada más que de ellas.

En la siguiente aproximación se expondrán las nociones de invariante y de grupo para lograr una mejor comprensión de la formalización de la propuesta.

La geometría a partir de las nociones de invariante y grupo.

Siguiendo la idea de Klein; la *geometría* de un grupo Γ de transformaciones de un conjunto M de entes, estudia todas las propiedades, conceptos y magnitudes que no cambian, los invariantes I bajo la acción de cualquier transformación de Γ y que no posee esta propiedad respecto a cualquier otra transformación que no pertenezca a Γ .

El enfoque de Klein en geometría consiste en dar el grupo de Transformaciones de ciertos entes geométricos y a partir de ellas se trata de hallar los invariantes de tales transformaciones.

Este enfoque de Klein aplicado a la definición de propiedades y magnitudes relacionadas con la biología, consistiría en que dichas propiedades o magnitudes se definen precisamente como aquellas que no cambian, es decir que son los *in-*

variantes y lo que se busca es el grupo de transformaciones que deja invariantes a la propiedad o magnitud que se quiere definir.

Invariante es una función de las coordenadas de la magnitud transformada, que no cambia su valor para el conjunto de transformaciones de dicha magnitud, por ejemplo la función:

$$\varphi(x, y, z) = x^2 + y^2 + z^2$$

es un invariante respecto de todas las rotaciones del espacio euclideo alrededor del origen de coordenadas.

Los invariantes de la forma cuadrática con matriz $A = (a_{ij})$, $i, j = \overline{1, 3}$, son la traza y el determinante de la matriz A. En este caso el conjunto de transformaciones es el conjunto de todas las rotaciones del espacio tridimensional euclideo.

Otro concepto que se introduce es el de *grupo*, el cual queda definido como sigue:

Sea G un conjunto de elementos a, b, c, \dots para los cuales se define una operación $*$, tales que:

1. Para todo a, b elemento de G el producto $a * b$ es elemento también de G , asimismo $a * a$ también pertenece a G , es decir: $\forall a, b \in G \Rightarrow i) a * b \in G$ ii) $a * a \in G$

2. $a * (b * c) = (a * b) * c$, es decir, existe la propiedad *asociativa*.

3. Existe un elemento e (elemento neutro) de G , tal que $a * e = a = e * a$. Lo que en notación matemática queda como: $\exists e \in G \ni a * e = a = e * a$

4. Para todo a elemento de G existe a^{-1} (inverso de a), tal que $a * a^{-1} = e = a^{-1} * a$ es decir

$$(\forall a \in G) (\exists a^{-1} \in G) \ni a * a^{-1} = e = a^{-1} * a$$

Ejemplo:

El conjunto \mathbb{Z}_0^+ (números enteros positivos, incluyendo al cero) forma un grupo si la operación $*$ definida anteriormente es la suma y a su vez no se forma grupo si la operación es la multiplicación.

ENTIDADES Y UNIDADES EN EL ÁMBITO ONTOLÓGICO-EPISTEMOLÓGICO.99

La teoría de grupos es muy utilizada en diversas áreas de la matemática y fuera de ella, aunque por su origen es una parte del Álgebra Moderna.

Retomando nuevamente así la idea original de Klein, la terna $G = \langle M, \Gamma, I \rangle$ establece una alternativa formal y a su vez más amplia para entender y describir a una geometría, es decir, una *geometría* es una terna denotada por G de los siguientes componentes: un conjunto M de entidades, las cuales al aplicarles un grupo de transformaciones Γ mantienen invariantes a las propiedades I , que están involucradas con los entes mismos del conjunto M .

A continuación se establecerán la propuesta de vinculación de éstas ideas con la biología, la primera hipótesis que se propone es que el conjunto de entidades M coincida con el conjunto de seres vivos, o más bien con características de los seres vivos. Sin embargo, es necesario precisar qué tipo de entidades son los seres vivos y para ello se replanteará la propuesta a partir de un contexto epistemológico.

Entidades y unidades en el ámbito ontológico-epistemológico.

Para lograr esta aproximación es necesario retomar algunos planteamientos de la *Teoría de los Procesos Alterados* propuesta por González-González [16] (1992).

Dicha teoría propone que todas las manifestaciones que se estudian en la naturaleza son procesos que existen por sí solos, es decir sin la necesidad de ser conocidos, asimismo, la naturaleza debe concebirse como el conjunto de relaciones que existen entre los fenómenos, las entidades y sus diversas manifestaciones; los procesos mencionados anteriormente presentan tres niveles de alteración, a saber:

El primer nivel de alteración es la capacidad intrínseca de *cambio*, es decir que si ejemplificamos a un proceso como un ser vivo , o sea el objeto de estudio en Biología, éste presenta una serie de cambios debido a su desarrollo ontogenético.

El segundo nivel de alteración es la *interacción* con otros procesos, en el caso de los seres vivos como procesos, son todas las interrelaciones abióticas y bióticas que modifican, y por lo tanto alteran su devenir histórico.

El tercer nivel de alteración es la *transformación* que sufren dichos procesos a partir del conocimiento, es la alteración subjetiva inconciente o conciente de la realidad para conformar una verdad.

ENTIDADES Y UNIDADES EN EL ÁMBITO ONTOLÓGICO-EPISTEMOLÓGICO.101

El cuestionamiento y confrontación de la verdad científica, en un área específica del conocimiento, como es el caso de la Biología, es lo que establece a la *Praxis*; el entendimiento de ésta actividad científica y desde luego social, debe contemplarse en tres ámbitos de conceptualización universal, es decir, los ámbitos **ontológico** (del ser), **epistemológico** (del conocer) y **metodológico** (del qué hacer), de los cuales la, *interpretación de la Realidad* es lo que en ciencia se maneja como la *Verdad Científica*.

La traducción de estos procesos alterados para su estudio requiere de ciertas herramientas epistemológicas, la primera de ellas, consiste en que todo *proceso* tiene su *devenir histórico* y en el momento de conocerlo se detiene dicho devenir, esta delimitación del *proceso* para convertirlo en *evento* es la que constituye la ubicación espacio temporal.

Por lo tanto el primer instrumento ontológico-epistemológico a considerar es la *ubicación espacio-temporal* del proceso (como ejemplo un ser vivo) que está inmerso en la realidad al igual que otras entidades, las cuales son tomadas como objeto de estudio por los científicos. Toda entidad posee un conjunto de *cualidades* y en el proceso de subjetivización del objeto de estudio, las cualidades que definen a una entidad se transforman en los *atributos*, los cuales se pueden definir como una *cualidad subjetivizada*.

Lo anterior conforma el segundo elemento ontológico-epistemológico del proceso del conocimiento, es decir, la *descripción*, que es el primer acercamiento del científico con el proceso a estudiar y que a partir de este se construyen las *unidades de conocimiento*.

La construcción de *unidades de conocimiento* conforman el tercer instrumento ontológico-epistemológico, dicha construcción está contemplada en un ámbito metodológico que está en función del objeto de estudio.

Las ideas principales de la *Teoría de los Procesos Alterados* conforman una cierta perspectiva de su utilidad en Biología, que repercuten fundamentalmente en:

- i) la caracterización del objeto de estudio, los *seres vivos*
- ii) la interpretación de los *conceptos* y *principios* básicos de la Biología
- iii) Los procedimientos de elaboración del *conocimiento biológico*.

Haciendo referencia al segundo inciso, uno de los términos más utilizados en Biología, el de *Diversidad*, del cual se hablará en la siguiente aproximación.

El concepto de Diversidad en Biología.

La *diversidad* desde el punto de vista biológico es una propiedad de la materia viva, es el conjunto de manifestaciones distintas que conforman a la *biota*, y epistemológicamente, la *diversidad* junto con la *unidad*, *continuidad* y *cambio* conforman los cuatro principios integradores de la biología. El proceso de continuidad da como resultado a la unidad, asimismo del cambio resulta la diversidad.

Más específicamente, la diversidad es el resultado de un proceso evolutivo, o sea de la diversificación, tomando adicionalmente un referente para la diversidad que es la unicidad como un punto de origen de la diversificación.

Adicionalmente, es importante considerar que la diversidad no sólo se refiere al conjunto de todos los seres vivos que han habitado y habitan la tierra, sino que también es válido el concebir la diversidad de un grupo de seres vivos (subconjunto del total global de manifestaciones de vida en la historia de la tierra) tales que:

a) dicho subconjunto sea un conjunto de seres vivos que comparten ciertas características en común plasmadas en lo que se conoce como un *Patrón Estructural y Funcional Básico*. Dicho patrón en este caso, es el referente de la diversidad de este subconjunto, es decir es la unicidad entendida como un punto de partida en el proceso de diversificación y por ende lo que conforma un grupo taxonómico.

Por lo cual, se considera al primer nivel de contextualización de la diversidad, que es el *taxonómico*, entendiendo así a la diversidad de un *taxon* como el conjunto de manifestaciones de vida (seres vivos) los cuales parten de un patrón estructural y funcional básico.

b) el subconjunto de seres vivos que tienen una ubicación espacio temporal específica y que en conjunto conforman una entidad natural de interacción, genera la diversidad de comunidad, que aparece como una propiedad emergente de las comunidades y aquí el referente de unicidad es la funcionalidad y la biocenosis que tenga dicha comunidad, que puede ser entendida desde el nivel de asociación hasta el nivel de ecosistema.

c) el subconjunto de seres vivos que conforman desde un punto de vista *regional* a una *biota*, dicho de otra manera, si se concibe al ser vivo a partir de una unidad de conocimiento compleja como es el IOPE: *Individuo, Organismo, Población y Especie* cada IOPE puede ser considerado a su vez como un proceso que se altera y que desde luego es susceptible a ser transformado. Por lo cual la diversidad es el conjunto de IOPE's.

Reconsiderando la Teoría de los Procesos Alterados [10], de ésta se desprende una concepción importante que es la *Fico Flora Dinámica*, que en este caso se ampliará lo entendido en Flora y se extrapolará a lo que se entiende por Biota, teniendo así tres orientaciones de la biota: *típica* (ambiental), *tónica* (taxonómica) y *tópica* (regional).

La biota, o bien sus sectorizaciones (flora, fauna, ficoflora, acarofauna, etc.), es y debe ser considerado en un contexto teórico-metodológico como el punto de partida para cualquier tipo de estudio y para cualquier tipo de orientación; la diversidad de una biota no sólo debe entenderse a través de un índice o de un número, o bien como una propiedad peculiar de un nivel de organización en específico.

La diversidad debe reflejar un contenido y una estructura propia de sus referentes y de las entidades que involucra, de esta forma la diversidad recapitula su importancia como un principio integrador de la Biología

Por lo cual, se propondrá momentáneamente a la diversidad como la *dispersión* (no el término de dispersión utilizado en Biogeografía) sino la idea intuitiva, es decir, las diferencias que se manifiestan en un conjunto dado de entidades y que son susceptibles de medirse a partir de las *medidas de dispersión* que se conocen en la teoría clásica de la Probabilidad.

La *noción* es la primera aproximación intuitiva de la realidad, vista a partir de un contexto determinado, sobre el cual está inmerso al término del cual se obtiene la noción; el concepto es una construcción más elaborada y en dicha construcción se establece la confrontación del concepto con la noción; finalmente la categoría es la comprensión y entendimiento del término a nivel tal que ya no es necesaria la ubicación nocional.

Este enfoque, puede resultar muy adecuado en la definición de conceptos biológicos dado que en Biología, por lo general estudia a los seres vivos en su *variación* morfofisiológica.

Variables aleatorias en la simulación de unidades de conocimiento.

En nuestro caso las entidades sobre las cuales operan las medidas de dispersión son las *variables aleatorias* de las cuales se dará a continuación su definición formal:

Definición Sea Ω un espacio muestral (es decir, cierto espacio de eventos elementales ω) y $A \subseteq \mathbf{R}$, tales que $\Omega \cap A \neq \phi$. Una variable aleatoria X es una función que pone en correspondencia a los elementos de Ω (eventos elementales ω) con los reales de A o sea:

$$X : \Omega \rightarrow A$$

con $X = X(\omega), \omega \in \Omega$

Se distinguen dos casos particulares de variables aleatorias. En caso de que A sea un conjunto finito o numerable de distintos valores x con las correspondientes probabilidades $P(X = x)$ donde $(X = x) = \{\omega : \xi(\omega) = x\}$ es el evento consistente en que ξ tome el valor x . Se dice que la variable aleatoria es *discreta*, en el caso de que A sea un conjunto infinito no numerable, la variable aleatoria es *continua*.

Ejemplo:

Considerese el experimento (en probabilidad se llama *experimento* al proceso mediante el cual es posible obtener un conjunto cualquiera de resultados) de agregar contaminante a una pecera con tres peces, lo que se quiere ver es la toxicidad del contaminante a partir de la mortalidad que se presente en los peces después de un determinado tiempo.

El espacio muestral Ω de un experimento dado se define como el conjunto de todos los resultados elementales posibles de dicho experimento; en éste caso si se denota a un pez vivo con v y a un pez muerto con m el espacio muestral del experimento anterior estaría dado por los posibles eventos elementales:

$$\Omega = \{vvv, vvm, vmv, mvv, mmm, mvm, vmm, mmm\}$$

donde cada uno de los elementos ω de Ω representa un posible resultado, por ejemplo el primer elemento ω_1 nos indica que los tres peces después de agregar el contaminante siguieron vivos, en cambio el quinto elemento ω_5 del conjunto Ω indica que el primer y segundo peces murieron y sólo el tercero sobrevivió.

Sin embargo, en términos prácticos el enlistar todos los posibles arreglos que representen los resultados de un experimento podría resultar un tanto tedioso, y aunque existen técnicas de conteo para enumerar los posibles resultados, en este caso se emplearían *combinaciones*. El interés del investigador es el ver la efectividad o no de un cierto tratamiento, en éste caso el contaminante; dicho en otras palabras lo que interesa es cuando hubo 0, 1, 2 ó 3 peces muertos y no todos los posibles arreglos que para en este sentido los resultados *vvm* y *vmv* resultan ser

el mismo.

Por lo cual se procede a asignar valores a todos los elementos del espacio muestral con base en la finalidad del proceso, es decir el número de peces muertos:

$$\{\underbrace{vvv}, \underbrace{vvn}, \underbrace{vuv}, \underbrace{vvv}, \underbrace{mnn}, \underbrace{mnm}, \underbrace{vnm}, \underbrace{mmm}\} \\ \{0, 1, 1, 1, 2, 2, 2, 3\}$$

Por lo cual ésta regla de correspondencia entre los elementos del espacio muestral Ω con un conjunto de números reales se denomina *variable aleatoria*, la cual representa el *número de muertes*.

La variable aleatoria más que una variable es una *función* cuyo dominio es el espacio muestral Ω (conjunto de todos los ω posibles resultados) y el contradominio es \mathbf{R} (valores numéricos reales).

Esta función X , o sea la variable aleatoria a su vez induce un espacio de probabilidad de la forma:

$$X \sim \begin{pmatrix} x_1 & x_2 & x_3 & \dots & x_k \\ p_1 & p_2 & p_3 & \dots & p_k \end{pmatrix} \quad (5.1)$$

donde p_i es la probabilidad asociada a la ocurrencia del valor x_i de la variable aleatoria, y son tales que $\sum_i p_i = 1$.

De nuevo, para caracterizar a una geometría con la idea de Klein en la terna (M, Γ, I) hay que conocer M y Γ y encontrar los invariantes I . En nuestra modalidad, se pretende encontrar un grupo de transformaciones Γ tales que al aplicarlos a un conjunto M (un conjunto de características de los seres vivos reproducibles como valores de las variables aleatorias) mantienen invariantes a lo que queremos definir I como un conjunto de propiedades y magnitudes, que para este caso esten relacionadas con la dispersión y por lo tanto caracterizar a los seres vivos a partir de variables aleatorias.

La *descripción* es la percepción de las cualidades que se encuentran potencialmente en los seres vivos y que son transformadas a su vez en *atributos*, estos son susceptibles de caracterizarse a a partir de diferentes valores (en taxonomía numérica se llaman estados de caracter), por lo que está tipificación es una regla de correspondencia del conjunto de atributos con los estados de caracter.

Más específicamente de todo el conjunto de cualidades potenciales no solamente con un conjunto de cualidades manifiestas, sino con un número n de conjuntos de atributos que reflejan bajo el contexto de la descripción a un número n de características, por lo cual se introducirán dos modalidades para la variable aleatoria.

La primera consiste en adjudicar a cada una de las características de los seres vivos una variable aleatoria por lo que ahora el conjunto de variables aleatorias que simularán a un ser vivo conformarán una variable aleatoria vectorial:

$$\vec{X} = \begin{pmatrix} X_1 \\ X_2 \\ X_3 \\ \vdots \\ X_n \end{pmatrix}, \text{ con } X_i = X_i(\omega) \quad (5.2)$$

donde a su vez cada variable aleatoria X_i induce su propio espacio de probabilidad.

$$\vec{X} = \begin{pmatrix} X_1 \sim \begin{pmatrix} x_1^1, & x_2^1, & x_3^1, \dots, & x_k^1 \\ p_1^1, & p_2^1, & p_3^1, \dots, & p_k^1 \end{pmatrix} \\ X_2 \sim \begin{pmatrix} x_1^2, & x_2^2, & x_3^2, \dots, & x_k^2 \\ p_1^2, & p_2^2, & p_3^2, \dots, & p_k^2 \end{pmatrix} \\ X_3 \sim \begin{pmatrix} x_1^3, & x_2^3, & x_3^3, \dots, & x_k^3 \\ p_1^3, & p_2^3, & p_3^3, \dots, & p_k^3 \end{pmatrix} \\ \vdots \\ X_n \sim \begin{pmatrix} x_1^n, & x_2^n, & x_3^n, \dots, & x_k^n \\ p_1^n, & p_2^n, & p_3^n, \dots, & p_k^n \end{pmatrix} \end{pmatrix} \quad (5.3)$$

donde los superíndices denotan al número de variable aleatoria en cuestión y los subíndices los valores que puede tomar dicha variable con las probabilidades correspondientes.

La segunda modalidad consiste en considerar a todas y cada una de las variables aleatorias como funcionales tomando como una nueva variable al tiempo, ya que si se quiere obtener una simulación de los seres vivos como procesos es importante considerarlos como un proceso que transcurre a través del tiempo.

Para lo cual se expondrá el concepto de funcional, y para esto se iniciara con los conceptos de relación y de función.

Definición Definición Sean A y B dos conjuntos arbitrarios distintos del vacío y sea $A \times B$ el producto cartesiano de A con B , es decir el conjunto de todas las

posible parejas ordenadas obtenidas de juntar un elemento de A con un elemento de B , dicho en notación matemática:

$$A \times B = \{(a, b) \mid a \in A \text{ y } b \in B\}$$

entonces, una *relación* R de A en B es un subconjunto del producto cartesiano $A \times B$; es decir $R \subseteq A \times B$

Definición Sean A y B conjuntos, una *función* de A en B es una relación de A en B ($R \subseteq A \times B$) si cumple que:

i) Para todo elemento de A existe un elemento de B tal que la pareja ordenada de estos dos elementos pertenece a la relación

ii) El elemento del conjunto B es único.

en notación simbólica queda como:

$$i) (\forall a \in A) (\exists b \in B) \ni (a, b) \in R$$

$$ii) \text{ Si } (a, b_1) \in R, (a, b_2) \in R \Rightarrow b_1 = b_2$$

Notación: Si R es una función de A en B :

$$f : A \rightarrow B$$

A es el dominio de la relación, B es el contradominio de R y si $a \in A$, al único elemento $b \in B$ tal que $(a, b) \in R$, se denota como $b = f(a)$ y entonces se dice que f es la regla de correspondencia de la función.

Definición A las funciones cuyo dominio está definido en un conjunto de funciones, reciben el nombre de *funcionales*, es decir.

Si F denota a un cierto conjunto de funciones entonces:

$$\mathcal{F} : F \rightarrow B$$

donde la funcional \mathcal{F} es la regla que pone en correspondencia al conjunto de funciones con otro conjunto arbitrario usualmente numérico, real o complejo.

Si se retoma la idea inicial de la segunda modalidad para las variables aleatorias se tiene ahora variables aleatorias que dependen del tiempo, es decir, que son funcionales del tipo:

$$\mathcal{X} : F \rightarrow T \tag{5.4}$$

por lo cual las variables aleatorias que hasta ahora se han conformado van a ser de la forma:

$$\vec{X}(t) = \begin{matrix} X_1(t) \\ X_2(t) \\ X_3(t) \\ \vdots \\ X_n(t) \end{matrix}, \text{ con } X_i(t) = X_i(\omega(t)) \quad (5.5)$$

Establecida la caracterización de los seres vivos por medio de variables aleatorias vectoriales, se procederá a considerar al conjunto de seres vivos (variables aleatorias vectoriales) como el conjunto sobre el cual actúa un conjunto de transformaciones, las cuales mantienen invariantes ciertas propiedades y magnitudes respecto a la dispersión que es el concepto que se quiere definir.

Medidas de dispersión de una variable aleatoria.

El problema que se tratará a continuación es el definir la *Dispersión* de una variable aleatoria.

Se considera el problema de definir *dispersión* y *diversidad* de los seres vivos, que se reducen a los respectivos conceptos para variables aleatorias. La idea intuitiva de *dispersión* está ligada a la propiedad de los elementos de M que se encuentran a una cierta distancia unos de otros.

Siguiendo el análogo de la idea de Klein es necesario encontrar todas las transformaciones de la variable aleatoria vectorial, para las cuales cierta propiedad, la que se quiere definir, no cambia, (es decir, se mantiene invariante).

Las transformaciones que se proponen son la *rotación* y la *traslación paralela*, esto es los movimientos (entendiendo por movimiento a toda transformación del espacio en sí mismo que:

- a) conserva la distancia entre puntos $\overline{AB} = \overline{A'B'}$;
 - b) conserva la orientación de las figuras transformadas;
- cumpliendo solamente el inciso a) la transformación se llama: *ortogonal*).

La *dispersión* es aquella propiedad de las variables aleatorias vectoriales, la cual es invariante respecto del grupo euclideo de transformaciones de dichas variables aleatorias:

$$X' = AX + b \quad (5.6)$$

donde A es una matriz ortogonal (es decir una matriz que cumple con $A \cdot A^T = I = A^T \cdot A$, donde A^T es la matriz transpuesta de A e I es la matriz identidad) y b es un vector arbitrario de dimensión n . Las medidas de dispersión son funcionales invariantes, respecto del grupo de transformaciones dado en la ecuación anterior.

Para poder efectuar las operaciones correspondientes del producto de la matriz ortogonal A y de la adición del vector b se tomará a la varianza de la variable aleatoria $X(t)$ la cual está dada por el segundo momento con respecto a la media, es decir:

$$V\vec{X}(t) = E(\vec{X}(t) - E\vec{X}(t))^2 = \xi \quad (5.7)$$

donde E denota a la esperanza matemática o sea el primer momento con respecto al origen, adicionalmente para simplificar se denotará a la varianza de la variable aleatoria vectorial como función del tiempo como ξ .

Por lo que la ecuación 5.6 toma la forma

$$\xi' = A\xi + b \quad (5.8)$$

Observese que la motivación de hacer todo lo anterior se basa en el caso particular $n = 1$ (es decir para la variable aleatoria escalar), el grupo de transformaciones anterior toma la forma:

$$\xi' = \pm\xi + b \quad (5.9)$$

donde la matriz A se reduce a una matriz de 1×1 , es decir a un escalar y b pertenece a R^1

A continuación se bosqueja la demostración para el caso de la varianza:

Dado que:

$$V\xi = E(\xi - E\xi)^2 = E\xi^2 - (E\xi)^2$$

$$\text{por lo tanto } V\xi' = V(\xi - b) = E(\xi - b - E(\xi - b))^2$$

$$= E(\xi - b - E\xi + Eb)^2$$

$$= E(\xi - b - E\xi + b)^2$$

$$= E(\xi - E\xi)^2$$

$$= V\xi$$

o sea que la dispersión a través de la varianza de la variable aleatoria no cambia al "centrarla" en b (cualquier número real)

Al grupo de transformaciones buscado, es el de las transformaciones paralelas y simétricas respecto a un punto, para el caso escalar de la variable aleatoria.

En el caso escalar ($n = 1$) se puede consignar como medidas de dispersión a:

i) La *amplitud* de la variable aleatoria, esto es, la diferencia entre los valores espectrales máximo y mínimo.

$$\text{Amp}\xi = x_{\max} - x_{\min} \quad (5.10)$$

ii) La *desviación absoluta promedio*:

$$E |\xi - E\xi| \quad (5.11)$$

iii) La *Semiamplitud unimodal* de la distribución continua, es decir, el modulo de la diferencia entre dos valores de la variable aleatoria, en los que la densidad de la distribución ρ en uno de los valores es de $\frac{1}{2}$ del máximo de la densidad en el otro valor:

$$\rho(x_1) = \frac{1}{2} \max \rho(x_2). \quad (5.12)$$

iv) La llamada *dispersión* de la variable aleatoria y la *desviación estándar*

$$D\xi = E(\xi - M\xi)^2 \quad (5.13)$$

$$\sigma\xi = \sqrt{D\xi} \quad (5.14)$$

v) *Momentos centrales y promedios centrales* de orden par.

Estas funcionales (de la i) a la v)) son de una sola entrada. Se pueden exhibir ejemplos de funcionales de varias entradas, invariantes respecto del grupo de transformaciones **59** Entre ellas se tiene:

vi) La *covarianza* de las variables aleatorias ξ_1, ξ_2 (funcional de dos entradas)

$$\lambda_{ij} = \text{cov}(\xi_i, \xi_j) = E[(\xi_i - E\xi_i)(\xi_j - E\xi_j)] \quad (5.15)$$

vii) La *matriz de momentos* de segundo orden (funcional de m entradas).

$$\text{cov}(\xi_1, \xi_2, \dots, \xi_m) = \|\lambda_{ij}\|, \text{ con } ij = \overline{1, m} \quad (5.16)$$

viii) Los *momentos centrales* de orden par $r_1 + r_2 + \dots + r_m = 2n$

$$E[(\xi_1 - E\xi_1)^{r_1}(\xi_2 - E\xi_2)^{r_2} \dots (\xi_m - E\xi_m)^{r_m}] \quad (5.17)$$

ix) Los coeficientes de correlación:

$$\rho_{ij} = \frac{\lambda_{ij}}{\sqrt{\sigma\xi_i\sigma\xi_j}} \quad (5.18)$$

En el caso de variables aleatorias vectoriales ($n > 1$) tampoco es difícil señalar ejemplos de funcionales que sean invariantes respecto del grupo de transformaciones \mathfrak{S}_n y por lo tanto, por la definición convenida, que midan la dispersión:

x) La *amplitud* de la variable aleatoria vectorial, esto es el diámetro de su espectro.

xi) El *rango* de la distribución n dimensional, es decir, el rango de la matriz de covarianza $\text{cov}\xi$

xii) La *traza de la matriz de covarianza*, o sea la suma de las llamadas dispersiones

$$\sum_{i=1}^m D\xi_i \quad (5.19)$$

xiii) La *dispersión generalizada*:

$$\det(\text{cov}\xi) \quad (5.20)$$

La invarianza de las funcionales xi) -xiii) respecto del grupo de transformaciones \mathfrak{S}_n se justifica porque $\text{cov}\xi' = A\text{cov}\xi A^T$, entonces como resultado de la transformación [5.8] la matriz de la covarianza $\text{cov}\xi$ se convierte en una matriz de semejanza y éstas tienen la misma traza, rango y determinante.

Todas las funciones enumeradas, por un lado expresan propiedades de las variables aleatorias, las cuales son invariantes bajo la acción del grupo de transformaciones \mathfrak{S}_n pero por otro se diferencian en que cada funcional caracteriza a una determinada particularidad de la misma propiedad de la variable aleatoria, la dispersión la cual no puede ser descrita por una sola funcional, por una sola manera de medir la dispersión, sino que representa toda una "geometría" del grupo de transformaciones \mathfrak{S}_n que deja invariante a todas las maneras de medir la dispersión de las variables aleatorias que describen las características de cierto conjunto de seres vivos.

Diversidad de una variable aleatoria.

La *diversidad* de un conjunto de seres vivos es lo que mismo la *dispersión*, ya definida, sólo que referidos a criterios no ligados a unidades de medición. Por ello el grupo de diversidad deberá contener al grupo de dispersión.

En el caso de variables aleatorias escalares ($n = 1$) la transición de una escala de medición a otra implica o bien una traslación paralela:

$$\xi' = \xi + b \quad (5.21)$$

correspondiente al nuevo origen escogido, o bien una homotecia:

$$\xi' = \lambda \xi \quad , \quad \lambda > 0$$

correspondiente a un cambio de escala, o bien ambas.

$$\xi' = \lambda \xi + b \quad , \quad \lambda > 0 \quad (5.22)$$

Completando el grupo con el caso $\lambda < 0$ se obtiene el grupo de transformaciones:

$$\xi' = \lambda \xi + b \quad (5.23)$$

para todo valor de $\lambda \in R \setminus \{0\}$

Algunos ejemplos de medidas de diversidad, esto es, de invariantes del grupo de transformaciones 5.23

xiv) Cualquier *característica numérica* de la variable aleatoria como:

$$\eta = \frac{|\xi - E\xi|}{\sigma\xi} \quad (5.24)$$

xv) La *medida de la diversidad* de la variable aleatoria ξ respecto a otra ζ :

$$V(\xi | \zeta) = \frac{\sigma(\xi - \zeta)}{|E(\xi - \zeta)|} \quad (5.25)$$

xvi) La *funcional* con una entrada:

$$V(\xi) = V(\xi | \eta) \quad (5.26)$$

Estas dos últimas funcionales son pequeñas generalizaciones del coeficiente de variación. Sin embargo, a diferencia de este coeficiente las funcionales mencionadas admiten traslaciones paralelas.

Pasando al caso de una variable aleatoria vectorial el grupo de transformaciones de contracción afines al plano tangente o a la dilatación respecto al mismo, las cuales al escoger una base adecuada toma la forma:

$$\xi'_i = \xi_i \quad \forall i \leq m, \quad (5.27)$$

$$\xi'_i = \lambda \xi_i \quad \text{si } m \leq i \leq n \quad (5.28)$$

donde las ξ_i ($i = \overline{1, n}$) son las componentes del vector ξ y así se obtiene un grupo complemento de transformaciones afines:

$$\xi' = \mathbf{A}\xi + b \quad (5.29)$$

donde \mathbf{A} es una matriz no degenerada ($\det \mathbf{A} \neq 0$) y b un vector n -dimensional.

Así pues se llega a otra aproximación de la definición de *diversidad* como la geometría de los invariantes del grupo de transformaciones 5.29 de las variables aleatorias vectoriales de dimensión n .

Dada la expresión:

$$\text{cov} \xi' = \mathbf{A} \text{cov} \xi \mathbf{A}^T \quad (5.30)$$

se infiere que las siguientes funcionales son invariantes del grupo [5.29]

iii) Cualquier característica numérica de la variable aleatoria escalar ($n = 1$):

$$\eta = \{[(\xi - E\xi)^T (\text{cov} \xi)^{-1} (\xi - E\xi)]\}^{\frac{1}{2}} \quad (5.31)$$

xviii) La medida de la diversidad de una variable aleatoria ξ con respecto a ζ .

$$V(\xi | \zeta) = \{(\xi - E\xi)^T [\text{cov}(\xi - \zeta)]^{-1} (\xi - E\xi)\}^{\frac{1}{2}} \quad (5.32)$$

donde la $(\text{cov}\xi)^{-1}$ es la matriz inversa.

Dos variables ξ y ξ' aleatorias se dicen equivalentes, si cumplen con la expresión $\xi' = A\xi + b$.

La distancia entre clases de equivalencia puede definirse como:

$$\rho^2(\eta, \eta') = E(\eta - \eta')^2 \quad (5.33)$$

donde η y η' son variables aleatorias escalares, definidas por **5.31** para las correspondientes clases de equivalencia.

Por lo tanto la geometría de la diversidad es *métrica* y la existencia de ésta, permite hablar de la convergencia de las clases de equivalencia.

Diversidad y unidades particulares del conocimiento.

Regresando a las ideas propuestas de la concepción de Ficoflora Dinámica [17], se expondrán el significado de las unidades particulares del conocimiento en el ámbito teórico-metodológico.

En el momento de estudiar a un ser vivo lo que realmente se alcanza a describir de él es la manifestación de sus cualidades en una etapa determinada de su desarrollo, a este conjunto de características manifiestas en un espacio tiempo es lo que se conoce como *unidad merística*.

El conjunto de características que permiten establecer las unidades del conocimiento son en realidad características del IOPE a estudiar. Sin embargo un mismo IOPE puede manifestarse de distintas formas dependiendo de la modulación que de la información genética producen las condiciones ambientales y por lo cual existirán varias unidades merísticas dependiendo de la plasticidad que tenga el IOPE ante las alteraciones sufridas por otros procesos (abióticos y bióticos). Lo anterior conforma la *unidad háptica*, que es el conjunto de manifestaciones diferentes de las unidades merísticas de un mismo IOPE, es decir, la plasticidad

del patrón estructural básico del IOPE.

Asimismo el conjunto de todas las unidades merísticas en todos los tiempos y espacios de la permanencia del IOPE es lo que se maneja como *unidad holística*, ésta unidad representa al patrón estructural básico.

Apartir de la manifestación diferencial del IOPE es posible establecer los óptimos ecofisiológicos que son las características de aquellas unidades merísticas en las cuales se desarrollan con una mayor optimización esto conforma la *unidad harmóstica*.

Cada unidad holística tiene distintos valores hápticos dependiendo de las condiciones ambientales que prevalezcan por lo que la unidad háptica repercute en el ámbito ecológico, la holística en el taxonómico y la harmóstica en el ecofisiológico. (Rodríguez-Vargas, 1989)[3]

Considerando nuevamente el uso de las variables aleatorias utilizadas en el grupo de transformaciones:

$$\xi' = A\xi + b \quad (5.34)$$

y desglosando a dicho grupo de transformaciones:

$$\xi' = A \left[E \left(\vec{X}(t) - E\vec{X}(t) \right)^2 \right] + b \quad (5.35)$$

Donde la variable aleatoria vectorial $\vec{X}(t)$ representa el conjunto de *unidades merísticas*, la esperanza matemática de ésta variable aleatoria vectorial $E\vec{X}(t)$ representa a la unidad háptica, ya que si se toma a φ como una variable aleatoria arbitraria entonces dicha variable, como se mencionó anteriormente, induce un espacio de probabilidad:

$$\varphi \sim \begin{pmatrix} x_1, & x_2, & x_3, & \dots, & x_k \\ p_1, & p_2, & p_3, & \dots, & p_k \end{pmatrix} \quad (5.36)$$

entonces la esperanza matemática queda definida como el primer momento con respecto al origen, es decir:

$$E\varphi = \sum_{i=1}^k x_i \cdot p_i \quad (5.37)$$

que en el caso de la distribución de probabilidades normal, ésta esperanza representa a la media poblacional μ :

$$E\varphi = \mu_{\varphi} \quad (5.38)$$

la cual puede considerarse como un promedio ponderado de todas los posibles valores x_i que puede tomar la variable considerando su propabilidad asociada.

El conjunto de ξ conforman a la *unidad holística*, las cuales al aplicarles un grupo de transformaciones conformaran la *plasticidad* del IOPE cuyo resultado obtenido es la unidad háptica ξ' las cuales van a mantener invariante las maneras de medir la diversidad intravariacional del IOPE.

Al principio se mencionó que se utilizarían variables aleatorias en la simulación de los seres vivos, pero no quedó claro si una sólo variable iba a simular a un único ser vivo.

Es aquí, donde toma relevancia el conocer y el entender a un ser vivo como un proceso alterado, ya que hablar simplemente de ser vivo simultáneamente en una especie, en un individuo, en un organismo o bien en una población; y aunque parezca lógico suponer que es muy factible diferenciar una población de un individuo, pero existen casos como las algas y algunos invertebrados es practicamente imposible; en términos teóricos esto se resuelve concibiendo a éstas maneras de entender al ser vivo como una unidad compleja del conocimiento, el IOPE; asimismo, en términos prácticos es necesario recurrir a las unidades particulares del conocimiento en un ámbito metodológico (*unidades merísticas, hápticas y holísticas*).

Por lo tanto se construirá un glosario de correspondencia y de confrontación entre los términos biológicos, matemáticos y epistemológicos.

Glosario de confrontación.

Variable aleatoria.

Función que pone en correspondencia al conjunto de manifestaciones de un *atributo* con un conjunto de números reales, es decir es la tipificación numérica de los estados de carácter (es decir que dada una característica de un ser vivo esta puede tener varios estados, por ejemplo la característica color de ojos puede manifestarse en varios colores: negro, café, azul, etc. los cuales son los didintos estados de caracter).

Atributo.

Es la *cualidad* subjetivizada, es decir es la interpretación de las cualidades de las entidades inmersas en la realidad para conformar unidades de conocimiento caracterizadas por medio de atributos.

Variable aleatoria vectorial.

Es una nueva variable aleatoria conformada por un vector cuyos componentes son variables aleatorias. es una nueva función que pone en correspondencia un conjunto de atributos con un conjunto de vectores (cada uno de estos a su vez forman un conjunto de valores numéricos), y en este contexto se propone a esta nueva variable como un simulador de un ser vivo.

Esperanza matemática.

Es el promedio ponderado de las características que presenten los seres vivos a partir de la probabilidad de manifestación de dichas características.

Conclusiones y Perspectivas.

A pesar de que en este capítulo se hizo énfasis en la impotencia de los ámbitos ontológico, epistemológico y metodológico; en términos prácticos no se incluye una estrategia metodológica concreta no solo para verificar las aseveraciones propuestas, sino incluso para que sirva como una herramienta para resolver problemas taxonómicos.

Por lo tanto una línea de trabajo necesaria posterior a este trabajo es experimentar con datos ya establecidos en sistemas de información sobre proyectos de investigación en floras o faunas regionales.

Como se mencionó en el inicio del presente trabajo, la finalidad de este es proporcionar una propuesta de matematización y desde luego de estudio de ciertos conceptos biológicos, en este caso particular se tomó el de *diversidad*, sin embargo la presente propuesta no excluye a ser manejada con otros conceptos.

Desde luego, la idea de *dispersión* se puede considerar como particular para este concepto y para los otros conceptos biológicos muy posiblemente se requerirán otros conceptos matemáticos que se relacionen para su definición "rigurosa".

Asimismo el grupo de transformaciones aquí sugeridas pueden ser modificadas dependiendo del contexto en que se maneje a los conceptos susceptibles de ser matematizables, y una pregunta interesante a ser discernida posteriormente

sería que conceptos biológicos tomados como invariantes obligan a serlo bajo las transformaciones de tipo topológico.

Cabe señalar que la idea global de la teoría de invariantes sigue resultando válida para las modalidades antes mencionados siempre y cuando quede bien definido el grupo de transformaciones.

Se han delineado entonces las posibles variantes de construcción de la *teoría general de la diversidad*, que se desprende de la *Teoría de Invariantes*. La idea de Klein y y las ideas previas de Galois (tanto unas como las otras se reducen al estudio de los invariantes de las transformaciones) han revasado los límites estrictos de la geometría trascendiendo a la Mecánica, la Teoría de la relatividad, la Física de partículas elementales y la Cristalografía y ultimamente la Teoría unificadora del Campo. En este sentido es susceptible de ser explotada por otras disciplinas científicas como la Biología.

Referencias

- [1] Almgren, F. J. y J. E. Taylor. 1982. The geometry of soaps films and soap bubbles. *Sc. American.* 56:82-93.
- [2] Blum, H. 1974. A geometry for biology. *Ann. NY. Acad. Sci.* 231: 19-30.
- [3] Brakke, K. A. 1993. Programa Evolver versión 1.88a. Univ. Susquehanna.
- [4] Brusca, R. C. 1990. Invertebrates. Sinauer Associates, Inc. Massachusetts. 922 p.
- [5] Bertalanffy L. Von. 1983. Teoría General de los Sistemas (Traducción de la 1.ª ed en inglés) 312 pp.
- [6] Collado-Vides, L. 1992. Estudio fisionómico-arquitectónico de las algas del Sistema lagunar Nitchupé, Quintana Roo, México. Tesis Doctorado, Facultad de Ciencias, UNAM, México.
- [7] Collado-Vides, L., G. Gómez-Alcaraz, G. Rivas-Lechuga y V. Gómez-Gutiérrez. 1995. Simulation of the clonal growth of the algae *Bostrychia radicans* (Montagne) Montagne (Rhodomelaceae-Rhodopyta) using L-systems. *Europ. J. Phycol.* (aceptado).
- [8] Chomsky, N. y G. A. Miller. Introduction to the formal analysis of natural languages. In Luce, R.D., R.R. Bush y E. Galanter. (eds.) Handbook of Mathematical Psychology. Vol II. John Wiley and Sons, Inc. New York. p. 269-322.

- [9] Coxeter, H.M.S. 1984. Fundamentos de geometría. Limusa, México. 518 p.
- [10] Donnay, G. y D. L. Pawson. 1969. X-ray diffraction studies of echinoderm plates. *Science*. 165:1147-1150.
- [11] Duvdevani-Bar, S. y L. Segel. 1994. On topological simulations in developmental biology. *J. theor. Biol.* 166: 33-50
- [12] Echavarría H., H. y G. Gómez Alcaraz. 1979. Modelos tipo Depredador-Presa y el Principio Ecológico de los Factores Limitantes. Serie: Memorias de Seminario. Comunicaciones Internas FC-UNAM, No. 62. 123p.
- [13] Engel, A. B. 1978. Elementos de biomatemática. Serie de matemática. 20. OEA. 71 p.
- [14] Feynman R. *et al.* Lecciones de Física.
- [15] Gilbert, S. 1986.. Biología del Desarrollo. Omega, Barcelona, 587 p.
- [16] González-González, J. 1991. Los procesos transformados y los procesos alterados: Fundamentos para una teoría procesual del conocimiento biológico. *Uroboros*. 1(2):45-90.
- [17] González-González, J. 1992. Estudio florístico ecológico de los ambientes y comunidades algales del litoral rocoso del Pacífico tropical mexicano. Tesis de Doctorado, Facultad de Ciencias, UNAM.
- [18] Gómez-Gutierrez, V. 1995. Geometría en Biología. (Simulación de crecimiento en plantas). Tesis de Matemático. Facultad de Ciencias. UNAM.
- [19] Grenander. 1979 Lecciones de Teoría de las formas.

- [20] Hoffman, U. Sistema de axiomas para la biología matemática.
- [21] King, R.J. and C.F. Puttock. 1989. Morphology and Taxonomy of *Bostrychia* and *Sticosiphonia* (Rhodomelaceae/Rhodophyta). *Aust. Syst. Bot.* 2:1-73.
- [22] Klein, F. 1872. El programa de Erlanger. (Traducción de Flavio. Cocho).1985 *Rev. Sem. Ens. Tit. Num. Esp.* 4:1-75.
- [23] Malthus, T. R. 1798. Ensayo sobre el principio de la población. (Traducción de la 2a. ed. en inglés por Ortiz T. 621 p.
- [24] Micha, E. 1983. Introducción a la Topología. Clasificación de Superficies. #er. Coloquio de Matemáticas. CINVESTAV, México. 88 pp.
- [25] Nissen, H. 1969. Crystal orientation and plate structure in echinoid skeletal units. *Science.* 165:1150-1152.
- [26] Nitsche, H. 1989. Lectures on Minimal Surfaces. Introduction, fundamentals, geometry and basic boundary value problems. Vol. 1. Cambridge University Press. 563 pp.
- [27] O'Neill, B. 1982. Elementos de Geometría Diferencial. Limusa. México. 470 p.
- [28] Peitgen, H. O. *et al.* 1991. Fractals for the Classroom. Parte One Introduction to Fractals and Chaos. Springer-Verlag. USA. 452 p.
- [29] Prusinkiewicz, P. y A. Lindenmayer. 1990. The Algorithmic Beauty of Plants. Springer-Verlag. New York. 228 pp.
- [30] Rashevsky, N. 1964. Some medical aspects of mathematical biology. Charles C. Thomas Pub. , Illinois, USA.

- [31] Rashevsky, N. 1971. Organismos biológicos y organismos sociales. (Traducción de Eli de Gortari) Problemas científicos y Filosóficos. Suplementos III/12. UNAM 19 pp.
- [32] Rivera Figueroa, A. 1992. Topología de R^n . *Rev. Sem. Ens. Tit.* Vol. VIII Num. 73, 164 p.
- [33] Rodríguez Vargas, D.C. 1989. Gelidiales-Rhodophyta. Una contribución a la flora tónica del Pacífico tropical mexicano. Propuesta teórico-metodológica a partir de la teoría de los procesos alterados. Tesis de Doctorado. Facultad de Ciencias, UNAM. 423 pp.
- [34] Rosen R. 1967. Optimality Principle in Biology. Plenum, New York. 198 p.
- [35] Sandefur, J. T. 1990. Discrete Dynamical Systems. Theory and applications. Clarendon Press. Oxford. 445 p.
- [36] Schneider, C. W. *et al.* 1994. L-systems computer models generating ditichous from spiral organisation in the Dasyaceae (Ceramiales, Rhodophyta). *Europ. J. Phycol.* 29:165-170.
- [37] Thomphson, D'Arcy. 1942. On Growth and Form. Cambridge Univ. Press.
- [38] Turing, A.W. 1952. The chemical basis of morphogenesis, *Phil. Trans. Roy. Soc. London.* 237:37-72.
- [39] Volpert, L. 1971. Información posicional y formación de patrones. *In* Waddington C. H., *et al.* eds. Hacia una biología teórica. Alianza Universidad. Barcelona. 557-595 p.
- [40] Willmer, P. G. 1990. Invertebrate relationships: patterns in animal evolution. Cambridge University Press. 400 p.

- [41] Zeeman, E. C. y O. P. Buneman. 1976. Los espacios de tolerancia y el cerebro. In Waddington C. H., *et al.* eds. Hacia una biología teórica. Alianza Universidad. Barcelona. 165-180 p.

Apéndices:

Soluciones de los modelos de crecimiento poblacional.

Modelo de Malthus.

Retomando lo visto en el capítulo 1, se considera a una población con condiciones y recursos ilimitados, su velocidad de crecimiento es proporcional al tamaño de la población:

$$V \propto N \quad (5.39)$$

y expresandola mediante una igualdad quedaría como:

$$V = K \cdot N \quad (5.40)$$

donde la K es igual a la constante de proporcionalidad.

Si se considera a la variable tiempo como continua, entonces la velocidad y su relación con el tamaño poblacional, debe entenderse como un modelo continuamente dependiente del tiempo, por lo que se debe expresar como el límite de cociente de incrementos:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{N(t + \Delta t) - N(t)}{\Delta t} = K \cdot N(t) \quad (5.41)$$

o bien si este límite existe se utiliza el símbolo de la derivada:

$$\frac{dN(t)}{dt} = K \cdot N(t) \quad (5.42)$$

Así queda establecido el modelo simbólico, ahora bien, se plantea encontrar la solución de dicho modelo, es decir, encontrar la solución continua de la ecuación diferencial, para lo cual es necesario establecer la condición inicial o problema de Cauchy del modelo de malthus, o sea tomando como dato inicial: que el tamaño inicial de la población sea N_0 correspondiente a un tiempo inicial t_0 , no necesariamente igual a cero, quedando entonces la ecuación diferencial con su condición inicial:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dN}{dt} = K \cdot N \\ N(t_0) = N_0 \end{array} \right\} \quad (5.43)$$

cuya solución, es decir la expresión $N = N(t)$, se obtiene por el método de variables separadas:

se multiplican a ambos lados de la ecuación la diferencial dt

$$\frac{dN}{dt} \cdot dt = K \cdot N \cdot dt \quad (5.44)$$

$$\frac{1}{N} \cdot \frac{dN}{dt} \cdot dt = K \cdot dt \quad (5.45)$$

$$\int \frac{1}{N} \cdot \frac{dN}{dt} \cdot dt = \int K \cdot dt \quad (5.46)$$

$$\int \frac{N'}{N} \cdot dt = K \int dt \quad (5.47)$$

$$\ln N + c_1 = K \cdot t + c_2$$

$$\ln N = K \cdot t + C \quad (5.48)$$

$$e^{\ln N} = e^{K \cdot t + C} \quad (5.49)$$

$$N(t) = e^C \cdot e^{Kt} \quad (5.50)$$

retomando la condición inicial de y sustituyendo se obtiene:

$$N(t_0) = e^C \cdot e^{Kt_0} \quad (5.51)$$

$$e^C = \frac{N(t_0)}{e^{Kt_0}} \quad (5.52)$$

Modelo de Von Bertalanffy.

$$V \propto L_{\max} - L(t) \quad (5.53)$$

$$V = K [L_{\max} - L(t)] \quad (5.54)$$

$$\frac{dL}{dt} = K (L_{\max} - L) \quad (5.55)$$

$$\mathcal{L} = L_{\max} - L \quad (5.56)$$

$$\mathcal{L}' = (L_{\max} - L)' \quad (5.57)$$

$$\mathcal{L}' = -L' \quad (5.58)$$

$$L' = -\mathcal{L}' \quad (5.59)$$

$$-\mathcal{L}' = K \cdot \mathcal{L} \quad (5.60)$$

$$\mathcal{L}' = -K \cdot \mathcal{L} \quad (5.61)$$

$$\mathcal{L}(t) = \mathcal{L}_0 \cdot e^{-K(t-t_0)} \quad (5.62)$$

$$L_{\max} - L(t) = (L_{\max} - L_0) \cdot e^{-K(t-t_0)} \quad (5.63)$$

$$L(t) = L_{\max} - (L_{\max} - L_0) \cdot e^{-K(t-t_0)} \quad (5.64)$$

$$L(t) = 1 - \left(\frac{L_{\max} - L_0}{L_0} \right) \cdot e^{-K(t-t_0)} \quad (5.65)$$

Modelo Logístico.

$$V \propto N \cdot (N_{\max} - N(t)) \quad (5.66)$$

$$V = K \cdot N(t) \cdot (N_{\max} - N(t)) \quad (5.67)$$

$$\frac{dN}{dt} = K \cdot N \cdot (N_{\max} - N) \quad (5.68)$$

$$\mathcal{N} = \frac{N_{\max} - N}{N} \quad (5.69)$$

$$\mathcal{N}' = \frac{N(-N') - N'(N_{\max} - N)}{N^2} \quad (5.70)$$

$$\mathcal{N}' = \frac{-N \cdot N' - N_{\max} \cdot N' + N \cdot N'}{N^2} \quad (5.71)$$

$$\mathcal{N}' = \frac{-N_{\max} \cdot N'}{N^2} \quad (5.72)$$

$$N' = \frac{\mathcal{N}' \cdot N^2}{N_{\max}} \quad (5.73)$$

$$N' = K \cdot N^2 \cdot \left(\frac{N_{\max} - N}{N} \right) \quad (5.74)$$

$$\frac{\mathcal{N}' \cdot N^2}{N_{\max}} = K \cdot N^2 \cdot \mathcal{N} \quad (5.75)$$

$$\frac{\mathcal{N}'}{N_{\max}} = K \cdot \mathcal{N} \quad (5.76)$$

$$\mathcal{N}' = KN_{\max} \cdot \mathcal{N} \quad (5.77)$$

haciendo $KN_{\max} = \mathcal{K}$

$$\mathcal{N}' = \mathcal{K} \cdot \mathcal{N} \quad (5.78)$$

la cual, es una ecuación tipo Malthus de la cual ya se conoce su solución:

$$\mathcal{N}(t) = \mathcal{N}_0 \cdot e^{\mathcal{K}(t-t_0)} \quad (5.79)$$

regresando a los valores originales

$$\frac{N_{\max} - N}{N} = \left(\frac{N_{\max} - N_0}{N_0} \right) \cdot e^{KN_{\max}(t-t_0)} \quad (5.80)$$

$$\frac{N_{\max}}{N} - \frac{N}{N} = \left(\frac{N_{\max} - N_0}{N_0} \right) \cdot e^{KN_{\max}(t-t_0)} \quad (5.81)$$

$$\frac{N}{N_{\max}} - 1 = \frac{1}{\left(\frac{N_{\max} - N_0}{N_0} \right) \cdot e^{KN_{\max}(t-t_0)}} \quad (5.82)$$

pasando a N_{\max} del otro lado de la ecuación:

$$N = 1 + \frac{N_{\max}}{\left(\frac{N_{\max} - N_0}{N_0} \right) \cdot e^{KN_{\max}(t-t_0)}} \quad (5.83)$$

finalmente se denota a $\frac{N_{\max} - N_0}{N_0}$ como A que es la capacidad máxima de carga de la población.

$$N(t) = 1 + \frac{N_{\max}}{A \cdot e^{KN_{\max}(t-t_0)}} \quad (5.84)$$

Gramáticas de Chomsky.

Un antecedente importante de considerar para el entendimiento de los sistemas Lindenmayer es recapitular las ideas inicialmente planteadas por Noam Chomsky [8]

Definición Una gramática G

$$G = [V, *, \rightarrow, V_T, S, \#]$$

es un sistema de concatenación ordenada de las siguientes condiciones:

i) V es un conjunto finito de símbolos llamado vocabulario, las cadenas de símbolos de este vocabulario son formados por concatenación; $*$ es una operación binaria asociativa y no conmutativa de cadenas formadas sobre el vocabulario V

ii) V_T es el final del vocabulario $V_T \subset V$. El complemento relativo V_T de con respecto a V se le conoce como el vocabulario auxiliar y se designa como V_N .

iii) \rightarrow es una relación irreflexiva, asimétrica y finita, definida sobre ciertas ordenadas de V y reescritas las parejas (ϕ, ψ) tal que $\phi \rightarrow \psi$ son las reglas gramaticales de G .

iv) $A \in V, A \in V_N$ si y sólo si son cadenas ϕ, ψ, ω tales que $\phi A \psi \rightarrow \phi \omega \psi$, $\# \in V_T$; $S \in V_N$; $c \in V_T$; donde $\#$ es el símbolo límite, S es el símbolo inicial que puede leerse en una oración y e es el elemento identidad con la propiedad que para toda cadena ϕ se cumple: $e\phi = \phi = \phi e$

v) Una secuencia de cadenas $D = (\phi_1, \dots, \phi_n)$ con $n \geq 1$ es una ϕ derivación ψ si y sólo si

$$\phi = \phi_1; \psi = \phi_n$$

para toda $i < n$ existen cadenas $\psi_1, \psi_2, \chi, \omega$ tal que $\chi \rightarrow \omega, \phi_i = \psi_1 \chi \psi_2$ y $\phi_{i+1} = \psi_1 \omega \psi_2$

El conjunto de derivaciones está completamente determinado por la relación específica \rightarrow y está dada por el conjunto finito de reglas gramaticales.

vi) Una derivación D de ψ es terminal si ψ es una cadena de V_T y D no es una secuencia inicial (propia de esta derivación).

vii) ψ es una cadena terminal de G si es terminal $\#S\#$ derivación de $\#\psi\#$; esto es una cadena terminal.

viii) El lenguaje terminal generado por G es un conjunto de cadenas terminales de G .

Lo anterior esboza una serie de condicionantes para establecer gramáticas, útiles en el campo de la programación, de estas gramáticas de Chomsky se restringirán los vocabularios en simples alfabetos, las reglas gramaticales en sencillas reglas de transformación y con la ayuda de un lenguaje tipo Logo se podrá estructurar la idea de los sistemas-1 que son los que van a permitir las simulaciones.

Estimación de parámetros por mínimos cuadrados.

Dado un conjunto de puntos en R^2 que asemejan a una función expresada por un polinomio de la forma:

$$y = f(x) = a_m x^m + a_{m-1} x^{m-1} + \dots + a_1 x + a_0 \quad (5.85)$$

cuya gráfica es una curva suave en R^2 . Se llama residuo a la diferencia de ordenadas de la curva para $x = x_i$ menos el punto (x_i, y_i) , si se denota a R_i al i -ésimo residuo, se obtiene

$$R_i = f(x_i) - y_i \quad (5.86)$$

y sustituyendo la ecuación ..en

$$R_i = a_m x_i^m + a_{m-1} x_i^{m-1} + \dots + a_1 x_i + a_0 - y_i \quad (5.87)$$

Entonces el método de mínimos cuadrados consiste en determinar los valores del conjunto de parámetros: $a_m, a_{m-1}, \dots, a_1, a_0$ de manera que minimicen al conjunto de residuos o más específicamente que minimice a la suma de cuadrados de los residuos:

$$\sum_{i=1}^n R_i^2 = \sum_{i=1}^n (a_m x_i^m + a_{m-1} x_i^{m-1} + \dots + a_1 x_i + a_0 - y_i)^2 \quad (5.88)$$

La minimización de dicha expresión se obtiene igualando la derivada de esta e igualando a cero, pero el derivar a esta expresión es derivar parcialmente con respecto a las parámetros a_j donde $j = 0, 1, 2, \dots, m$. obteniendo:

$$\frac{\partial}{\partial a_j} \sum_{i=1}^n R_i^2 = \frac{\partial}{\partial a_j} \sum_{i=1}^n (a_m x_i^m + a_{m-1} x_i^{m-1} + \dots + a_1 x_i + a_0 - y_i)^2 \quad (5.89)$$

$$= \sum_{i=1}^n \frac{\partial}{\partial a_j} (a_m x_i^m + a_{m-1} x_i^{m-1} + \dots + a_1 x_i + a_0 - y_i)^2 \quad (5.90)$$

$$= \sum_{i=1}^n 2 (a_m x_i^m + a_{m-1} x_i^{m-1} + \dots + a_1 x_i + a_0 - y_i) x_i^j \quad (5.91)$$

e igualando a cero se obtiene

$$a_m \sum_{i=1}^n x_i^{j+m} + a_{m-1} \sum_{i=1}^n x_i^{j+m-1} + \dots + a_2 \sum_{i=1}^n x_i^{j+2} + a_1 \sum_{i=1}^n x_i^{j+1} + a_0 \sum_{i=1}^n x_i^j = \sum_{i=1}^n y_i x_i^j \quad (5.92)$$

considerando adicionalmente a $j = 0, 1, 2, \dots, m$ se obtiene el siguiente sistema de ecuaciones:

$$\begin{aligned} a_m \sum x^m + a_{m-1} \sum x^{m-1} + \dots + a_2 \sum x^2 + a_1 \sum x + na_0 &= \sum y \\ a_m \sum x^{m+1} + a_{m-1} \sum x^m + \dots + a_2 \sum x^3 + a_1 \sum x + na_0 &= \sum xy \\ a_m \sum x^{m+2} + a_{m-1} \sum x^{m+1} + \dots + a_2 \sum x^4 + a_1 \sum x + na_0 &= \sum x^2 y \\ &\vdots \\ a_m \sum x^{m+m} + a_{m-1} \sum x^{m+m-1} + \dots + a_2 \sum x^{m+2} + a_1 \sum x^{m+1} + a_0 \sum x^m &= \sum x^m y \end{aligned} \quad (5.93)$$

En el caso particular de una regresión lineal, el ajuste de un conjunto de punto se realiza en base a la ecuación:

$$y = f(x) = a_1 x + a_0 \quad (5.94)$$

$$R_i = f(x_i) - y_i \quad (5.95)$$

$$R_i = a_1 x_i + a_0 - y_i \quad (5.96)$$

En este caso particular, consiste en determinar los valores de parámetros a_j y a_0 para $j = 0, 1$ de manera que minimizen a la suma de cuadrados de los residuos:

$$\sum_{i=1}^n R_i^2 = \sum_{i=1}^n (a_1 x_i + a_0 - y_i)^2 \quad (5.97)$$

$$\frac{\partial}{\partial a_j} \sum_{i=1}^n R_i^2 = \frac{\partial}{\partial a_j} \sum_{i=1}^n (a_1 x_i + a_0 - y_i)^2 \quad (5.98)$$

$$= \sum_{i=1}^n \frac{\partial}{\partial a_j} (a_1 x_i + a_0 - y_i)^2 \quad (5.99)$$

$$= \sum_{i=1}^n 2 (a_1 x_i + a_0 - y_i) x_i^j \quad (5.100)$$

igualando a cero se obtiene

$$a_1 \sum_{i=1}^n x_i^{j+1} + a_0 \sum_{i=1}^n x_i^j = \sum_{i=1}^n y_i x_i^j \quad (5.101)$$

considerando a $j = 0, 1$ se obtiene el sistema de dos ecuaciones:

$$\begin{aligned} na_0 + a_1 \sum_{i=1}^n x_i &= \sum_{i=1}^n y_i \\ a_0 \sum_{i=1}^n x_i + a_1 \sum_{i=1}^n x_i^2 &= \sum_{i=1}^n x_i y_i \end{aligned} \quad (5.102)$$

retomando la notación tradicional de la línea de recta en referencia a la pendiente y de la ordenada al origen:

$$\begin{aligned} nb + m \sum_{i=1}^n x_i &= \sum_{i=1}^n y_i \\ b \sum_{i=1}^n x_i + m \sum_{i=1}^n x_i^2 &= \sum_{i=1}^n x_i y_i \end{aligned} \quad (5.103)$$

resolviendo el sistema por el método de determinantes se obtiene el valor de la pendiente:

$$m = \frac{\begin{vmatrix} n & \sum_{i=1}^n y_i \\ \sum_{i=1}^n x_i & \sum_{i=1}^n x_i y_i \end{vmatrix}}{\begin{vmatrix} n & \sum_{i=1}^n x_i \\ \sum_{i=1}^n x_i & \sum_{i=1}^n x_i^2 \end{vmatrix}} = \frac{n \sum_{i=1}^n x_i y_i - \sum_{i=1}^n x_i \left(\sum_{i=1}^n y_i \right)}{n \sum_{i=1}^n x_i^2 - \left(\sum_{i=1}^n x_i \right)^2} \quad (5.104)$$

y de la ordenada al origen

$$b = \frac{\begin{vmatrix} \sum_{i=1}^n y_i & \sum_{i=1}^n x_i \\ \sum_{i=1}^n x_i y_i & \sum_{i=1}^n x_i^2 \end{vmatrix}}{\begin{vmatrix} n & \sum_{i=1}^n x_i \\ \sum_{i=1}^n x_i & \sum_{i=1}^n x_i^2 \end{vmatrix}} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i^2 \left(\sum_{i=1}^n y_i \right) - \sum_{i=1}^n x_i \left(\sum_{i=1}^n x_i y_i \right)}{n \sum_{i=1}^n x_i^2 - \left(\sum_{i=1}^n x_i \right)^2} \quad (5.105)$$

Lo que finalmente queda expresada las ecuaciones de m y b .

$$m = \frac{n \sum_{i=1}^n x_i y_i - \sum_{i=1}^n x_i \left(\sum_{i=1}^n y_i \right)}{n \sum_{i=1}^n x_i^2 - \left(\sum_{i=1}^n x_i \right)^2} \quad (5.106)$$

$$b = \frac{\sum_{i=1}^n x_i^2 \left(\sum_{i=1}^n y_i \right) - \sum_{i=1}^n x_i \left(\sum_{i=1}^n x_i y_i \right)}{n \sum_{i=1}^n x_i^2 - \left(\sum_{i=1}^n x_i \right)^2} \quad (5.107)$$

Definición de Variedad n-dimensional.

Definición Sea \vec{x}_0 un punto en R^n . Una bola abierta con centro \vec{x}_0 y radio $r > 0$ (notación: $B(\vec{x}_0, r)$) es el conjunto de puntos \vec{x} del espacio R^n tales que la distancia (norma) de cualquiera de estos puntos al punto \vec{x}_0 es menor al radio r . En notación simbólica quedaría como: $B(\vec{x}_0, r) = \{ \vec{x} \in R^n \mid \| \vec{x} - \vec{x}_0 \| < r \}$

Definición Un conjunto $V \subset R^n$ es abierto si para cada $\vec{x} \in V$ existe una bola abierta $B(\vec{x}, r)$ contenida en V . es decir, $(\forall \vec{x} \in V) (\exists r > 0) \ni B(\vec{x}, r) \subset V$

Definición Un conjunto $F \subset R^n$ es cerrado si su complemento es un conjunto abierto. es decir, $F^c = R^n - F$

Definición Una superficie es un conjunto M provisto de una colección C de cartas abstractas dentro de M tal que:

- i) Las imágenes de las cartas de la colección C cubren a M .
- ii) Para dos cartas cualesquiera x, y en la colección C , las funciones compuestas $y^{-1}x$ y $x^{-1}y$ son euclideanamente diferenciables (y están definidas en conjuntos abiertos de E^2)

Definición Una variedad n-dimensional M es un conjunto provisto de una colección C de cartas abstractas (funciones uno a uno $x : D \rightarrow M$, donde D es un conjunto abierto de E^n) tal que:

- i) M está cubierta por las imágenes de las cartas de la colección C .
- ii) Para dos cartas cualesquiera x, y de la colección C , las funciones compuestas $y^{-1}x$ y $x^{-1}y$ son euclideanamente diferenciables (y están definidas en conjuntos abiertos de E^n)

Programas en EVOLVER para los patrones de segmentación.

Cigoto

```
// cigoto.fe // Evolver data for cube of prescribed volume.
```

vertices

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.132

```
1 0 0 0
2 1 0 0
3 1 1 0
4 0 1 0
5 0 0 1
6 1 0 1
7 1 1 1
8 0 1 1
```

edges /* given by endpoints and attribute */

```
1 1 2
2 2 3
3 3 4
4 4 1
5 5 6
6 6 7
7 7 8
8 8 5
9 1 5
10 2 6
11 3 7
12 4 8
```

faces /* given by oriented edge loop */

```
1 1 10 -5 -9
2 2 11 -6 -10
3 3 12 -7 -11
4 4 9 -8 -12
5 5 6 7 8
6 -4 -3 -2 -1
```

bodies /* one body, defined by its oriented faces */

```
1 1 2 3 4 5 6 volume 1
```

```
1 1 2 3 4 5 6 volume 1
```

Segmentación holoblástica radial (Primera partición)

```
// cube.fe // Evolver data for cube of prescribed volume.
```

```
vertices
```

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.133

1	0	0	0
2	2	0	0
3	2	2	0
4	0	2	0
5	0	0	2
6	2	0	2
7	2	2	2
8	0	2	2
9	2	0.9	0
10	0	0.9	0
11	0	0.9	2
12	2	0.9	2
13	2	1.1	0
14	0	1.1	0
15	0	1.1	2
16	2	1.1	2

edges /* given by endpoints and attribute */

1	1 2
2	2 9
3	9 10
4	10 1
5	5 6
6	6 12
7	12 11
8	11 5
9	1 5
10	2 6
11	9 12
12	10 11
13	14 13
14	13 3
15	3 4
16	4 14
17	15 16
18	6 7
19	7 8
20	8 15
21	15 14
22	16 13
23	7 3
24	8 4

faces /* given by oriented edge loop */

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.134

```
1 10 -5 -9 1
2 -10 2 11 -6
3 -11 3 12 -7
4 4 9 -8 -12
5 5 6 7 8
6 -1 -4 -3 -2
7 -22 -17 21 13
8 22 14 -23 -18
9 23 15 -24 -19
10 16 -21 -20 24
11 17 18 19 20
12 -14 -13 -16 -15
bodies /* one body, defined by its oriented faces */
1 1 2 3 4 5 6 volume 4
2 7 8 9 10 11 12 volume 4
segmentación holoblástica radial (Segunda partición)

// cube2.fe // Evolver data for cube of prescribed volume.
vertices
1 0.0 0.0 0.0
2 2.0 0.0 0.0
3 2.0 2.0 0.0
4 0.0 2.0 0.0
5 0.0 0.0 2.0
6 2.0 0.0 2.0
7 2.0 2.0 2.0
8 0.0 2.0 2.0
9 2.0 0.9 0.0
10 0.0 0.9 0.0
11 0.0 0.9 2.0
12 2.0 0.9 2.0
13 2.0 1.1 0.0
14 0.0 1.1 0.0
15 0.0 1.1 2.0
16 2.0 1.1 2.0
17 0.9 0.0 0.0
18 0.9 0.9 0.0
19 0.9 0.0 2.0
20 0.9 0.9 2.0
21 1.1 0.0 0.0
22 1.1 0.9 0.0
23 1.1 0.0 2.0
```

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.135

24 1.1 0.9 2.0
25 0.9 1.1 0.0
26 0.9 2.0 0.0
27 0.9 1.1 2.0
28 0.9 2.0 2.0
29 1.1 1.1 0.0
30 1.1 2.0 0.0
31 1.1 1.1 2.0
32 1.1 2.0 2.0
edges /* given by endpoints and attribute */
1 1 17
2 17 18
3 18 10
4 10 1
5 5 19
6 19 20
7 20 11
8 11 5
9 1 5
10 17 19
11 18 20
12 10 11
13 21 2
14 2 9
15 9 22
16 22 21
17 23 6
18 6 12
19 12 24
20 24 23
21 21 23
22 2 6
23 9 12
24 22 24
25 14 25
26 25 26
27 26 4
28 4 14
29 15 27
30 27 28
31 28 8
32 8 15

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.136

```
33 14 15
34 25 27
35 26 28
36 4 8
37 29 13
38 13 3
39 3 30
40 30 29
41 31 16
42 16 7
43 7 32
44 32 31
45 29 31
46 13 16
47 3 7
48 30 32
faces /* given by oriented edge loop */
1 -5 -9 1 10
2 -10 2 11 -6
3 -11 3 12 -7
4 -8 -12 4 9
5 5 6 7 8
6 -1 -4 -3 -2
7 22 -17 -21 13
8 -18 -22 14 23
9 15 24 -19 -23
10 -20 -24 16 21
11 17 18 19 20
12 -16 -15 -14 -13
13 -29 -33 25 34
14 26 35 -30 -34
15 27 36 -31 -35
16 28 33 -32 -36
17 29 30 31 32
18 -25 -28 -27 -26
19 37 46 -41 -45
20 38 47 -42 -46
21 39 48 -43 -47
22 -44 -48 40 45
23 41 42 43 44
24 -37 -40 -39 -38
bodies /* one body, defined by its oriented faces */
```


PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.137

1 1 2 3 4 5 6 volume 2
2 7 8 9 10 11 12 volume 2
3 13 14 15 16 17 18 volume 2
4 19 20 21 22 23 24 volume 2

segmentación holoblástica radial (Tercera partición)

// cube2.fe // Evolver data for cube of prescribed volume.

vertices

1 0.0 0.0 0.0
2 0.9 0.0 0.0
3 0.9 0.9 0.0
4 0.0 0.9 0.0
5 0.0 0.0 0.9
6 0.9 0.0 0.9
7 0.9 0.9 0.9
8 0.0 0.9 0.9
9 1.1 0.0 0.0
10 2.0 0.0 0.0
11 2.0 0.9 0.0
12 1.1 0.9 0.0
13 1.1 0.0 0.9
14 2.0 0.0 0.9
15 2.0 0.9 0.9
16 1.1 0.9 0.9
17 0.0 1.1 0.0
18 0.9 1.1 0.0
19 0.9 2.0 0.0
20 0.0 2.0 0.0
21 0.0 1.1 0.9
22 0.9 1.1 0.9
23 0.9 2.0 0.9
24 0.0 2.0 0.9
25 1.1 1.1 0.0
26 2.0 1.1 0.0
27 2.0 2.0 0.0
28 1.1 2.0 0.0
29 1.1 1.1 0.9
30 2.0 1.1 0.9
31 2.0 2.0 0.9
32 1.1 2.0 0.9
33 0.0 0.0 1.1

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.138

34 0.9 0.0 1.1
35 0.9 0.9 1.1
36 0.0 0.9 1.1
37 0.0 0.0 2.0
38 0.9 0.0 2.0
39 0.9 0.9 2.0
40 0.0 0.9 2.0
41 1.1 0.0 1.1
42 2.0 0.0 1.1
43 2.0 0.9 1.1
44 1.1 0.9 1.1
45 1.1 0.0 2.0
46 2.0 0.0 2.0
47 2.0 0.9 2.0
48 1.1 0.9 2.0
49 0.0 1.1 1.1
50 0.9 1.1 1.1
51 0.9 2.0 1.1
52 0.0 2.0 1.1
53 0.0 1.1 2.0
54 0.9 1.1 2.0
55 0.9 2.0 2.0
56 0.0 2.0 2.0
57 1.1 1.1 1.1
58 2.0 1.1 1.1
59 2.0 2.0 1.1
60 1.1 2.0 1.1
61 1.1 1.1 2.0
62 2.0 1.1 2.0
63 2.0 2.0 2.0
64 1.1 2.0 2.0
edges /* given by endpoints and attribute */
1 1 2
2 2 3
3 3 4
4 4 1
5 5 6
6 6 7
7 7 8
8 8 5
9 1 5
10 2 6

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.139

11 3 7
12 4 8
13 9 10
14 10 11
15 11 12
16 12 9
17 13 14
18 14 15
19 15 16
20 16 13
21 9 13
22 10 14
23 11 15
24 12 16
25 17 18
26 18 19
27 19 20
28 20 17
29 21 22
30 22 23
31 23 24
32 24 21
33 17 21
34 18 22
35 19 23
36 20 24
37 25 26
38 26 27
39 27 28
40 28 25
41 29 30
42 30 31
43 31 32
44 32 29
45 25 29
46 26 30
47 27 31
48 28 32
49 33 34
50 34 35
51 35 36
52 36 33

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.140

53 37 38
54 38 39
55 39 40
56 40 37
57 33 37
58 34 38
59 35 39
60 36 40
61 41 42
62 42 43
63 43 44
64 44 41
65 45 46
66 46 47
67 47 48
68 48 45
69 41 45
70 42 46
71 43 47
72 44 48
73 49 50
74 50 51
75 51 52
76 52 49
77 53 54
78 54 55
79 55 56
80 56 53
81 49 53
82 50 54
83 51 55
84 52 56
85 57 58
86 58 59
87 59 60
88 60 57
89 61 62
90 62 63
91 63 64
92 64 61
93 57 61
94 58 62

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.141

```
95 59 63
96 60 64
faces /* given by oriented edge loop */
1 -5 -9 1 10
2 -6 -10 2 11
3 -7 -11 3 12
4 -8 -12 4 9
5 5 6 7 8
6 -1 -4 -3 -2
7 -17 -21 13 22
8 -18 -22 14 23
9 -19 -23 15 24
10 -20 -24 16 21
11 17 18 19 20
12 -13 -16 -15 -14
13 -29 -33 25 34
14 -30 -34 26 35
15 -31 -35 27 36
16 -32 -36 28 33
17 29 30 31 32
18 -25 -28 -27 -26
19 -41 -45 37 46
20 -42 -46 38 47
21 -43 -47 39 48
22 -44 -48 40 45
23 41 42 43 44
24 -37 -40 -39 -38
25 -53 -57 49 58
26 -54 -58 50 59
27 -55 -59 51 60
28 -56 -60 52 57
29 53 54 55 56
30 -49 -52 -51 -50
31 -65 -69 61 70
32 -66 -70 62 71
33 -67 -71 63 72
34 -68 -72 64 69
35 65 66 67 68
36 -61 -64 -63 -62
37 -77 -81 73 82
38 -78 -82 74 83
39 -79 -83 75 84
```

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.142

```
40 -80 -84 76 81
41 77 78 79 80
42 -73 -76 -75 -74
43 -89 -93 85 94
44 -90 -94 86 95
45 -91 -95 87 96
46 -92 -96 88 93
47 89 90 91 92
48 -85 -88 -87 -86
bodies /* one body, defined by its oriented faces */
1 1 2 3 4 5 6 volume 1
2 7 8 9 10 11 12 volume 1
3 13 14 15 16 17 18 volume 1
4 19 20 21 22 23 24 volume 1
5 25 26 27 28 29 30 volume 1
6 31 32 33 34 35 36 volume 1
7 37 38 39 40 41 42 volume 1
8 43 44 45 46 47 48 volume 1
```

segmentación holoblastica espiral (primera partición)

```
// cube.fe // Evolver data for cube of prescribed volume.
vertices
1 0.01 0.0 0.0
2 2.0 0.0 0.0
3 2.0 1.99 0.0
4 2.0 1.99 2.0
5 0.01 0.0 2.0
6 2.0 0.0 2.0
7 0.0 0.01 0.0
8 0.0 2.0 0.0
9 1.99 2.0 0.0
10 1.99 2.0 2.0
11 0.0 2.0 2.0
12 0.0 0.01 2.0
edges /* given by endpoints and attribute */
1 1 2
2 2 3
3 3 1
4 5 6
5 6 4
6 4 5
```

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.143

```
7 1 5
8 2 6
9 3 4
10 7 9
11 9 8
12 8 7
13 12 10
14 10 11
15 11 12
16 12 7
17 10 9
18 11 8
faces /* given by oriented edge loop */
1 -1 -3 -2
2 4 5 6
3 -4 -7 1 8
4 -5 -8 2 9
5 -6 -9 3 7
6 -12 -11 -10
7 13 14 15
8 -13 16 10 -17
9 17 11 -18 -14
10 -15 18 12 -16
bodies /* one body, defined by its oriented faces */
1 1 2 3 4 5 volume 3.8
2 6 7 8 9 10 volume 3.8
```

Segmentación meroblástica discoidal

// segmerdis.fe // Evolver data for segmentación meroblástica discoidal of
prescribed volume.

```
vertices
1 2.0 0.0 2.0
2 2.0 0.95 2.0
3 2.0 0.975 1.0
4 2.0 1.025 1.0
5 2.0 1.05 2.0
6 2.0 2.0 2.0
7 2.0 2.0 0.0
8 2.0 0.0 0.0
9 0.0 0.0 2.0
10 0.0 0.95 2.0
```

PROGRAMAS EN EVOLVER PARA LOS PATRONES DE SEGMENTACIÓN.144

11 0.0 0.975 1.0
12 0.0 1.025 1.0
13 0.0 1.05 2.0
14 0.0 2.0 2.0
15 0.0 2.0 0.0
16 0.0 0.0 0.0
17 2.0 0.9 0.0
18 2.0 1.1 0.0
19 0.0 0.9 0.0
20 0.0 1.1 0.0
edges /* given by endpoints and attribute */
1 1 8
2 18 7
3 7 6
4 6 5
5 5 4
6 4 3
7 3 2
8 2 1
9 8 16
10 16 9
11 9 1
12 6 14
13 14 15
14 15 7
15 20 15
16 14 13
17 13 12
18 12 11
19 11 10
20 10 9
21 2 10
22 13 5
23 4 12
24 11 3
25 3 17
26 18 4
27 11 19
28 20 12
29 17 18
30 19 20
31 8 17


```

32 16 19
faces /* given by oriented edge loop */
1  -11 -10 -9 -1
2  8 1 31 -25 7
3  -12 -3 -14 -13
4  -20 -19 27 -32 10
5  9 32 30 15 14 -2 -29 -31
6  11 -8 21 20
7  16 22 -4 12
8  19 -21 -7 -24
9  -22 17 -23 -5
10  18 24 -6 23
11  6 25 29 26
12  -18 -28 -30 -27
13  2 3 4 5 -26
14  -16 13 -15 28 -17
bodies /* one body, defined by its oriented faces */
1  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 volume 7.1

```

Construcción del Catenoide.

El área A de una superficie de revolución generada por la curva $y = y(x)$ está dada por:

$$A(y(x)) = 2\pi \int_{x_0}^{x_1} y(x) dS \quad (5.108)$$

es decir

$$A = 2\pi \int_{x_0}^{x_1} y(x) \sqrt{1 + \left(\frac{dy(x)}{dx}\right)^2} dx \quad (5.109)$$

En este caso el integrando es una función $F = F(y, y')$, por ende una primera integral de la ecuación de Euler por (3) será:

$$F - y'F_{y'} = C_1 \quad (5.110)$$

$$y\sqrt{1+y'^2} - y' \left(y \cdot \sqrt{1+y'^2} \right)' = C_1 \quad (5.111)$$

$$y\sqrt{1+y'^2} - y' \cdot y \cdot \frac{2y'}{2 \cdot \sqrt{1+y'^2}} = C_1 \quad (5.112)$$

$$y\sqrt{1+y^2} - \frac{y \cdot y'^2}{\sqrt{1+y^2}} = C_1 \quad (5.113)$$

$$\frac{y(1+y^2) - y \cdot y'^2}{\sqrt{1+y^2}} = C_1 \quad (5.114)$$

$$\frac{y}{\sqrt{1+y^2}} = C_1 \quad (5.115)$$

y se procede posteriormente a buscar paramétricamente la solución haciendo $y' = \sinh t$
entonces:

$$\frac{y}{\sqrt{1+\sinh^2 t}} = C_1 \quad (5.116)$$

$$\frac{y}{\cosh t} = C_1 \quad (5.117)$$

$$y = C_1 \cosh t \quad (5.118)$$

donde faltaría expresar a x como función del parámetro t . Introduciendo:

$$dy = y' \cdot dx \quad (5.119)$$

$$dx = \frac{dy}{y'} \quad (5.120)$$

$$dx = \frac{d(C_1 \cdot \cosh t)}{\sinh t} \quad (5.121)$$

$$\int dx = \int \frac{C_1 \cdot \sinh t \cdot dt}{\sinh t} \quad (5.122)$$

$$x = C_1 \cdot t + C_2 \quad (5.123)$$

y por lo tanto:

$$\left\{ \begin{array}{l} y = C_1 \cosh t \\ x = C_1 \cdot t + C_2 \end{array} \right\} \quad (5.124)$$

quedando como solución paramétrica (es decir eliminando a t):

$$t = \frac{x - C_2}{C_1} \implies y = C_1 \cosh \left(\frac{x - C_2}{C_1} \right) \quad (5.125)$$

que conforman la familia de dos parámetros de *catenarinas* que al girarlas forman las superficies llamadas *catenoides*, que es la solución buscada.

Las constantes C_1 y C_2 se determinan de la condición a la frontera dada por las coordenadas de los puntos A y B a través de los cuales deba pasar la solución. Según la disposición de los puntos A y B, se empieza con el caso particular cuando $A = (-1, h)$ y $B = (+1, h)$, la curva

$$y = C_1 \cosh\left(\frac{x - C_2}{C_1}\right) \quad (5.126)$$

puede o no pasar por A y B.

Sustituyendo las coordenadas de A y de B en las curvas obtenidas se tienen:

$$h = C_1 \cosh\left(\frac{1 - C_2}{C_1}\right) \implies \frac{h}{C_1} = \cosh\left(\frac{1 - C_2}{C_1}\right) \quad (5.127)$$

$$h = C_1 \cosh\left(\frac{-1 - C_2}{C_1}\right) \implies \frac{h}{C_1} = + \cosh\left(\frac{1 + C_2}{C_1}\right) \quad (5.128)$$

entonces se obtiene que:

$$\begin{aligned} \cosh\left(\frac{1 - C_2}{C_1}\right) &= \cosh\left(\frac{1 + C_2}{C_1}\right) \implies \frac{1 - C_2}{C_1} = \frac{1 + C_2}{C_1} \implies 1 - C_2 = 1 + C_2 \\ \implies 2 \cdot C_2 &= 0 \implies C_2 = 0. \end{aligned}$$

Tomando nuevamente la primera expresión de partida:

$$h|_{C_2=0} = \cosh\left(\frac{1 - C_2}{C_1}\right)|_{C_2=0} \implies h = C_1 \cdot \cosh\frac{1}{C_1} \quad (5.129)$$

Luego para saber si: $y = C_1 \cosh\left(\frac{x - C_2}{C_1}\right)$, pasa por $A = (-1, h)$. $B = (1, h)$ se reduce al problema de despejar C_1 de: $C_1 \cdot \cosh\frac{1}{C_1} = h$.

Ahora bien, la gráfica de la función: $\varphi(C_1) = C_1 \cdot \cosh\frac{1}{C_1}$ para $C_1 > 0$ se caracteriza por que:

$$\varphi'(C_1) = \cosh\frac{1}{C_1} - C_1 \frac{1}{C_1^2} \sinh\frac{1}{C_1} = \cosh\frac{1}{C_1} - \frac{1}{C_1} \sinh\frac{1}{C_1} \quad (5.130)$$

y por ende:

$$\varphi''(C_1) = -\frac{1}{C_1^2} \sinh\frac{1}{C_1} - \frac{1}{C_1} \cosh\frac{1}{C_1} \cdot \left(-\frac{1}{C_1^2}\right) - \left(-\frac{1}{C_1^2}\right) \sinh\frac{1}{C_1} = \frac{1}{C_1^3} \cosh\frac{1}{C_1} \quad (5.131)$$

la cual es mayor a 0 y su forma es: \smile .

Luego la función φ tiene un mínimo para las C_1 positivas.

Supongamos que φ alcanza dicho mínimo en el valor C_0 , este valor se determina de que $\varphi'(C_1) = 0$, o sea de:

$$\cosh \frac{1}{C_1} - \frac{1}{C_1} \sinh \frac{1}{C_1} = 0 \quad (5.132)$$

es decir de $\frac{1}{C_1} \tanh \frac{1}{C_1} = 1$ esto es como raíz de $\tanh \frac{1}{C_1} = C_1$.

El valor aproximado de la raíz de la ecuación anterior es: $C_0 = 0.83355$ y el valor de dicho mínimo es:

$$\varphi(C_0) = \min_{C_1 > 0} \varphi(C_1) = \frac{C_0'}{\sqrt{1 - C_0'^2}} = 1.5127 \quad (5.133)$$

En efecto, se presentan tres posibles casos:

Si $h < \varphi(C_0)$ en este caso los extremales que unan A con B no existen.

Si $h = \varphi(C_0)$, entonces existirá una sola extremal que une los puntos A y B .

Si $h > \varphi(C_0)$, entonces existirán 2 extremales que unen a los puntos A y B .

En este último caso existen, para un valor dado de $h > \varphi(C_0)$, dos valores de C_1 , al menor de los cuales C_{01} corresponde una catenaria más baja y al mayor C_{02} una catenaria más alta.

