Reporte Tarea 2

Victor Alejandro Oviedo Martínez

27 de septiembre de 2020

1. Introduccón

Para esta segunda tarea[2] se han estudiado los temas, Autómata Celular[4] y Juego de la vida[5]. El autómata celular sirve como representación de un espacio determinado y tiempo discretizado, el cual tiene como objetivo imitar los movimientos de una o varias células dependiendo de los parámetros que a estas se le asignen, es por esto, se utiliza el juego de la vida como los parámetros que regirán su comportamiento. Para este juego de la vida en particular, la representación será en dos dimensiones, y tendrá como regla de sobrevivencia tener exactamente tres células vecinas vivas, de no cumplir con esta regla, la célula morirá.

2. Desarrollo

Para esta segunda tarea se ha planteado el siguiente problema: Diseña y ejecuta un experimento para determinar o (a) el mayor colapso poblacional entre iteraciones subsecuentes o (b) el mayor tiempo continuo de vida en una celda en una malla de 20 por 20 celdas hasta que se mueran todas o que se hayan cumplido 50 iteraciones, variando la probabilidad inicial de celda viva entre 0.1 y 0.9 en pasos de 0.1.

Para el desarrollo de esta tarea se a utilizado el código ejemplo proporcionado por la Dra. Schaeffer [3], el cual tiene el propósito de generar un autómata celular con el fin de simular el juego de la vida. Por lo tanto, este código será modificando para las características de esta tarea.

La edición de este código a iniciado con el desarrollo de una función, la cual tiene como finalidad entregar valores booleanos. A esta función se a llamado give(x,y).

```
def give(x,y):
    x = random()
    if x < y:
        give = 1
    else:
        give = 0
    return give</pre>
```

Como primer movimiento en esta función, tendremos la asignación de un valor aleatorio a la variable x, esta posterior mente será evaluada dentro del condicional if realizando una comparación con la variable y, la variable y será la probabilidad de celda viva. Por lo tanto, al realizar esta comparación se estarán generando valores booleanos a razón del porcentaje de probabilidad de celda viva.

```
valores = [round(random()) for i in range(num)]

valores = [give(x,y) for i in range(num)]
```

Una vez realizada esta función, se procede a agregar la función a la parte en donde se genera la cadena de valores. Se tiene que en el código ejemplo[3] se utilizaba el comando round() en conjunto con el comando random(), esto con el fin de genera valores pseudo-aleatorios los cuales serian redondeados dependiendo del valor pseudo-aleatorio, por lo tanto, la probabilidad de celda viva para este caso seria de 50%. En nuestro caso tendremos que cambiar el comando round(random()) por la función give(x,y). De esta forma podremos generar valores con probabilidad de celda viva definida por nosotros.

Lo siguiente en lo que se ha trabajado, seria en generar diferentes matrices con diferente probabilidad de celda viva. Para esto, sea utilizado el lazo for con el fin de repetir el proceso de generación de matriz y desarrollo de la misma.

Para esto, se intentó utilizar la función range(), sin embargo, esta solo genera rango de valores enteros, siendo que ocupamos un rango de 0.1 a 0.9 con incrementos lineales de 0.1. Por lo tanto, se investigó alguna función la cual pueda utilizar valores flotantes. A esto, se encontró la función arange()[1], la cual es similar a range(), sin embargo esta puede generar valores flotantes. Por lo tanto, el lazo for repetirá la cantidad de valores que se generen en la variable rep, la cual contendrá 9 valores (0.1, 0.2, ***, 0.9).

Una vez se ha podido generar matrices con diferente probabilidad inicial de celda viva, el siguiente paso seria realizar el experimento para cada una de estas matrices generadas con diferentes probabilidades de celda viva. Pro lo tanto, al program se le agrego un lazo for el cual esta gobernado por el rango rep, el cual contiene el rango con los valores de la probabilidad de celda viva. Dentro de este for, tendremos el programa proporcionado por la Dra. Schaeffer [3] junto con las modificaciones ya explicadas. Sin embargo, a esto se le ha agregado código con el fin de calcular el mayor colapso poblacional entre iteraciones subsecuentes.

3. Conclusión

Como conclusión a esta segunda tarea, se ha simulado el programa con las características pedidas. A continuación se podrán observar los resultados. En estos resultados se tiene parte de la respuesta que el programa entregara a lo largo de la simulación.

```
Vivos: 31 de 400 , Porcentaje de sobrevivencia: 7.75 \ \%

Iter 0 , vivos: 31 , vivos2 0 , Difvivos -31 , Maxvivos 0

Iter 1 , vivos: 12 , vivos2 31 , Difvivos 19 , Maxvivos 19

Iter 2 , vivos: 2 , vivos2 12 , Difvivos 10 , Maxvivos 19
```

-0.9 -

[19, 22, 33, 50, 98, 172, 250, 306, 337]

En esta impresión podemos observar los parámetros; Iter, vivos, vivos2, Difvivos, Maxvivos. En donde, Iter se refiere a la iteración a la que corresponde los conceptos que lo acompañan, vivos se refiere a la cantidad de celdas vivas en esa iteración, vivos2 se refiere a los vivos de la iteración pasada, Difvivos se refiere a la diferencia entre los vivos de la iteración anterior con los vivos de la iteración actual, por ultimo, Maxvivos guaradá el valor máximo de todos los valores Difvivos. A esto le acompañan algunos parámetros de la matriz inical, como la cantidad de vivos con comparación al total de celdas, y el porcentaje que a esto le corresponde. Al final de estas impresiones se imprimirá la variable graf la cual contiene todos los valores del mayor colapso poblacional, por cada probabilidad de inicio de celda viva.

Por ultimo, tenemos en el Cuadro 1 donde podremos ver los datos generados por el programa los cuales corresponden a la Figura 1. Observando la Figura 1 tenemos un comportamiento lógico de los datos, ya que a mayor probabilidad de celda viva también aumenta el mayor colapso poblacional. Tomando como referencia los valores con 0.1 probable de inicio de celda viva, se tiene que de 400 celdas solo 31 fueron vivas, y una vez empezada las iteraciones rápidamente muere toda celda. Sin embargo al tener solo 31 celdas vivas al inicio, se pude decir que es un cumulo de celdas muy pequeña a sobrevivir. A comparación de los valores para 0.9 probable de inicio de celda viva, en donde 400 celdas 351 fueron vivas. Aquí es donde podemos comparar como al tener una mayor cantidad de celdas vivas, aumenta el mayor colapso poblacional, sin embargo para las dos simulaciones su maxima iteración fue la 3, por lo que tener una mayor cantidad de celdas vivas no garantiza mayor tiempo de vida de las celdas.

Cuadro 1: Datos resultados de la simulación.

Probabilidad de inicio de celda viva	Mayor colapso poblacional
0.1	19
0.2	22
0.3	33
0.4	50
0.5	98
0.6	172
0.7	250
0.8	306
0.9	337

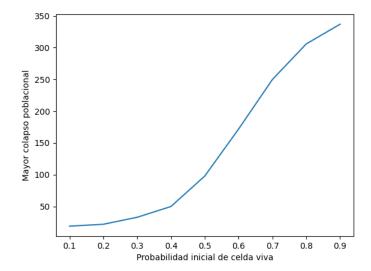


Figura 1: Gráfica con resultados de la simulación.

Referencias

- [1] PYnative. Generate range for float numbers in python, 2020. https://pynative.com/python-range-for-float-numbers/.
- [2] Elisa Schaeffer. Práctica 2: Autómata celular, Sep 2020. https://elisa.dyndns-web.com/teaching/comp/par/p2.html.
- $[3] \ Elisa\ Schaeffer.\ game of life.py, 2020.\ https://github.com/satuelisa/Simulation/blob/master/Cellular Automata, and the substantial control of the$
- [4] Eirc Weisstein. Cellular automaton, 2020. https://mathworld.wolfram.com/CellularAutomaton.html.
- [5] Eirc Weisstein. Game of life, 2020. https://mathworld.wolfram.com/GameofLife.html.