

Diagramas Color-Magnitud sintéticos para el estudio de la evolución de galaxias del Grupo Local. Análisis *CMD mock* con Python

Víctor Rufo Pastor
vrufo@ucm.es

Máster en Astrofísica, Universidad Complutense de Madrid
Diciembre 2020

Abstract

Se va a realizar un análisis de un diagrama color-magnitud sintético mock (CMD) de metalicidad constante y brotes de intensidad fija para atender a las diferentes características que proporciona, como son las secuencias estelares, puntos de giro, etc. Por otro lado, se desarrolla un programa en Python para medir residuos entre dos CMDs con el fin de conseguir una réplica del CMD de estudio. Para ello se genera un mallado sobre el que adaptar el CMD de referencia, el de estudio, y el candidato a ser comparado. Conforme más parejo sea el comportamiento, menos residuo se genera.

Los resultados indican dos brotes estelares principales. El primero, el más antiguo, está comprendido entre el inicio hasta un universo de 0.5 Gyr, de triple intensidad respecto al segundo brote. A continuación, se sucede el segundo entre 9 Gyr y 13 Gyr (presente) con intensidad menor que el primero. Es posible que en este periodo de tiempo, por ser tan extenso, existan pequeños brotes estelares de intensidad variada, pero pese a ello, la asunción de un único brote global genera buenos resultados. Se ha conseguido replicar por encima del $\sim 95\%$ según los criterios empleados.

KEYWORDS: *CMD, isocronas, mock, SFR, análisis comparativo, Python.*

1 Previo

La historia de formación estelar y enriquecimiento químico pueden ser estudiadas de una manera sintetizada a través de los diagramas color-magnitud CMD. Con ello, se puede extraer información de vital importancia para el estudio de la evolución y formación de galaxias así como el estudio del Universo.

Pero estos CMDs están muy limitados por el equipo experimental llegando a reducir los estudios a regiones no más lejanas de 4 Mpc desde nuestra galaxia; hay un límite de magnitud posible para observar: 29 mag de oMSTO (*oldest main sequence turn off*). Por esta razón, gran parte de los estudios se han focalizado en los objetos del Grupo Local, siendo lo más numerosos los basados en dIrr y dSph, por ser tipos de galaxias

muy abundantes. A su vez, la limitación experimental ha impulsado la necesidad de generar modelos sintéticos que complementen los estudios a modo de modelos teóricos-predictivos con los que cruzar los resultados. Es decir, los CMDs sintéticos permiten conocer la historia de formación estelar más probable. Esto requiere de una serie de herramientas con las que desarrollar los CMDs sintéticos.

Por lo general, se emplean trazas evolutivas y correcciones bolométricas ampliamente conocidas para generar distribuciones de estrellas según color y magnitud en diferentes bandas, para diferentes historias de formación estelar y química. La complejidad de estos modelos surge primero porque las SFR pueden cubrir un gran número de historias evolutivas posibles, después, la evolución química influye de manera sensible en el modelo aunque se parametriza con funciones suaves. Finalmente, existe el sesgo observacional en las ban-

das fotométricas por la limitación experimental o del conocimiento del medio interestelar; aparte del sesgo dado por el propio modelo.

Los CMDs permiten sintetizar una gran información empleando únicamente gráficas de dos dimensiones, la magnitud y el color, aunque puede obtenerse informaciones también similares comparando la temperatura con la luminosidad, ambas en base logarítmica. En este caso se emplea la banda I y el color V-I, m_{F814W} y $(m_{F475W} - m_{F814W})$. Una de las informaciones más claras que muestran es el brote estelar y la antigüedad del mismo en base a las estrellas que se encuentran en diferentes fases evolutivas y al llamado punto de giro. Conforme la secuencia principal sea más corta, tenga un punto de giro "antes", el brote será más antiguo y las estrellas estarán en fases posteriores. Es preciso recordar que las estrellas pasan gran parte de su vida en la secuencia principal, en la fase de quema del Hidrógeno.

Además, según el patrón resultante en el CMD es posible realizar una estimación de las masas estelares porque según lo masiva o no que sea una estrella, la evolución será más rápida o no. Esto implica que lo normal sea encontrar estrellas no muy masivas, al salirse éstas del diagrama.

La capacidad predictiva de una CMD está directamente afectada, como se comentaba, por el modelo empleado. Un ejemplo claro es la metalicidad: si se desea resolver una magnitud, aquellas estrellas con mayor metalicidad serán más rojas pero no por ello más antiguas. Esto constituye un problema en la degeneración de la determinación de la edad por la presencia de metales. Otro fenómeno que dificulta, esta vez el análisis del CMD generalmente en el ámbito experimental, es la existencia de diferentes brotes estelares muy cercanos creando un solapamiento en el CMD. El análisis se complica porque estos brotes pueden deberse a diferentes eventos afectando a la dispersión de edades y metalicidades.

1.1 CMDs sintéticos

Los CMDs sintéticos tienen como finalidad última ser una herramienta para la determinación de una historia de formación estelar, SFH, a partir de CMD observados. Por ello es de alto interés la creación de

un método de comparación para minimizar diferencias entre CMDs observados y sintéticos.

A grandes rasgos hay dos modelos, minimización por zonas específicas o minimización por malla fija (*binning*). También existen comparaciones en base a la densidad de estrellas.

En las comparaciones hay que tener en cuenta que los sintéticos son generados sin error experimental. Esto hace necesario implementar técnicas que añadan los errores generados por los equipos encargados de medir los datos para los CMDs observados. También existen dependencias que sesgan como es la función inicial de masas.

2 CMD-Problema y objetivos

Este estudio parte de un CMD-Problema o de Referencia sintético para:

1. Analizar el CMD atendiendo a los trazos generados, detectando los posibles brotes estelares, las diferentes fases evolutivas de las estrellas, las distribución de las masas estelares, densidades estelares y edades de las estrellas.
2. Generar un modelo en Python para la comparación con otros CMDs y así obtener un valor de semejanza o de desajuste entre diagramas.

Se debe tener en cuenta que este CMD de Referencia no contiene errores(*mock*). Además, la metalicidad no cambia entre estrellas, evitando problemas de degeneración de la edad estelar, y la intensidad de los brotes será fija entre intervalos temporales. Esto no quita que se pueda dar varios intervalos temporales seguidos con brotes fijos pero de distinto valor.

Para generar un CMD (CMD-Test) que se pueda comparar con el de Referencia se usará la siguiente plataforma dada por el IAC: [IAC-Star](#). Las estrellas totales computadas se fijan en 10^7 y el número de estrellas salvadas en el fichero de salida se establecen en 5×10^5 . Se emplea un límite de magnitud de estrellas en 4 y un filtro de 5.

Las librerías usadas son: para la evolución de las estrellas, Bertelli 94; para la corrección bolométrica, Lejeune et al. 1997. Esto implica un sesgo del modelo.

El resto de parámetros quedan por defecto. Esto es así debido a que no es relevante complicar el CMD para este estudio.

3 Análisis cualitativo CMD-Referencia "mock"

Primeramente se va a representar la distribución de estrellas del CMD para poder comenzar a realizar el análisis (ver figura 1).

Puede detectarse con esta figura dos puntos de giro, pero solo uno bien definido, y una rama en secuencia principal alargada sin *turn-off*. Esto implica que va a existir al menos dos brotes de formación estelar; uno de ellos muy extendido en el tiempo como para generar una combinación de estrellas salientes de la secuencia principal y estrellas aún en ella; el otro, temporalmente aislado, mucho más corto y antiguo.

Se reconoce la vejez de las estrellas del brote con los puntos de giro. Para el más definido, éste delimita una secuencia principal corta, implicando antigüedad. Como se verá en el apartado 5, precisamente este brote se establece durante los primeros 0.5 Gyr del Universo y se encuentra a la derecha y aislado del resto del diagrama.

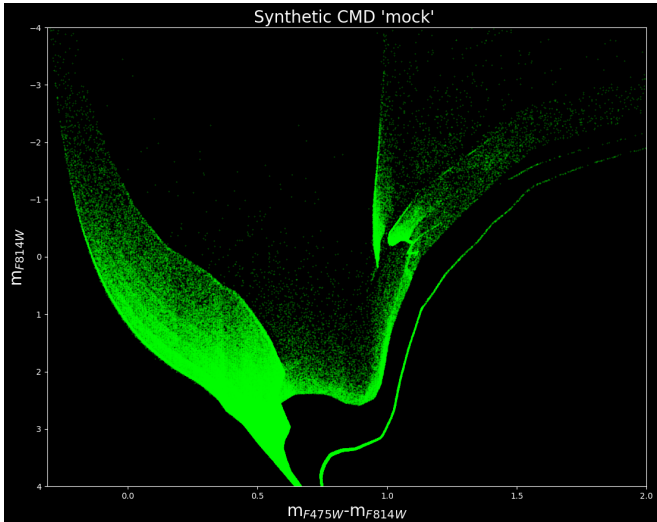


Figure 1: CMD-Referencia.

Para poder analizar las diferentes etapas estelares que el diagrama muestra, es útil representar el CMD en base a las masas estelares, figura 2. Esto se debe a que la evolución estelar está intimamente ligada a

la masa inicial.

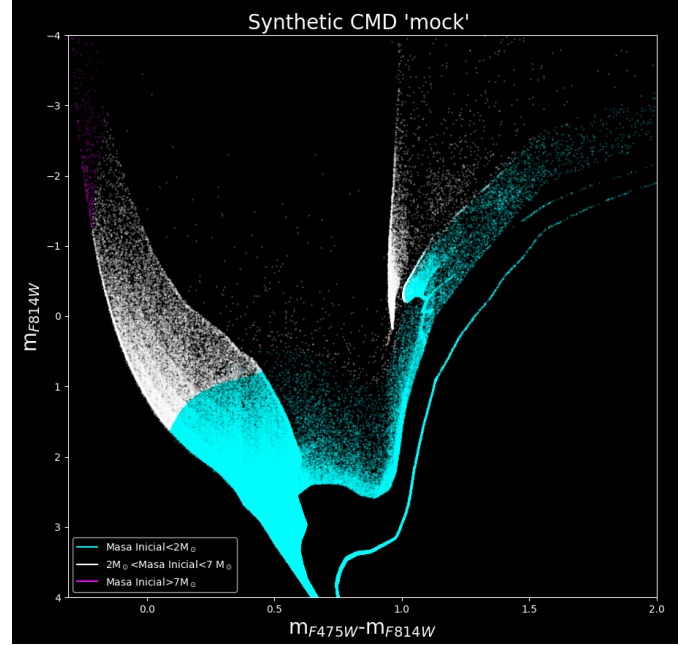


Figure 2: CMD-Referencia en base al logaritmo decimal de la masa en M_{\odot} . Cian: $M < 2M_{\odot}$. Blanco: $2M_{\odot} < M < 7M_{\odot}$. Magenta: $M > 7M_{\odot}$.

También es útil representar el diagrama en base a la edad, figura 3. Esta información solo se puede obtener una vez se haya ajustado con el CMD-Test correctamente ya que el CMD-Referencia no dispone de estos datos.

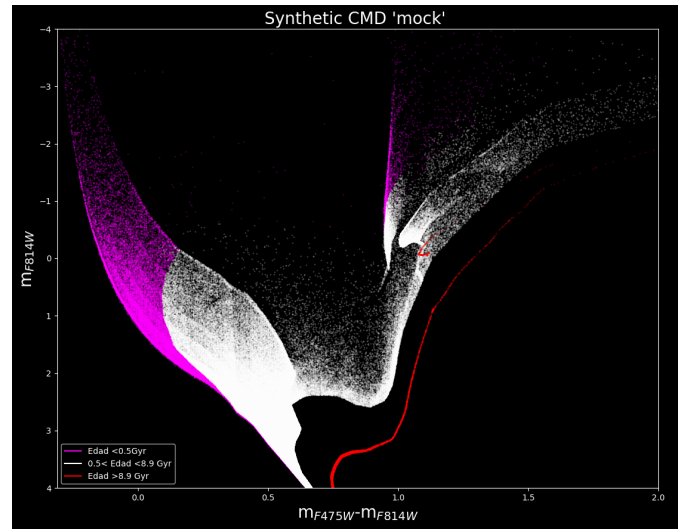


Figure 3: CMD-Referencia en base a la edad. Rojo: Edad $> 8.9 \text{ Gyr}$. Blanco: $0.5 \text{ Gyr} < \text{Edad} < 8.9 \text{ Gyr}$. Magenta: Edad $< 0.5 \text{ Gyr}$.

A través de las edades puede conocerse que para este CMD la organización es bastante clara. El primer brote queda muy delimitado y se le puede asociar un *Red Clump* (RC) pequeño. El segundo, el más extenso, está compuesto por edades bastante dispersas pero inferiores a los 9 Gyr, también presenta un *Red Clump* pero solo la componente de estrellas más antiguas. Las estrellas inferiores a 0.5 Gyr están comenzando la *Asymptotic Giant Branch* (AGB).

La figura 2 permite concluir que las estrellas masivas se encuentran únicamente en el brote final y muy a la izquierda del CMD en la secuencia principal (MS). Esto implica que sólo serán visibles aquellas estrellas masivas recién formadas dada su corta estancia en la MS, su rápida evolución fuera de la misma y su final violento. Aunque, el final de una estrella no es determinante ya que el IAC-Star mantiene la masa inicial en caso de muerte estelar para la masa final. Se debe más a la rapidez en la evolución y su salida del diagrama.

Con estas informaciones e identificando más regiones del CMD se construye la siguiente anotación donde MS es la *Main Sequence*, SGB es la *SubGiant Branch* y *Turn-Off* es el punto de giro que constituye el final del quemado de hidrógeno y la salida de la secuencia principal.

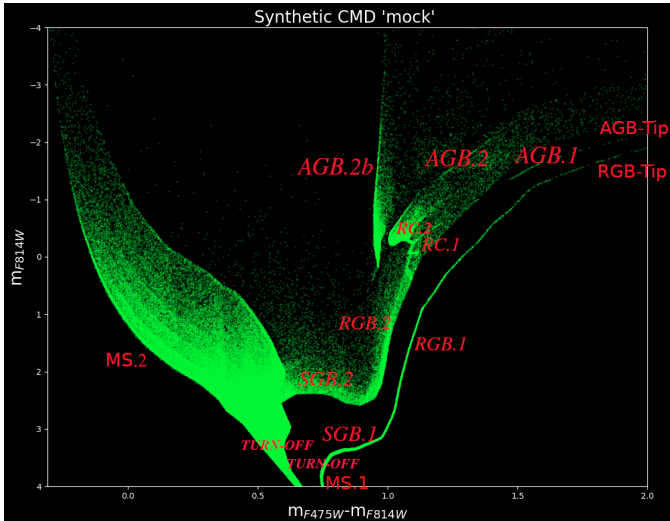


Figure 4: Localización de las fases evolutivas estelares identificables del CMD.

4 Modelo de comparación de CMDs "mock"

El programa generado para la comparación de CMDs se basa en un sistema de mallado fijo tipo binning. Este mallado consta de 62001 celdas, un número suficientemente alto como para diferenciar correctamente los diferentes comportamientos¹ de cada CMD. En esta primera manipulación del diagrama, se persigue reducir suficientemente las regiones de un CMD como para que al comparar diagramas, cada celda sea unívocamente asociada a otra, teniendo ambas un mismo o similar comportamiento en el diagrama. Es decir, si se divide un diagrama en un mallado de pocas celdas, por ejemplo 4, una celda puede contener comportamientos (dados por la secuencia principal, puntos de giro, zonas con mucha dispersión, etc.) muy distintos y por tanto al comparar se está siendo poco riguroso.

Esto se puede entender de una manera sencilla si se toma por ejemplo dos focos igual de luminosos pero con poca resolución, no se pueden distinguir. Falta resolución.

El uso de tantas celdas genera un problema asociado y dado por las zonas cuya dispersión es muy elevada. Estas zonas pueden generarse por pura aleatoriedad del modelo de síntesis del CMD y por ello hará falta un post-procesado que relaje la cantidad de resolución dada por esas celdas en esas zonas, comparando así de manera más general. Las zonas de distribución aleatoria son características por tener valores de ocupación por celda muy bajo.

Por tanto, en cada celda habrá un número de estrellas que dependiendo del lugar que ocupe la celda en el diagrama variará. En añadido, la población estelar del CMD puede diferir. Por esto, otra de las razones por las que se debe generar un número de celdas alto es para no depender de cuántas estrellas se han computado en cada CMD. Permite delegar el peso del método de comparación en la propia celda.

Una celda puede estar ocupada entre dos límites, un número mínimo de estrellas distinto de cero y el número máximo de estrellas posible por celda. Estos dos valores servirán para ejercer un peso con el que evaluar, a modo de densidad, las celdas (realmente es un valor directamente relacionado con la ocupación estelar por celda, no tanto una densi-

¹Comportamiento: una celda presenta un comportamiento por el hecho de posicionarse en una localización determinada sobre el diagrama.

dad). Esta ocupación está evaluada en una escala logarítmica decimal cuyo argumento es el número de estrellas en la celda. Esto es:

$$Densidad^* : \log_{10}(N_* \text{ en celda})$$

Puede verse en la figura 5a y 5b, donde se representa la distribución de la ocupación de celdas en la escala logarítmica. Las distribuciones son muy parejas tanto en valores como en forma y simetría. Esto no es así al comparar 5b con las figuras 6b y 6c, modelos más desajustados. Por ello, comparar las figuras 5a-5b es un preliminar para saber si hay cierta semejanza.

Resumiendo, esto permite comparar celdas por posición sin depender tanto de las poblaciones computadas del CMD.

Ahora, simplemente se realiza una resta entre mallas de los CMDs, una resta de logaritmos celda a celda. Esto permite generar unos primeros residuos que dependen de la forma (de cómo se distribuyen las celdas ocupadas en la malla) de los CMDs. También, si es parecida o no, y de cómo son las ocupaciones de cada celda.

Por ser una resta de logaritmos hay que definir bien los casos; si la celda está desocupada, el logaritmo no está definido. Así mismo, se considera la posibilidad de que la diferencia entre celdas, sin la escala logarítmica, sea de 1 estrella; automáticamente se considera que la resta se anula ya que el logaritmo se hace cero.

4.1 Post-Procesado

Una de las razones por las que dos CMDs nunca van a generar un perfecto solapamiento es la existencia de una distribución casi aleatoria de estrellas en el diagrama dadas en el procesamiento a la hora de generarse el CMD, que depende de una semilla pseudo-aleatoria, la cual va cambiando. Esto hace realmente difícil replicar las condiciones exactas con las que el (un) CMD de Referencia fue generado.

Por tanto, para un CMD parecido al de referencia, se tiene una gran cantidad de celdas con ocupaciones muy bajas, algunas candidatas a pertenecer a una distribución arbitraria. Para la malla descrita, un 40% de las celdas pueden ser de este tipo.

Esto requiere de una manipulación de las celdas para reducir precisión y asumir más comportamientos; se hacen grupos de celdas. Se ha considerado que desplazamientos horizontales y verticales de una celda representan lo mismo. Dada la gran distribución de estas zonas este mecanismo permite aumentar entorno a un 20% el ajuste. Pero, este post-procesado no se aplica si tras la resta, la celda tiene una ocupación considerada como relevante², ya que no sería por tanto un punto aleatorio sino un comportamiento bien definido en un diagrama.

Por último, este post-procesado solo se realizará

²Un valor relevante es superior a 0.5, es decir, $10E0.5$. Esto establece que un valor aleatorio o despreciable existe si la celda tiene ≤ 3 estrellas.

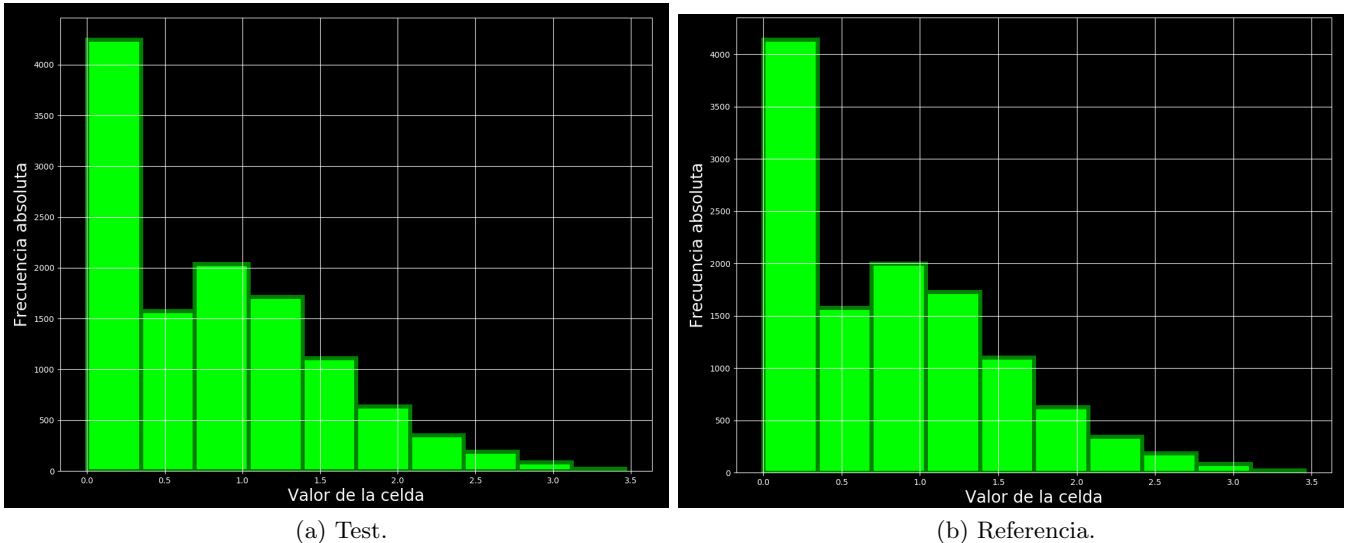


Figure 5: Distribución de la ocupación de celdas en base logarítmica.

si ambos modelos tienen un número de celdas con aparente distribución aleatoria significativa y parecida. Esta condición es necesaria para evitar corregir una comparación con un CMD-Test muy definido de una distribución aleatoria que no tiene. Falsearía los residuos.

Es interesante comprobar que para dos CMDs pares, su resta da una distribución gaussiana. Esto se debe a que el residuo que queda es fundamentalmente por diferencias muy pequeñas, 1-3 estrellas, dado por la aleatoriedad. Genera un mallado con distribución gaussiana. Ver figura 6a donde se muestra en valor absoluto la resta CMD Referencia-CMD Test con mejor ajuste.

En el anexo puede verse los CMD-Tests de 6b-6c.

4.2 Cálculo de residuos

Los residuos se calculan de una manera muy sencilla y se han estipulado en base a ensayo-error con varios CMDs test de distintos brotes.

Cada celda que presente un valor relevante (superior a 10^1 estrellas) se contabiliza con la unidad, un caso intermedio con un peso de 0.75 (de $10^{0.5} - 10^1$ estrellas) y el resto tienen un peso de 0.5. Se ha disminuido el peso de las celdas según la ocupación.

Se ha mantenido los pesos por encima de 0.5 para no infraestimar los residuos. Además, debido al post-procesamiento, aquellas celdas de baja ocupación serán posiblemente eliminadas del conteo del residuo.

Después, la cantidad calculada se divide por el número de total celdas con una ocupación de es-

trellas distinta de cero. Esto implica que un ajuste perfecto daría un valor de 0. Un desajuste completo generaría un valor de 1. Por la existencia de una distribución aleatoria en ciertas zonas, es dificultoso conseguir ambos valores.

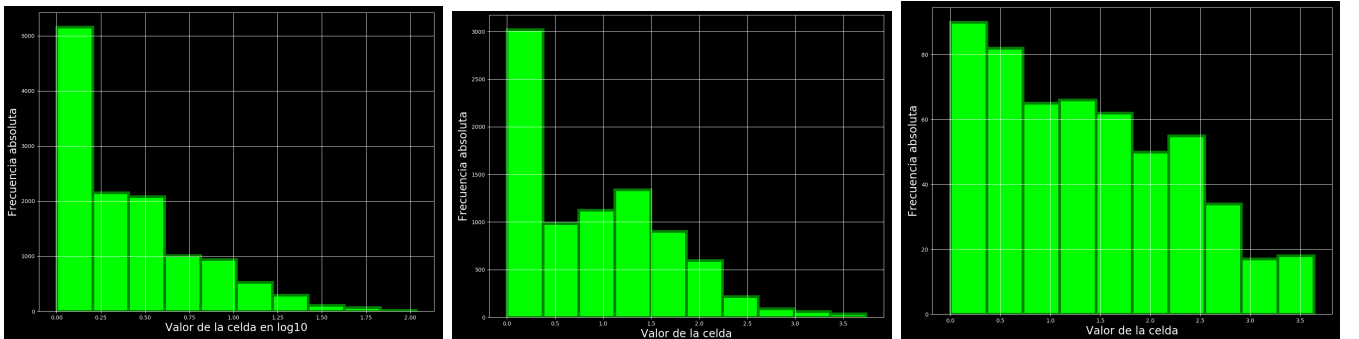
A modo de conclusión, el cálculo de residuos contiene la información de las celdas mal ajustadas por tener comportamientos significativamente distintos, mayores a 3 estrellas, y tiene en cuenta la existencia de la distribución aleatoria.

4.3 Fiabilidad del residuo

Para generar otro parámetro que indique la fiabilidad del residuo y que esté únicamente relacionado con la ocupación de las celdas de la malla, es decir, no dependa de las estrellas computadas, se ha calculado la diferencia absoluta entre el número de celdas ocupadas por cada CMD respecto al total de celdas ocupadas una vez se han superpuesto las mallas, por tanto el valor idóneo es 0. Esto es, si por ejemplo se produce un residuo bajo pero este parámetro está muy alejado del 0, la fiabilidad del residuo es muy deficiente.

Dicho de otra forma, es posible evaluar si un residuo es apropiado o no en base a este parámetro. Un residuo grande con este parámetro alejado del 0, es coherente. Un residuo bajo con éste cercano a 0, también.

Es posible sumarlos y evaluar un residuo sintético desde 0 hasta 2, siendo 1 un valor ya incorrecto.



(a) Mejor ajuste. Resta de mallas. Distribución gaussiana. (b) CMD-Test con brote final e inicial correctos. Malla con tendencia gaussiana. (c) CMD-Test con un brote antiguo. Mala distribución.

Figure 6: Distribución de la ocupación de celdas residuales. Los valores están en valor absoluto

5 Resultados

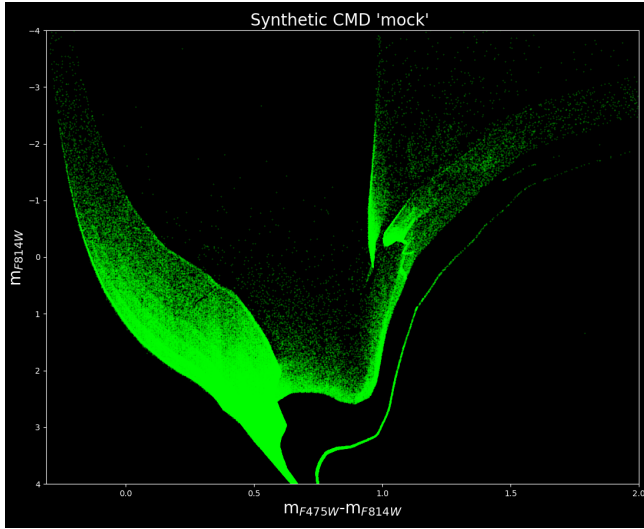
Tras aplicar iterativamente el anterior método e ir variando la SFR computada por la plataforma IAC-Star, se ha llegado a un CMD de dos brotes desde 0-0.5 Gyr de intensidad 2.8-3 , por tanto muy temprano, y a un segundo brote de mayor intervalo, desde 9-13 Gyr, pero menor intensidad, 1; unidades

dadas por IAC-Star. Esto es, dada la normalización del IAC-Star y en unidades de la misma:

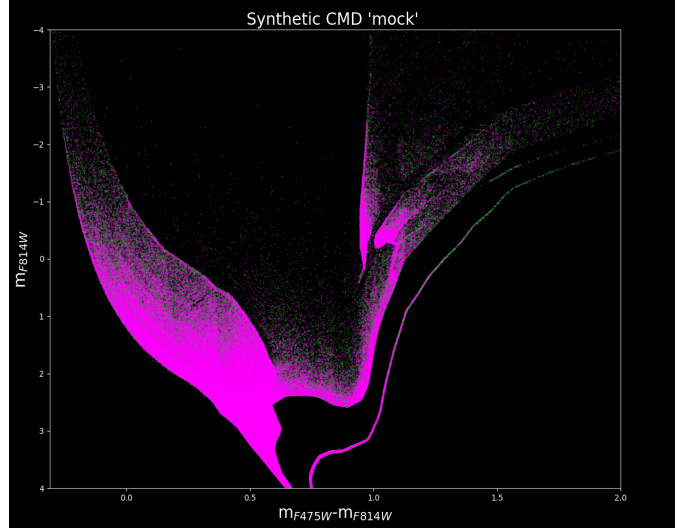
$$\begin{cases} 0 - 0.5 \text{ Gyr} ; & SFR = 2.8 - 3 \\ 9 - 13 \text{ Gyr} ; & SFR = 1 - 1.1 \end{cases}$$

Esto compone el comportamiento de la figura 7a. Si superponemos los CMDs puede observarse que el comportamiento es muy similar, figura 7b.

Esta figura ya indica una gran semejanza a simple

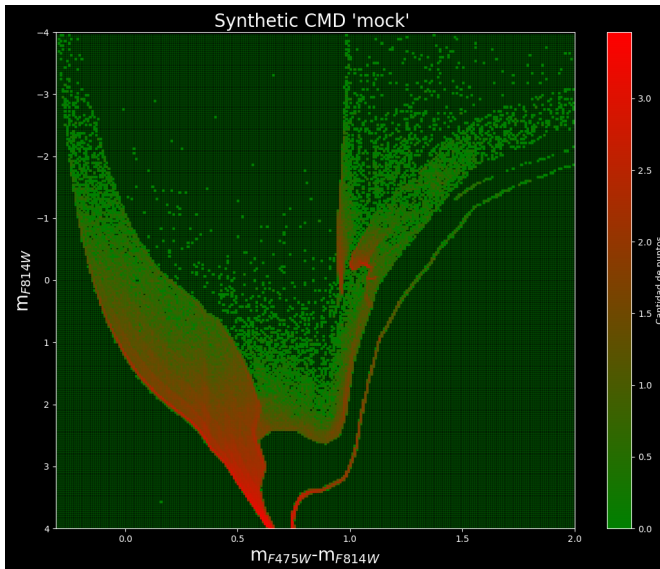


(a) CMD-Test de mejor ajuste.

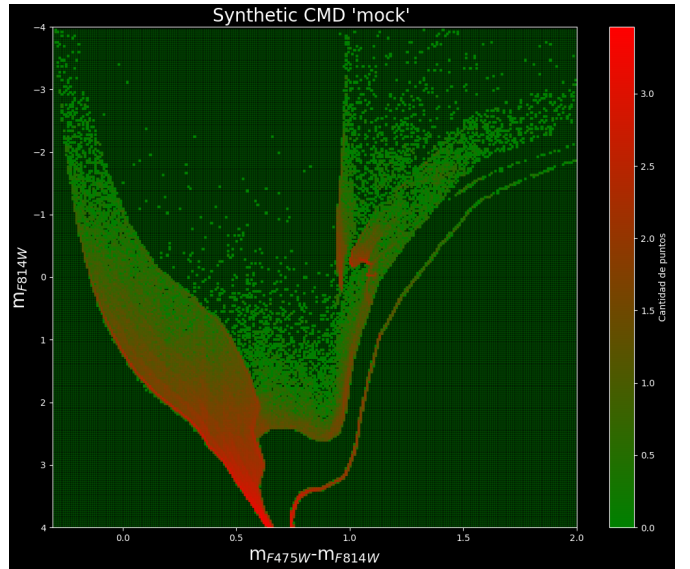


(b) CMD-Test de mejor ajuste (magenta) y CMD de referencia (verde) superpuestas.

Figure 7: Representaciones del diagrama CMD



(a) Mallado del CMD con mejor ajuste.



(b) Mallado del CMD-Referencia.

Figure 8: Mallado con el valor de ocupación por celda en base logarítmica.

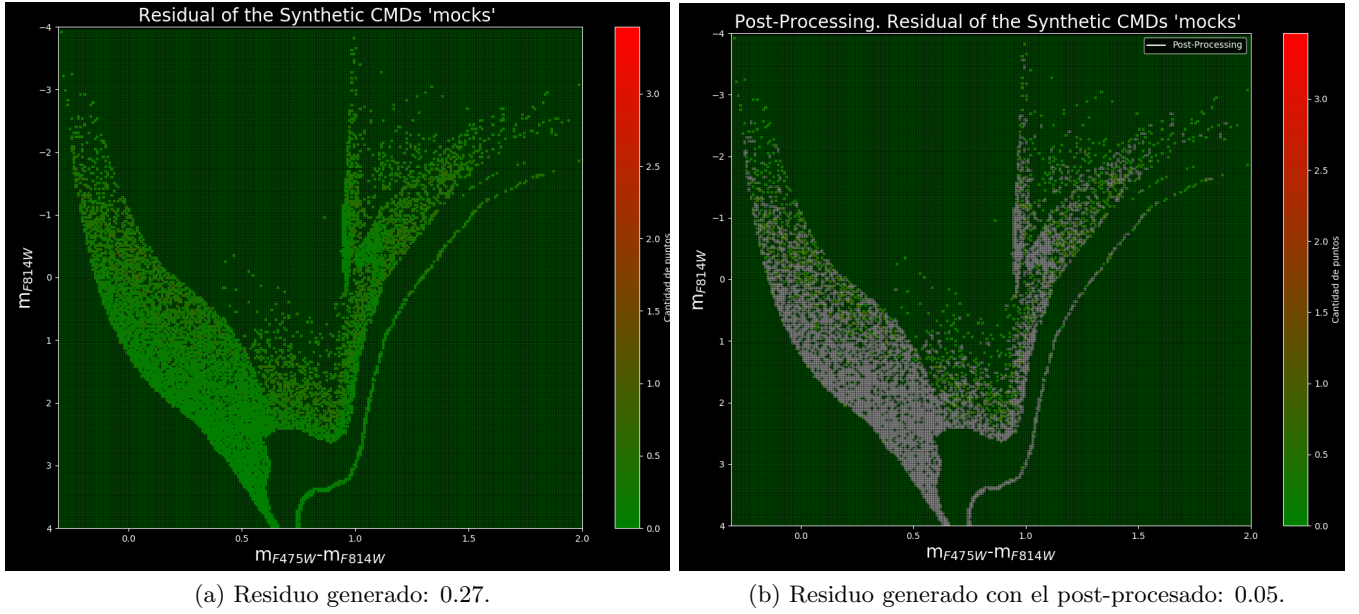


Figure 9: Residuos obtenidos con un parámetro de fiabilidad de 0.012.

vista. Para verse mejor, se representa las celdas de ambos CMDs ver figura 8.

El mallado permite observar las zonas con mayor densidad de puntos, de estrellas, en rojo por lo que esas zonas serán claves para el ajuste. En colores verdes puede observarse las zonas con ocupaciones muy bajas que o bien corresponde a una zona de distribución casi aleatoria o contornos entorno a las zonas de alta densidad. Y los casos intermedios.

Con ello ya puede hacerse el solapamiento de mallas y observar cuánto se asemeja una de la otra. En la figura 9 las únicas celdas que han permanecido, residuos, son aquellas que pertenecen a un comportamiento aleatorio, y que con este primer método es dificultoso de ajustar, y por una diferencia muy pequeña. Esto agranda el residuo. Pero aun así, puede obtenerse un pimer valor de semejanza. El residuo generado es 0.27, es decir, hay una semejanza del 73%. El residuo resulta algo alto si se atiende de nuevo a la figura 7b. De ahí la importancia del post-procesado; hay muchas celdas con muy poco valor de ocupación que distorsionan el residuo final.

Si se efectúa el post-procesado, el residuo desciende a 0.05. Por tanto hay una semejanza del 95%. Este es un valor considerado aceptable dado que se diferencian menos de un 5% los CMDs. Esto puede verse en la figura 9b.

El parámetro de fiabilidad es 0.012 generando un residuo sintético de 0.062, por lo tanto es bastante fiable.

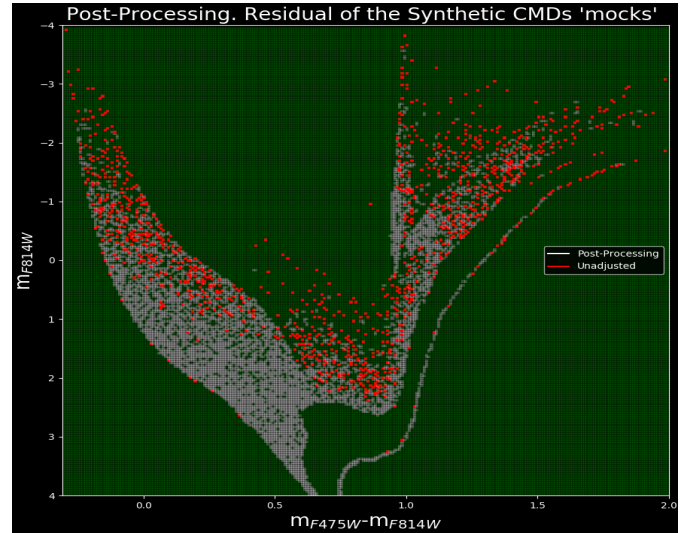


Figure 10: Celdas-residuo tras el post-procesado.

En 9b se ha representado en blanco toda celda que ya no incrementa el residuo por ser candidata al post-procesado. Hay celdas aisladas de bajo valor que siguen afectando al residuo. Pero es preferible mantenerlas; es más adecuado una ligera sobrestimación del residuo que infraestimarlos.

La cantidad de celdas-residuo puede verse en la figura 10 con el color rojo. En blanco el efecto del

post-procesado.

Finalmente hay que recalcar que el método está limitado y no es capaz de discernir entre intensidades con diferencias de decimales. Es por esto que se ha dado un intervalo en la intensidad del brote, no termina de ser esclarecedor: el menor residuo

generado es para el caso con intensidad 2.8, 1; pero el mejor parámetro de fiabilidad es dado por 3.2, 1, que también es el que menor residuo sintético genera.

Hay una clara limitación tal que nos reduce a concluir que el primer brote es el triple de intenso que

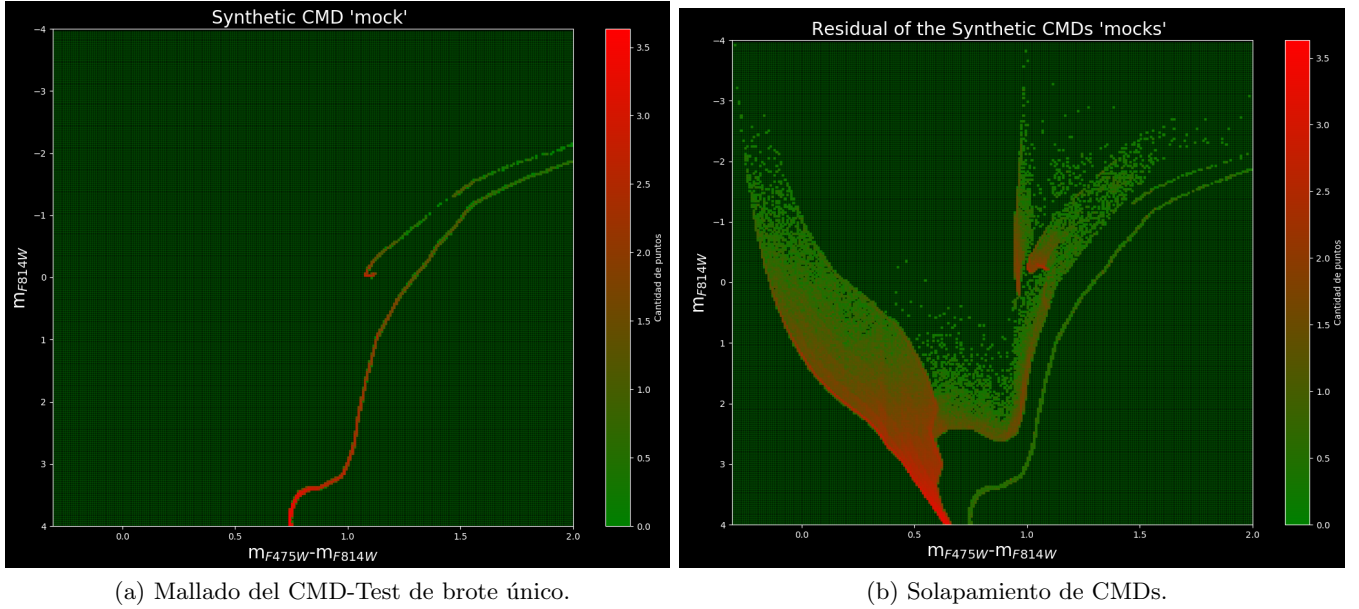


Figure 11: CMD-Test con un brote inicial igual al CMD-Referencia con un residuo (sin post-procesamiento) de 0.60. Con un parámetro de fiabilidad de 0.94. El ajuste es muy deficiente.

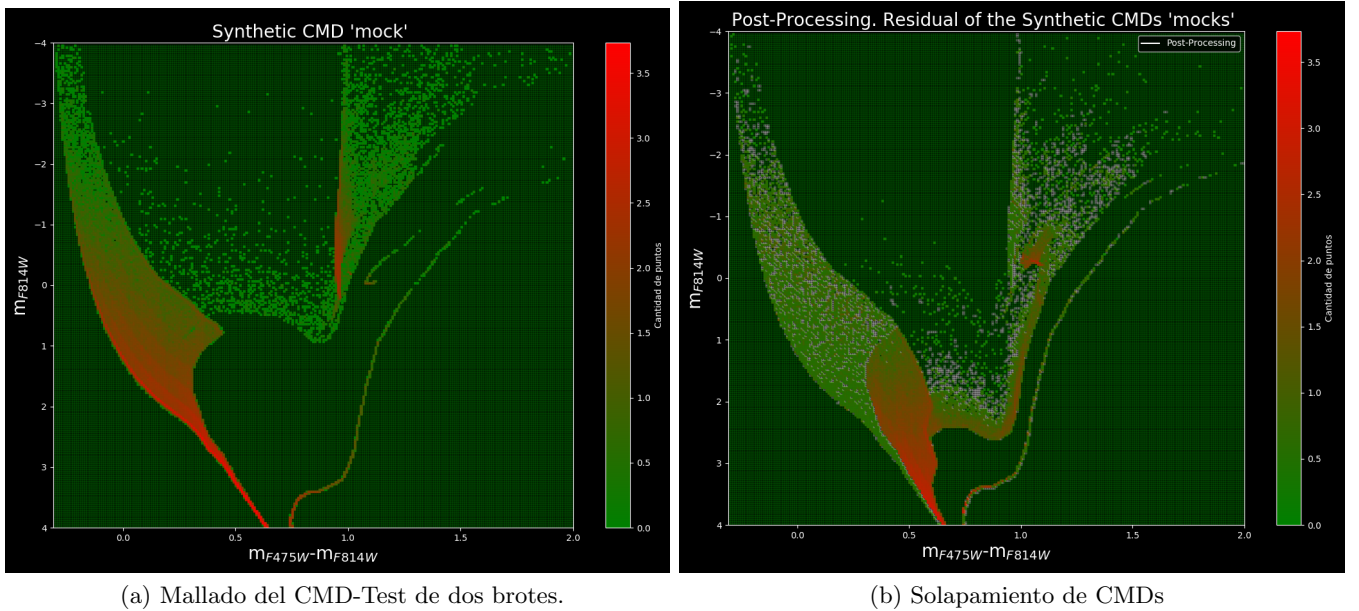


Figure 12: CMD-Test con un brote inicial igual al CMD-Referencia con un residuo de 0.51 y con post-procesado de 0.40. Y el parámetro de fiabilidad de 0.28. Razonable.

el segundo, sin más matiz.

6 Anexo

6.1 Calibrado del cálculo del residuo

Para comprobar la validez de los pesos y del método es útil testear con dos CMDs-Test que se sepa que deban generar bastante residuo.

Hay que tener en cuenta que pese a que el cálculo del residuo y (post-)procesamiento siguen una serie de directrices procurando mantener una rigurosidad, esto no es así para el peso de las celdas inferiores a la cota comentada, así como la elección de la propia cota. Es decir, si se varía estos parámetros de ocupación significativa ($10^{0.5}$ y 10^1 estrellas), el residuo varía. Se asume aquí un sesgo en la construcción del residuo.

Es por esto que el sesgo debe de tender a una infraestimación de la semejanza, o sobrestimación del residuo, entre CMDs.

Está claro que una infraestimación implicaría un peso inferior a 0.5 en celdas por debajo de la ocupación significativa, siendo estas celdas muy poco influyentes en el residuo. Esto se ha comprobado para el apartado 5 dando un peso de 0.1. El residuo en el post-procesado descendía por debajo del 0.02, valor poco realista por aparentar ser muy preciso.

Un valor tan pequeño del residuo es llamativo porque del total de celdas ocupadas, 13930, mínimo hay ~ 5000 celdas candidatas a tener un carácter aleatorio por su baja ocupación; un mínimo del 36% que fácilmente puede ascender a valores cercanos al 45% del total de celdas ocupadas. Por la tanto son celdas que influyen sensiblemente en el residuo, infraestimarlas tanto no es apropiado.

Por otro lado, observando CMDs-Test con comportamientos más desajustados, el residuo tendía a valores bastante bajos. En las figuras 11 y 12 se muestran diferentes casos de calibración: un brote inicial único muy similar al del CMD-Referencia, y un CMD-Test con dos brotes, el mismo brote inicial pero un brote final distinto al de Referencia.

Para el caso de la figura 11, la similitud alcanza un valor del 40% de similitud, algo que claramente

no parece razonable, de ahí la importancia del parámetro de fiabilidad que rápidamente dispara el residuo sintético por encima de 1, CMDs con muy mal ajuste.

Como última nota, este CMD-Test de único brote, figura 11, no presenta postprocesamiento, esto se debe a que el CMD-Test no tiene un número de celdas con carácter aleatorio comparable al CMD-Referencia. Esto ayuda a no infraestimar nuevamente el residuo.

6.2 Temperatura

Otras de las informaciones que pueden extraerse es la distribución de temperaturas en el CMD.

Es interesante observar que conforme las estrellas son más jóvenes, más a la izquierda del diagrama se encuentran, están en la secuencia principal, más temperatura tienen. Además, puede verse como en ambas ramas AGBs detectadas para cada brote en la figura 4, las temperaturas son frías acorde con las características conocidas para ese momento estelar independientemente de la edad del brote.

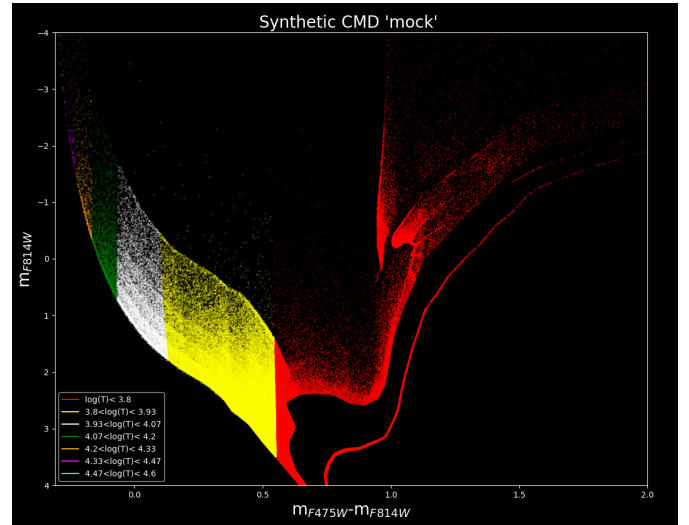


Figure 13: Temperaturas del CMD-Referencia.

7 Conclusión

Los CMDs sintéticos son una gran herramienta de trabajo para la adquisición de historias de formación estelar y descripción de sistemas asociados a ellos. Aunque en este caso el tratamiento ha sido para un

modelo sin contaminación ni errores, mock, siendo el único factor de desajuste las zonas de distribución arbitraria dada por la semilla del IAC-Star, es suficiente para ver el potencial de los CMDs sintéticos.

Sobre todo, los métodos de comparación son esenciales para poder extraer toda la información posible de los CMDs observados. Por ello, la elección de un método riguroso y robusto es necesario y para nada trivial.

Para este caso, el modelo procura el máximo de consideraciones pero hay todavía ciertos factores que deprecian el resultado y solo sirve como una aproximación siendo el ajuste de las intensidades de los brotes a nivel decimal algo alejado de conseguir. Seguramente esto se debe a un mal condicionamiento de la dependencia con las celdas con posible carácter aleatorio o de ocupación baja, necesitando una mayor restricción.

Para lidiar con la limitación del método a la hora de estimar los decimales de una intensidad de la SFR en el IAC-Star es bastante útil el uso del parámetro de fiabilidad del residuo. Permite dar más información acerca de la semejanza entre el mallado de dos CMDs por las celdas ocupadas. Aún así, como se comentaba, sigue existiendo una falta de adecuación que no permite definir con exactitud la intensidad del brote.

Es por ello que se establece de 2.8 a 3 el primer brote y 1.1-1 el segundo. Generalizado a que el primer brote es el triple de intenso que el segundo.

Aunque los modelos CMDs generados en este estudio no tienen en cuenta el consumo del gas y solo se ajustan al IMF dado, generando una distribución de masas para las estrellas, y a la época del brote, generando antigüedad, en la realidad la intensidad de un brote estelar está ligado a la disponibilidad y consumo del gas del sistema. El primer brote consumiría muy rápidamente el gas del medio lo que acortaría el brote estelar en tiempo. Mientras, el segundo lo consumirá más lentamente y se extenderá en el tiempo. Por lo que a efectos generales, es realista el CMD-Referencia porque manifiesta una relación tiempo de brote-intensidad como lo comentado en este apartado. Este aspecto es muy importante de cara a la evolución de galaxias.

Como último comentario, decir que la IMF suele establecer que el porcentaje en masa que contribuye mayormente a la masa total de una población estelar, como la reflejada en este CMD-Referencia, es dada por las estrellas de baja masa o intermedia. Esto también afecta a la baja presencia de estrellas supermasivas.

References

- [1] Roca-Fábrega, Santi. Notas académicas UCM curso 2020. Formación y Evolución de Galaxias.
- [2] Aparicio, Antonio and Gallart, Carme. IAC-Star: a code for synthetic CMD computation. 2004.
- [3] Bertelli, G et al. *Theoretical isochrones from models with new radiative opacities*. 1994.
- [4] Lejeune et al. *Standard stellar library for evolutionary synthesis. I. Calibration of theoretical spectra*. 1997.