Computación Natural: Ejercicios

Jorge Juan González

Mayo 2022

Índice

1.	Ejercicio 1	2
2.	Ejercicio 2	2
3.	Ejercicio 3	5
4.	Ejercicio 4	9
5.	Ejercicio 5	Ę
6.	Ejercicio 6	Ę
7.	Ejercicio 7	6

Un posible algoritmo de tubos basado en la técnica de Lipton que resuelve la instancia del SAT propuesta sería el que se muestra en el Algoritmo 1.

```
\begin{array}{l} \text{1} \ input(N0) \\ \text{2} \ Na1 = S(N0,1,1) \\ \text{3} \ Na1' = S^{\text{-}}(N0,1,1) \\ \text{4} \ Na2 = S(Na1',2,0) \\ \text{5} \ Na = merge(Na1,Na2) \\ \text{6} \ Nb1 = S(Na,1,0) \\ \text{7} \ Nb1' = S^{\text{-}}(Na,1,0) \\ \text{8} \ Nb2 = S(Nb1',3,0) \\ \text{9} \ Nb = merge(Nb1,Nb2) \\ \text{10} \ Nc1 = S(Nb,2,0) \\ \text{11} \ Nc1' = S^{\text{-}}(Nb,2,0) \\ \text{12} \ Nc2 = S(Nc1',3,1) \\ \text{13} \ Nc = merge(Nc1,Nc2) \\ \text{14} \ detect(Nc) \end{array}
```

Algorithm 1: Algoritmo de tubos

Las variables que aparecen en el algoritmo propuesto han sido nombradas de acuerdo con el término de la instancia del SAT al que representan:

$$(a_1 \lor a_2) \land (b_1 \lor b_2) \land (c_1 \lor c_2)$$

2. Ejercicio 2

Un posible sistema de stickers ρ que genera el lenguaje propuesto mediante computaciones arbitrarias $(L_n(\rho))$ sería el que se muestra en la Figura 1.

Figura 1: Sistema de stickers

$$\begin{split} \rho &= (V, \gamma, A, D) \\ V &= \{a, b\} \; \gamma = \{(a, a), (b, b)\} \; A = \left[\begin{array}{c} aa \\ aa \end{array} \right] \\ D &= \{ \left(\left(\begin{array}{c} a \\ a \end{array} \right), \left(\begin{array}{c} a \\ a \end{array} \right) \right), \left(\left(\begin{array}{c} b \\ b \end{array} \right), \left(\begin{array}{c} b \\ b \end{array} \right) \right) \} \end{split}$$

El lenguaje de moléculas no restringido de ρ ($LM_n(\rho)$) sería:

$$LM_n(\rho) = \left\{ \begin{bmatrix} w \\ w \end{bmatrix} \begin{bmatrix} w \\ w \end{bmatrix}^r : w \in \{a, b\}^* \right\}$$

El lenguaje propuesto $L_n(\rho)$ es, en función de la forma de sus dominoes:

- No unilateral: Existe al menos un dominó que hace crecer la molécula por ambos lados.
- No regular: Existe al menos un dominó que hace crecer la molécula por la izquierda.
- No simple: No todos los dominoes hacen crecer la misma hebra por el mismo lado.

Dado que con D es imposible generar moléculas no completas, el lenguaje de sus computaciones primitivas $L_p(\rho)$ será equivalente al generado usando computaciones arbitrarias $L_n(\rho)$, por lo tanto:

$$L_p(\rho) = L_n(\rho)$$

De nuevo, para el D elegido, ninguna computación o serie de operaciones de sticking resulta en un retardo mayor que 0, por lo tanto:

$$\forall d \leq 0, L_d(\rho) = L_n(\rho)$$

De acuerdo con el enunciado del ejercicio, el lenguaje de computaciones arbitrarias generado por ρ sería:

$$L_n(\rho) = \{a^{n+1}b^n c^n : n \ge 0\}$$

Un posible sistema de stickers ρ que genera el lenguaje propuesto mediante computaciones arbitrarias $(L_n(\rho))$ sería el que se muestra en la Figura 2.

Figura 2: Sistema de stickers

$$\begin{split} \rho &= (V, \gamma, A, D) \\ V &= \{a, b, c\} \; \gamma = \{(a, a), (b, b), (c, c)\} \; A = \left[\begin{array}{c} a \\ a \end{array} \right] \\ D &= \{ \left(\left(\begin{array}{c} a \\ \lambda \end{array} \right), \left(\begin{array}{c} b \\ \lambda \end{array} \right) \right), \left(\left(\begin{array}{c} \lambda \\ \lambda \end{array} \right), \left(\begin{array}{c} c \\ \lambda \end{array} \right) \right), \left(\left(\begin{array}{c} \lambda \\ \lambda \end{array} \right), \left(\begin{array}{c} \lambda \\ c \end{array} \right) \right) \} \end{split}$$

El lenguaje de moléculas no restringido de ρ ($LM_n(\rho)$) sería:

$$LM_n(\rho) = \left\{ \begin{bmatrix} a \\ a \end{bmatrix}^{n+1} \begin{bmatrix} b \\ b \end{bmatrix}^n \begin{bmatrix} c \\ c \end{bmatrix}^n : w \in \{a, b\}^* \right\}$$

Podríamos caracterizar, de acuerdo a la forma de sus dominoes, el lenguaje propuesto $L_n(\rho)$, generado por ρ mediante computaciones arbitrarias, de la misma manera que en el ejercicio anterior:

- No unilateral: Existe al menos un dominó que hace crecer la molécula por ambos lados.
- No regular: Existe al menos un dominó que hace crecer la molécula por la izquierda.
- No simple: No todos los dominoes hacen crecer la misma hebra por el mismo lado.

En este caso, $L_n(\rho)$ sí que incluye moléculas no completas, de modo que el lenguaje de sus computaciones primitivas $L_p(\rho)$ será un subconjunto del generado usando computaciones arbitrarias $L_n(\rho)$, por lo tanto:

$$L_n(\rho) \subset L_n(\rho)$$

Para el sistema de stickers ρ propuesto, cualquier operación de sticking aplicada sobre el axioma tendrá un retardo mínimo de 1. Sin embargo, es posible llegar a cualquier molécula del lenguaje con un retardo acotado a 1. De este modo podemos concluir que:

$$\forall 1 < d < n, L_d(\rho) = L_n(\rho)$$

4. Ejercicio 4

Asumiendo que sólo se procesarán moléculas completas y que la relación de complementariedad es la identidad, un posible AFWK para ese lenguaje sería el que se muestra en la Figura 3, cuyas transiciones y diagrama de transiciones se muestran en las Figuras 4 y 5 respectivamente.

Este AFWK consumiría el primer w de la hebra superior hasta que puede consumir una c. A partir de ese momento consume los mismos caracteres en ambas hebras, lo cual sólo será posible cuando la segunda w de la hebra superior sea igual a la primera w de la hebra inferior. Después, una vez consumida la c restante, empezará a consumir las restantes a y b de la hebra inferior, las cuales compondrán la segunda w leída de la hebra superior debido a que la relación de complementariedad es la identidad.

Si existieran más símbolos a la derecha de la c que a la izquierda, el autómata llegaría a un punto en el que quedasen caracteres en la hebra superior que nunca pueden ser consumidos dado

que después de leer la c de la hebra inferior sólo consumimos caracteres de la hebra inferior.

Si existieran más símbolos a la izquierda de la c que a la derecha, el autómata llegaría a un punto en el que sería imposible alcanzar la c de la hebra inferior dado que, al consumirse los mismos símbolos de la hebra superior que de la inferior, los símbolos de la hebra superior se acabarían antes de alcanzar la c de la hebra inferior.

Hemos contemplado al posibilidad de que w sea una cadena vacía y, por tanto, si el primer símbolo que se puede leer es una c en ambas hebras, entonces estamos en ese escenario y la molécula debería terminar en ese punto.

Figura 3: Descripción del AFWK

$$M = (V, \gamma, K, s_0, F, \delta)$$
$$V = \{a, b, c\} \ \gamma = \{(a, a), (b, b)\}$$
$$K = \{s_0, s_{0c}, s_1, s_2, s_f\} \ F = \{s_{0c}, s_f\}$$

Figura 4: Transiciones del AFWK

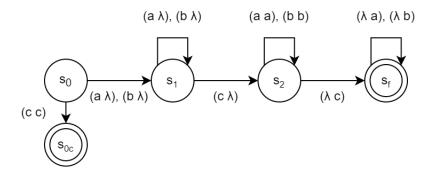
$$\delta\left(\begin{array}{c} s_{0}, \left(\begin{array}{c} a \\ \lambda \end{array}\right) \right) = \left\{s_{1}\right\} \delta\left(\begin{array}{c} s_{0}, \left(\begin{array}{c} b \\ \lambda \end{array}\right) \right) = \left\{s_{1}\right\} \delta\left(\begin{array}{c} s_{0}, \left(\begin{array}{c} c \\ c \end{array}\right) \right) = \left\{s_{0c}\right\}$$

$$\delta\left(\begin{array}{c} s_{1}, \left(\begin{array}{c} a \\ \lambda \end{array}\right) \right) = \left\{s_{1}\right\} \delta\left(\begin{array}{c} s_{1}, \left(\begin{array}{c} b \\ \lambda \end{array}\right) \right) = \left\{s_{1}\right\} \delta\left(\begin{array}{c} s_{1}, \left(\begin{array}{c} c \\ \lambda \end{array}\right) \right) = \left\{s_{2}\right\}$$

$$\delta\left(\begin{array}{c} s_{2}, \left(\begin{array}{c} a \\ a \end{array}\right) \right) = \left\{s_{2}\right\} \delta\left(\begin{array}{c} s_{2}, \left(\begin{array}{c} b \\ b \end{array}\right) \right) = \left\{s_{2}\right\} \delta\left(\begin{array}{c} s_{2}, \left(\begin{array}{c} \lambda \\ c \end{array}\right) \right) = \left\{s_{f}\right\}$$

$$\delta\left(\begin{array}{c} s_{f}, \left(\begin{array}{c} \lambda \\ a \end{array}\right) \right) = \left\{s_{f}\right\} \delta\left(\begin{array}{c} s_{f}, \left(\begin{array}{c} \lambda \\ b \end{array}\right) \right) = \left\{s_{f}\right\}$$

Figura 5: Diagrama de transiciones del AFWK.



El autómata tiene más de un estado final y no todos sus estados son finales por lo que no es stateless ni all-final. Tampoco sería simple porque existen transiciones que consumen símbolos de ambas hebras. Sin embargo, el autómata propuesto sí que sería 1-limitado dado que en cada transición se consumiría como mucho un símbolo de cada hebra. Por tanto, la familia de lenguajes se denotaría como $1WK(\alpha)$.

La mejor variante de AFWK a utilizar para este problema sería el AFWK reverso. Un puntero empezaría en el inicio de la hebra superior y otro puntero al final de la hebra inferior, avanzando ambos en direcciones opuestas. Él autómata consumiría los mismos símbolos por ambos punteros y pararía en el momento en el que los punteros se encuentren. Las Figuras 6 y 7 describen el AFWK reverso propuesto y sus transiciones respectivamente. La Figura 8 representa las transiciones del autómata.

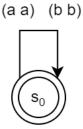
Figura 6: Descripción del AFWK reverso

$$M = (V, \gamma, K, s_0, F, \delta)$$
$$V = \{a, b\} \ \gamma = \{(a, a), (b, b)\}$$
$$K = \{s_0\} \ F = \{s_0\}$$

Figura 7: Transiciones del AFWK reverso

$$\delta \left(s_0, \left(\begin{array}{c} a \\ a \end{array} \right) \right) = \{s_0\} \delta \left(s_0, \left(\begin{array}{c} b \\ b \end{array} \right) \right) = \{s_0\}$$

Figura 8: Diagrama de transiciones del AFWK reverso.



En este caso, optar por un AFWK reverso simplifica mucho el autómata hasta el punto de estar compuesto de un único estado, inicial y final, haciendo que sea de tipo stateless.

El autómata consta de transiciones que consumen un símbolo por hebra, por lo que también será de tipo 1-limitado.

De acuerdo con lo expuesto, el autómata sería stateless + 1-limitado, por lo que la familia de lenguajes se denotaría como $N1WK(\alpha)$.

6. Ejercicio 6

La cadena $ababbabbaaabba \in D^*(L)$ porque podemos llegar a ella realizando operaciones de duplicación a partir de una cadena de L. Las operaciones de duplicación que podríamos hacer para llegar a ella serían las siguientes:

$$abba \rightarrow ab|abba \rightarrow ababba|abba \rightarrow ababba|abba \rightarrow ababba|bbaaabba$$

La regla caba#a\$cab#a nos indica que si nos encontramos ante una molécula cuya hebra superior empieza por caba y su hebra inferior empieza por caba, deberemos cortar las hebras donde nos indican los símbolos # e intercambiar los dos segmentos derechos resultantes, quedándonos sólo con la hebra superior al tratarse de operaciones 1-splicing.

Si realizamos la siguiente operación de splicing utilizando hebras presentes en L obtenemos la hebra *cabaaab*:

$$(\underline{caba}b, cab\underline{aab}) \vdash_r \underline{cabaaab}$$
$$cabaaab \in \sigma_1^1(L)$$

Después podemos realizar la siguiente operación de splicing utilizando la mayor hebra obtenida hasta ahora para obtener la hebra *cabaaaab*:

$$(\underline{caba}ab, cab\underline{aaab}) \vdash_r \underline{cabaaaab}$$
$$cabaaaab \in \sigma_1^2(L)$$

Podemos repetir esta última operación infinitamente obteniendo hebras de cada vez mayor longitud:

$$(\underline{caba}ab, cab\underline{aaaab}) \vdash_r \underline{cabaaaaaab} \in \sigma_1^3(L)$$
$$(\underline{caba}ab, cab\underline{aaaaab}) \vdash_r \underline{cabaaaaaab} \in \sigma_1^4(L)$$

El resto de operaciones de splicing que podemos hacer nos darán hebras que pertenecen a L o a $\sigma_1^{n-1}(L)$.

De este modo podemos concluir que:

$$\sigma_1^*(L) = \{caba^n b, n \ge 0\}$$

Véase que n puede ser 0. Esto se debe a que la hebra $cabb \in L$ y sabemos que $\sigma_1^0(L) = L$, por lo que $cabb \in \sigma_1^*(L)$.