

Automati Cellulari Probabilistici e
modello Domany-Kinzel

Luca CALABRIA
Antonio PARASCANDOLO

16 Settembre 2014

Indice

1	Introduzione	4
1.1	Ovierview	4
2	Fenomeni Critici e Sistemi Discreti	5
3	Automi Cellulari	5
3.1	Automi cellulari in natura	6
3.2	Definizione formale degli Automi Cellulari	7
3.2.1	Automi cellulari unodimensionali	7
3.2.2	Automi cellulari bidimensionali	8
4	Sistemi discreti probabilistici e transizione di fase	9
4.1	Processi di Markov	9
5	Automi cellulari probabilistici	10
6	Comportamento critico degli automi cellulari	11
7	Il Modello Domany-Kinzel	14
7.1	Descizione e fenomenologia	14
7.2	Simulazioni e test sul modello	17
7.2.1	Densità media e varianza	17
7.2.2	Diagramma di fase	22
7.2.3	Densità media nel tempo al variare delle probabilità di transizione	22
7.2.4	Analisi degli autovalori della matrice di transizione	24

Elenco delle figure

1	Conus textile. Mostra un pattern di un automa cellulare sul suo guscio	6
2	Wolfram Look-Up Table	8
3	10
4	Il reticolo. L'indice spaziale i assume tutti i valori tra 0 e $L - 1$. Abbiamo riportato anche l'evoluzione temporale che definisce una ulteriore dimensione per il sistema.	12
5	L'evoluzione del sistema, scritta come prodotto delle matrici S,D,M.	13
6	L'andamento degli autovalori di M in funzione di p per $q = p$. Per $p = 1$ si osserva una degenerazione dei primi due autovalori. .	14
7	Una tipica evoluzione del modello di Domany Kinzel. Per p e q sufficientemente grandi, l'evoluzione non estingue mai i siti attivi	15
8	L'evoluzione del modello di Domany e Kinzel nel caso in cui le probabilità di transizione sono tali da non consentire la percolazione.	16
9	Il diagramma delle fasi per il modello DK.	16
10	Densità media (linea blu) e varianza (linea verde) di 1 al variare della probabilità p con probabilità $q=p$	18
11	Densità media (linea blu) e varianza (linea verde) di 1 al variare della probabilità p con probabilità $q=1$	18
12	Densità media (linea blu) e varianza (linea verde) di 1 al variare della probabilità p con probabilità $q=0$	19
13	Densità media nell'intervallo [0-1000] con $q=p$, per $p=0.6$, $p=0.7$, $p=0.8$ e $p=0.9$	20
14	Densità media nell'intervallo [0-1000] con $q=1$, per $p=0.5$, $p=0.6$, $p=0.7$ e $p=0.9$	21
15	Diagramma di fase al variare delle probabilità p e q	22
16	Densità media di 1 nel tempo per $p=q$ con un reticolo di 10 siti. $p=q$	23
17	Densità media di 1 nel tempo con un reticolo di 15 siti. $p=q$. . .	24
18	Densità media di 1 nel tempo con reticolo di 10 siti. $q=1$	24
19	Densità media di 1 nel tempo con reticolo di 15 siti. $q=1$	25
20	Andamento degli autovalori al variare di p . $p=q$	26
21	Andamento degli autovalori al variare di p . $q=0$	26
22	Andamento degli autovalori al variare di p . $q=0.7$	27

1 Introduzione

1.1 Overview

Accennando i concetti di fenomeno critico e sistema discreto, sono introdotte delle nozioni generali riguardanti i primi modelli idealizzati per lo studio dell'evoluzione degli automi cellulari. Particolare attenzione viene riposta alle innumerevoli applicazioni degli automi nel campo della fisica e della biologia; mostrando come questi siano una soluzione a volte molto elegante anche per descrivere pattern che si trovano in natura.

Viene poi introdotta una definizione più formale degli automi come *sistemi dinamici a spazio discreto*; riponendo particolare attenzione alla differenza tra automi cellulari *mono* e *multi dimensionali*.

Dopo aver sommariamente ricordato il concetto di processo e catena Markoviana, sono presentate le differenze fondamentali tra automi cellulari *deterministici*, la cui configurazione futura è determinata univocamente da input e stato presente, e *probabilistici*; per i quali si può solo ipotizzare con una certa probabilità una possibile configurazione futura.

Vengono poi presentati alcuni dei più comuni comportamenti critici degli automi cellulari e il modello *Domany-Kinzel* attraverso il quale simulare un generico sistema discreto facendo evolvere contemporaneamente tante copie dello stesso sistema per diversi valori dei parametri.

Abbiamo effettuato dei test simulando il modello Domany-Kinzel al variare delle probabilità di transizione locale e al variare del numero dei siti.

2 Fenomeni Critici e Sistemi Discreti

Consideriamo un generico sistema che mostri una transizione fra stati differenti e identifichiamo diverse *fasi* con i corrispondenti valori assunti da una qualche variabile osservabile che prende il nome di *parametro d'ordine* (1). Lo stato del sistema dipende inoltre da alcune grandezze, variando le quali il parametro d'ordine può subire una transizione, da un valore finito, a zero in modo non banale. Tali grandezze si chiamano *parametri di controllo* ed individuano lo *spazio dei parametri*. L'insieme dei valori assunti dal parametro d'ordine nello spazio dei parametri, individua lo *spazio delle fasi* dove, l'insieme dei punti in corrispondenza dei quali il parametro d'ordine subisce la transizione, prende il nome di *curva critica*. Lo studio dei *fenomeni critici* non è rivolto esclusivamente ad esaurire la descrizione della fenomenologia mostrata da un particolare sistema, piuttosto, a notare e comprendere interessanti proprietà e aspetti generali mostrati dai fenomeni critici.

I *sistemi discreti* si rivelano un utile strumento di indagine dei fenomeni critici per la semplicità di simularne la dinamica su un calcolatore digitale, senza introdurre alcun tipo di approssimazione.

3 Automi Cellulari

Gli automi cellulari sono una classe di modelli o meglio, di sistemi dinamici, introdotti originariamente da Von Neumann e Ulam nel 1948 come una semplice idealizzazione dell'evoluzione delle cellule a livello cellulare; un vero e proprio modello per lo studio dell'evoluzione di sistemi complessi. (6)

Un' automa cellulare è composto da un reticolo (griglia) di *celle* o *siti* con un determinato numero finito di stati discreti per ogni cella.

Ogni stato viene assunto sulla base di leggi matematiche che ne regolano l'evoluzione (secondo istanti di tempo discreti) all'interno di una cella: tali leggi (identiche per tutto il reticolo) dipendono dallo stato della cella stessa e da quello delle vicine.

Gli automi cellulari assumono una varietà di forme e dimensioni a seconda della griglia considerata (linea, quadrato, triangolo, esagono ..) nel quale il più semplice automa cellulare è quello *mono dimensionale binario* (o *booleano*) dove la cella può trovarsi in soli due stati: 1, cella "viva" o 0, cella "morta", i cui vicini sono le due celle adiacenti.

Le proprietà formali e dinamiche degli automi cellulari hanno portato buoni risultati in molti settori della fisica e dalla biologia. Ma le possibili applicazioni sono pressoché infinite; si pensi che alcuni automi cellulari, cosiddetti universali, sono in grado di simulare il comportamento di una macchina di Turing, dei gas perfetti o l'evoluzione di una popolazione.

Gli automi cellulari sono usati efficacemente anche per la generazione di suonerie. Un intero portale web, *Wolfram Tones* (<http://tones.wolfram.com>), mostra come sia possibile trasformare una sequenza di passi di un automa cellulare in note musicali.

L'esempio che ha conosciuto maggiore popolarità è probabilmente l'automa noto con il nome di *Life*, introdotto da J.H. Conway e M.Gardner nel 1970 per descrivere l'evoluzione e l'estinzione di una popolazione di animali, mediante delle variabili discrete disposte nei siti di un reticolo.

Questi modelli sono un tipico esempio del processo di riduzione utilizzato in fisica nell'analisi di sistemi complessi. Il punto di partenza è che fenomeni complessi possano essere originati da poche semplici leggi. Sotto questa ipotesi, si cercano quindi modelli elementari che, basati su queste leggi, riproducano il comportamento di sistemi più complessi (7).

Al di là della loro rilevanza fisica e/o biologica, questi modelli sono esempio di un sistema dinamico discreto che può essere simulato esattamente su un computer. Un automa cellulare è un sistema dinamico in cui:

- Lo spazio è discretizzato; ossia il sistema è definito su una griglia;
- Le variabili di interesse sono definite solo sui siti della griglia e possono assumere solo una sequenza discreta di valori;
- Il tempo è discreto per cui l'evoluzione avviene ad intervalli regolari;
- Lo stato delle variabili su ogni sito cambia ad ogni intervallo di tempo con una regola locale che dipende, dallo stato del sito e dei suoi vicini ed, eventualmente, una funzione probabilistica;
- L'evoluzione è parallela; ossia il valore delle variabili viene cambiato simultaneamente in tutti i siti (7).

3.1 Automi cellulari in natura

L'utilizzo degli automi cellulari è in genere una soluzione molto elegante per descrivere i pattern che si trovano in natura: dalle strisce di una zebra, al manto maculato del ghepardo, alle striature delle dune del deserto. Un particolare esempio si trova in alcune conchiglie marine, come quelle del genere *Conus*, la cui colorazione è generata da automi cellulari naturali (6).



Figura 1: Conus textile. Mostra un pattern di un automa cellulare sul suo guscio

3.2 Definizione formale degli Automi Cellulari

Definition 3.1 Si definiscono booleani gli Automi Cellulari con insieme degli stati booleano. Si definiscono elementari gli Automi Cellulari booleani caratterizzati da un raggio $r = 1$.

3.2.1 Automi cellulari unodimensionali

Definition 3.2 Un Automa Cellulare unidimensionale finito è una rete di classe (n, S) definita mediante la struttura:

$$CA = \langle N, S, I, f \rangle \quad (1)$$

dove:

- i) N è il numero di siti;
- ii) S è l'insieme dei possibili valori (microstati) dei siti;
- iii) $I = \{-k, \dots, -1, 0, 1, \dots, k\}$ è l'intorno standard di raggio $k \ll n$;
- iv) $f : S^{|I|} \rightarrow S$ è la cosiddetta regola locale.

In un automa cellulare i siti si possono pensare disposti su un array unidimensionale e etichettate con il corrispondente indice $i \in \{1, \dots, N\}$ dell'array (4).

Per aggiornare il proprio stato ogni sito utilizza una regola locale e necessita solamente delle informazioni relative al proprio stato, a quello delle prime r celle alla propria destra e delle prime r celle alla propria sinistra. L'aggiornamento è di tipo locale ed uniforme.

Le celle che si trovano ai bordi dell'array vengono aggiornate considerando la cella N -esima come quella che precede la cella 1 e viceversa (condizioni al contorno periodiche) o utilizzando r valori costanti a sinistra della cella 1 e r valori costanti a destra della cella N -esima (condizioni al contorno costanti).

Sia $\sigma^t = (\sigma_1^t, \dots, \sigma_N^t)$, $\sigma_i^t \in \{0, 1\}$ un automa cellulare e n la dimensione della griglia associata; lo stato di quest'ultima può essere visto come un numero in base 2 di N cifre e, ovviamente, $\sigma \in \{0, 2^N - 1\}$.

La regola di evoluzione $\sigma^{t+1} = F(\sigma^t)$ può essere scritta localmente come:

$$\sigma_i^{t+1} = f(\sigma_{i-k}^t, \dots, \sigma_i^t, \dots, \sigma_{i+k}^t). \quad (2)$$

Lo stato di un sito al tempo $t + 1$ dipende dallo stato di $2k + 1$ siti al tempo t .

Un modo particolarmente efficiente per descrivere l'evoluzione deterministica degli automi cellulari fu dato da S.Wolfram. Nel semplice caso in cui $k = 1$, leggo tutte le possibili configurazioni $(\sigma_{i-1}^t, \sigma_i^t, \sigma_{i+1}^t)$ come un numero in base 2, sommando a queste $w_n = 2^n$ moltiplicato per σ_i^{t+1} come nella seguente tabella.

σ_{i-1}^t	σ_i^t	σ_{i+1}^t	n	w_n	x_i^{t+1}
0	0	0	0	1	0
0	0	1	1	2	1
0	1	0	2	4	1
0	1	1	3	8	0
1	0	0	4	16	1
1	0	1	5	32	0
1	1	0	6	64	0
1	1	1	7	128	0
total					22

Figura 2: Wolfram Look-Up Table

Gli automi che seguono questo tipo di regole evolutive prendono il nome di *automi deterministici*, dei sistemi dinamici discreti per i quali, dato un determinato stato σ^t , sono in grado di determinare esattamente il valore di σ^{t+1} . Indico con il nome *traiettoria del sistema* l'insieme ordinato degli stati $(\sigma^0, \dots, \sigma^t, \dots)$ (4).

Prende il nome di *Difference Field* h_i^t , la misura di grandezza della differenza tra due configurazioni x_i^t e y_i^t come:

$$h_i^t = x_i^t \oplus y_i^t \quad (3)$$

e la *Distanza di Hamming*:

$$H(t) = \sum_{i=1}^N h_i^t \quad (4)$$

3.2.2 Automi cellulari bidimensionali

La caratteristica principale che contraddistingue gli automi bidimensionali è che le celle sono disposte su un array bidimensionale (matrice) caratterizzato da p righe e q colonne (5).

Definition 3.3 *Un Automa Cellulare bidimensionale finito è una rete di classe (n, S) definita mediante la struttura:*

$$CA_{2D} = \langle N = p * q, S, I, f \rangle \quad (5)$$

dove:

- i) $N = p * q$ è il numero di siti;
- ii) S è l'insieme dei microstati dei siti;
- iii) I è l'intorno di cardinalità;
- iv) $f : S^{|I|} \rightarrow S$ è la regola locale.

Ogni sito è individuato da una coppia (i, j) ove $i \in \{1, \dots, p\}$ e $j \in \{1, \dots, q\}$ che rappresenta la sua posizione nella matrice.

La regola di evoluzione è analoga al caso unidimensionale; con la differenza che c'è da considerare per ogni sito un intorno più ampio (quattro o otto siti) rispetto al caso unidimensionale (due siti di intorno) (5).

4 Sistemi discreti probabilistici e transizione di fase

Introduciamo gli automi cellulari booleani come generici sistemi discreti la cui evoluzione possa essere scritta utilizzando una matrice di trasferimento. Tali sistemi, malgrado la loro relativa semplicità, forniscono un efficace strumento di indagine sui fenomeni critici, mostrando molti degli aspetti principali del comportamento complesso di un sistema che subisca quello che prende il nome di transizione di fase. Parleremo di questo in maniera più approfondita successivamente.

4.1 Processi di Markov

Consideriamo un generico sistema probabilistico, ossia un sistema la cui evoluzione temporale dipenda da alcuni parametri che possono variare tra 0 e 1 e che esprimono la probabilità che avvenga una transizione fra due stati. Consideriamo in particolare il caso in cui l'evoluzione avviene in passi temporali discreti. Quando lo stato in cui si può trovare il sistema dipende solamente dallo stato in cui si trovava all'istante precedente, abbiamo quello che viene chiamato un *processo di Markov*. Tali processi costituiscono la base della descrizione di innumerevoli fenomeni in fisica e altre discipline scientifiche. Le *catene di Markov* sono dei processi di Markov discreti (2).

Indichiamo con σ^t il generico stato di un sistema al tempo t e con $P^t(\sigma)$, la probabilità di osservare la configurazione σ al tempo t . Supponiamo che l'insieme delle configurazioni che possono essere assunte dal sistema sia numerabile e finito e indichiamo con N il numero di stati possibili. Possiamo associare a $P^t(\sigma)$ un vettore ad n componenti, in cui la componente i -esima rappresenta la probabilità di osservare la configurazione i , per $i = (1, \dots, N)$. Per un processo di Markov, l'evoluzione della distribuzione di probabilità è data da:

$$P^{t+1} = TP^t, \quad (6)$$

dove T è la matrice $N \times N$ che prende il nome di *matrice di trasferimento*. Le componenti $T_{\sigma\sigma'}$ sono la probabilità di andare in un passo temporale da σ a σ' . Iterando (6), possiamo ottenere l'espressione per P^t , partendo da una distribuzione iniziale P^0 :

$$P^t = T^t P^0. \quad (7)$$

In un processo di Markov, la dinamica è determinata dalla matrice T . Lo studio di questa matrice, pertanto, fornisce indicazioni utili alla determinazione del

comportamento asintotico del sistema. Senza entrare troppo nel dettaglio, supponendo la matrice T riducibile; posso vederla nella forma a blocchi di figura 3. E' stato dimostrato che il sistema ha due insiemi di stati e le transizioni fra gli stati dei due insiemi sono vietate. Questa degenerazione fornisce il primo indicatore di un comportamento critico. Analizzeremo in seguito più dettagliatamente il suddetto caso (2).

$$\left(\begin{array}{c|c} T_I & 0 \\ \hline 0 & T_{II} \end{array} \right)$$

Figura 3:

5 Automi cellulari probabilistici

Introduciamo adesso una particolare classe di sistemi la cui evoluzione è descritta da un processo di Markov. Abbiamo indicato con N il numero dei possibili stati in cui un sistema può trovarsi. Prendiamo in considerazione la rappresentazione in base q di N . Questa consisterà in una serie di elementi, celle o siti, che possono assumere uno dei valori $\{0, 1, \dots, q - 1\}$. Disponiamo questi siti nei siti di un reticolo d -dimensionale di lunghezza:

$$L = [\log_q N]^{1/d}. \quad (8)$$

Il valore assunto da tutte le variabili del reticolo di lunghezza L , ad un certo istante t , sarà indicato con il vettore $\sigma^t = (\sigma_0^t, \sigma_1^t, \dots, \sigma_{L-1}^t)$. L'aggiornamento di ogni sito è dato dall'interazione locale con i siti vicini.

Il tipo di automi che vengono detti non deterministici o *probabilistici (stocastici)*, sostituiscono a quanto visto in figura 2, una serie di notazioni che permettono di stimare la probabilità di ottenere al tempo $t+1$ una determinata configurazione dell'automa rispetto ad un'altra, in base a quella che è la configurazione dei vicini di ciascun sito al tempo t (2).

Supponendo di essere nel caso mono dimensionale, introduciamo le probabilità di transizione che saranno quattro nel caso in cui il range di interazione sia $k=2$.

$$\begin{aligned} \tau(0, 0 \rightarrow 1) &= p_0; \\ \tau(0, 1 \rightarrow 1) &= p_1; \\ \tau(1, 0 \rightarrow 1) &= p_2; \\ \tau(1, 1 \rightarrow 1) &= p_3, \end{aligned} \quad (9)$$

con $\tau(a, b \rightarrow 0) = 1 - \tau(a, b \rightarrow 1)$.

Supponiamo di simulare il comportamento dell'automa monodimensionale descritto da (5) con $p_0 = 0, p_1 = p_2 = p_3 = q$. La funzione booleana per la quale

si ottiene 1 solo per la configurazione $(\sigma_{i-1}^t, \sigma_{i+1}^t) = (0, 1)$ o $(1, 0)$ è:

$$X_i^t(1) = \sigma_{i-1}^t \oplus \sigma_{i+1}^t; \quad (10)$$

la funzione che caratterizza la configurazione $(1,1)$ è:

$$X_i^t(2) = \sigma_{i-1}^t \wedge \sigma_{i+1}^t. \quad (11)$$

Data una determinata configurazione $\sigma = \sigma^t$ al tempo t , la funzione locale di transizione permette di calcolare la probabilità di transizione T_{ba} dalla configurazione b alla configurazione a come:

$$T_{ba} = \prod_{i=1}^N \tau(b_{i-1}, b_{i+1} \rightarrow a_i), \quad (12)$$

dove la matrice T è matrice di transizione che esprime la probabilità di ottenere $\sigma_i^{t+1} = 1$ data la configurazione dei vicini.

La natura Markoviana del processo di aggiornamento è espressa dalla possibilità di scrivere la matrice di trasferimento T , il cui elemento generico T_{ba} rappresenta la probabilità di andare dalla configurazione $b \rightarrow a$ in un passo temporale, in funzione delle probabilità di transizione τ .

In corrispondenza delle righe della matrice T i cui elementi siano tutti zero tranne uno che vale 1, si dice che il sistema ha uno *stato assorbente*. In altre parole se vale $T_{ba} = 0$ per ogni $b \neq a$, allora esiste la possibilità di raggiungere quello stato. b è uno stato da cui il sistema non può mai uscire e, pertanto, è detto *assorbente*.

Si dimostra che il massimo autovalore λ_1 di T è 1 e corrisponde all'autovalore di uno *stato asintotico*. Questo stato è unico se tutte le configurazioni sono connesse da una catena di probabilità di transizione. Il secondo autovalore λ_2 , definisce il tempo per raggiungere lo stato asintotico, detto *tempo di convergenza*):

$$\xi = -(\ln \lambda_2)^{-1}. \quad (13)$$

Il sistema può andare incontro ad una transizione di fase (3). Si può studiare la transizione di fase del modello con stati assorbenti che sono configurazioni corrispondenti ai punti attrattori.

6 Comportamento critico degli automi cellulari

La comprensione dell'origine del comportamento complesso mostrato da una grande varietà di sistemi in fisica, costituisce uno degli argomenti di maggiore interesse nell'ambito della ricerca scientifico teorica. Una grande attenzione è stata posta allo studio delle interazioni fondamentali fra costituenti elementi; si studia un sistema suddividendolo in tante parti più piccole per comprendere come un numero sufficientemente grande di tali costituenti dia origine alla

complessità osservata. Un esempio di comportamento complesso è dato da quei sistemi che esibiscono una *transizione di fase*(3), ovvero il passaggio di una qualche proprietà osservabile, da un valore fino a zero, al variare di un parametro, in modo non banale, tipicamente con una discontinuità o con un andamento non analitico. Lo stato asintotico potrebbe non essere più unico e, al crescere di N , numero di siti, verso ∞ , il sistema potrebbe dividersi in due sottoinsiemi di stati, la cui probabilità di passare da uno all'altro è praticamente nulla. Tale comportamento è definito come *critico*.

Vogliamo adesso illustrare come gli autovalori della matrice di trasferimento T , contengano utili informazioni sul comportamento critico di un sistema. Consideriamo esplicitamente un automa definito su un reticolo undimensionale come quello riportato in figura 4.

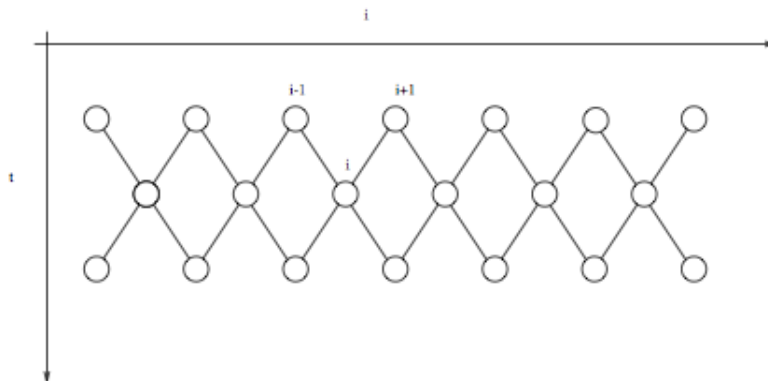


Figura 4: Il reticolo. L'indice spaziale i assume tutti i valori tra 0 e $L-1$. Abbiamo riportato anche l'evoluzione temporale che definisce una ulteriore dimensione per il sistema.

Assegnamo le seguenti proprietà di transizione:

$$\begin{aligned}
 \tau(0, 0 \rightarrow 1) &= 0; \\
 \tau(0, 1 \rightarrow 1) &= p; \\
 \tau(1, 0 \rightarrow 1) &= p; \\
 \tau(1, 1 \rightarrow 1) &= q.
 \end{aligned}
 \tag{14}$$

Si tratta di un particolare automa noto come *modello di Domany - Kinzel*. Nel seguito affronteremo uno studio approfondito delle proprietà critiche di tale modello. In questo contesto, vogliamo invece limitarci a scrivere la matrice di trasferimento per tale sistema, nel caso semplice $N = 2$. Per un automa cellulare bollano, risulta utile scrivere la matrice di trasferimento come prodotto di $N + 2$ matrici (2). Scriviamo pertanto T nella forma:

$$T = SM^N D,
 \tag{15}$$

dove le matrici S,D tengono in conto le condizioni periodiche al contorno, mentre la matrice M, fa evolvere un sito e modifica la disposizione del reticolo degli altri, in modo che l'applicazione ricorsiva di M, per un numero di volte pari al numero di siti presenti nel reticolo, avrà l'effetto complessivo di far evolvere il sistema di un passo temporale.

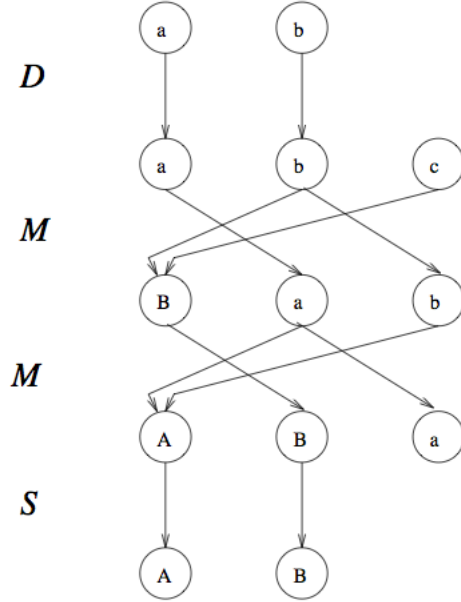


Figura 5: L'evoluzione del sistema, scritta come prodotto delle matrici S,D,M.

Il vantaggio di aver introdotto la matrice M, è che gli autovalori di M^N e T coincidono. In M, quasi tutti gli elementi sono nulli. Scriviamo quello che si ottiene nel caso $N = 2$.

$$M = \begin{pmatrix} 1 & 1-p & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1-p & 1-q & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1-p & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1-p & 1-q \\ 0 & p & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & p & q & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p & q \end{pmatrix} \quad (16)$$

Riportiamo in fig.(6) il modulo degli autovalori di M in funzione di p , per $q = p$. Dal grafico è possibile osservare che in corrispondenza del punto $p = 1$, il sistema ridotto ($N = 2$) che stiamo studiando, presenta una degenerazione nei primi due autovalori. Per $p = 1$ il sistema presenterà perciò una transizione di fase (2).

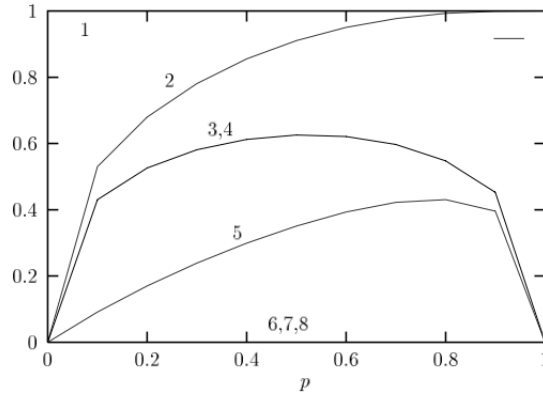


Figura 6: L'andamento degli autovalori di M in funzione di p per $q = p$. Per $p = 1$ si osserva una degenerazione dei primi due autovalori.

7 Il Modello Domany-Kinzel

L'idea che sta alla base della procedura introdotta in questa sezione è quella di simulare un generico sistema discreto facendo evolvere contemporaneamente tante (in linea di principio infinite) copie dello stesso sistema, per diversi valori dei parametri di controllo. Questo è reso possibile mediante l'utilizzo di opportune variabili, la cui evoluzione viene svincolata dal particolare punto dello spazio dei parametri in cui si sta effettuando la simulazione (2).

Il modello di Domany-Kinzel nasce dalla descrizione di fenomeni propagativi nel tempo o lungo una particolare direzione e viene utilizzato in vari campi di investigazione, come paradigma della propagazione degli incendi in una foresta, per descrivere la penetrazione di un liquido in un mazzo poroso o la diffusione di un'epidemia fra gli individui di una popolazione.

Dal punto di vista dello studio delle transizioni di fase, l'interesse per questo modello è dovuto al fatto che, nonostante la sua relativa semplicità, ci permette di riprodurre gli aspetti più importanti di molti sistemi appartenenti a questa classe (2).

7.1 Descrizione e fenomenologia

Il modello a due ingressi è definito su un reticolo unidimensionale dalle proprietà di transizione. Per $k = 2$:

$$\begin{aligned}
\tau(0,0 \rightarrow 1) &= 0; \\
\tau(0,1 \rightarrow 1) &= p; \\
\tau(1,0 \rightarrow 1) &= p; \\
\tau(1,1 \rightarrow 1) &= q,
\end{aligned}
\tag{17}$$

con $\tau(\sigma_1\sigma_2 \rightarrow 0) = 1 - \tau(\sigma_1\sigma_2 \rightarrow 1)$. La configurazione 0 in cui tutti i siti assumono valore 0 è il cosiddetto stato assorbente.

Come si può osservare da (17), si tratta di un automa *totalistico*, ossia le probabilità di transizione dipendono unicamente dalla somma dei siti attigui. Tale condizione, in questo caso, si riduce in particolare a $\tau(0,1 \rightarrow \sigma) = \tau(1,0 \rightarrow \sigma)$. Chiamiamo T la matrice di trasferimento di un sito. Si può vedere che ogni configurazione ha una probabilità finita di andare nella configurazione 0 e non si può uscire da questo stato. Nel caso di $N \rightarrow \infty$ altri autovalori possono degenerare con λ_1 e ciò significa che possono esistere due configurazioni di stato asintotico che non sarà più quindi unico. Si parla in questo caso di transizione di fase o fenomeno critico. Il valore ξ diverge vicino alla transizione di fase. Significa che il sistema non riesce a raggiungere lo stato assorbente ma rimane in una condizione di indecisione.

Possiamo pensare all'evoluzione di questo sistema come al processo di invasione di un mezzo poroso da parte delle molecole di un liquido dove il valore 1 di una cella, corrisponde al poro bagnato, mentre 0 al poro asciutto. Una tipica configurazione ottenuta da una simulazione è riportata nelle figure 7, 8.

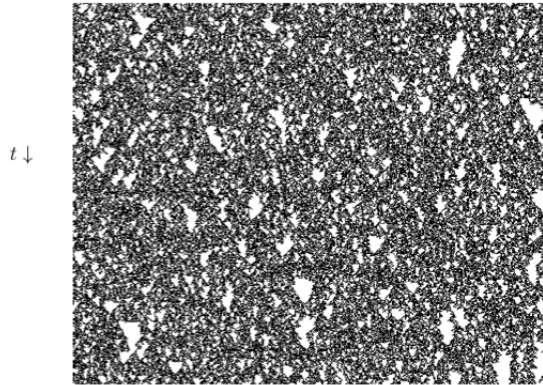


Figura 7: Una tipica evoluzione del modello di Domany Kinzel. Per p e q sufficientemente grandi, l'evoluzione non estingue mai i siti attivi

I punti neri corrispondono alle celle con valore 1. Per valori sufficientemente grandi di p e q , l'evoluzione di una qualunque configurazione non arriva mai ad estinguere completamente le celle attive e diciamo che il sistema percola (fig.(7)). Viceversa, quando la probabilità che si mantenga uno stato attivo è

troppo bassa, dopo un certo tempo, il sistema raggiunge la configurazione in cui tutti i siti valgono 0, che costituisce lo stato assorbente (fig. (8)). Il diagramma delle fasi di questo modello è noto (fig.(9)). La misura della densità dei siti attivi (m) e la distanza di Hamming (h), permettono di rilevare la presenza di tre regioni nello spazio (p, q) .



11

Figura 8: L'evoluzione del modello di Domany e Kinzel nel caso in cui le probabilità di transizione sono tali da non consentire la percolazione.

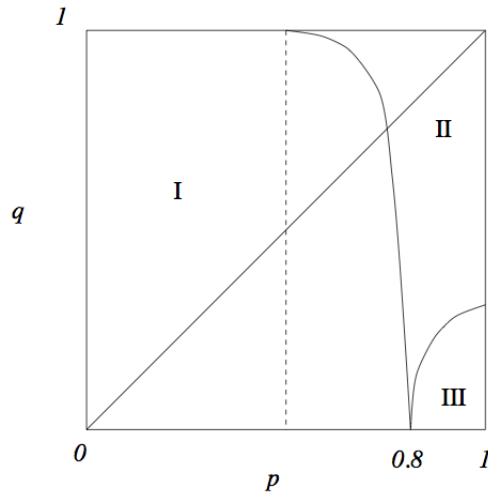


Figura 9: Il diagramma delle fasi per il modello DK.

Nella zona I si ha $m = h = 0$, il sistema tende verso lo stato assorbente che è stabile. Per p e q sufficientemente grandi, una frazione non nulla delle celle rimane attiva e abbiamo quindi $m \neq 0$, distinguendo ulteriormente nella regione II, in cui la distanza tra repliche si annulla, dalla regione III, detta caotica, in cui anche $h \neq 0$.

In corrispondenza degli angoli del quadrato (p, q) , le probabilità di transizione degerenano al valore 0 o 1, dando luogo a leggi di aggiornamento deterministiche. Un altro punto dello spazio dei parametri con particolari proprietà è costituito da $p = 0.5, q = 1$. In corrispondenza di questi valori, per le probabilità di transizione, si ha una totale perdita di correlazione tra i siti; l'evoluzione segue un comportamento particolare. L'unica attività è data dai bordi di tali zone dove sono presenti coppie 01 o 10 che possono dare 1 con probabilità uguale pari a $\frac{1}{2}$. L'andamento di $m(p)$ in corrispondenza di $q = 1$, mostra una discontinuità tipica delle transizioni del primo ordine (2).

7.2 Simulazioni e test sul modello

Utilizzando i file *.c reperibili sul sito *E-Learning Unifi* (<http://e-l.unifi.it>), abbiamo effettuato dei test simulando il modello Domany-Kinzel al variare delle probabilità di transizione locale nel caso di due possibili stati per ogni sito (stato 0 e stato 1).

7.2.1 Densità media e varianza

In figura 10, si mostra la simulazione del modello Domany-Kinzel (dk.c) con parametri $p=q, N=1000$ (numero di volte che si ripete l'esperimento), $T=1000$ (tempo di simulazione) e inizializzazione con un solo 1 nel sito centrale al variare della probabilità p . La linea blu mostra la densità media di 1; il valore $p \approx 0.7$ rappresenta il valore critico di p , superato il quale la densità tende a 1. Essa rappresenta la separazione tra la fase densità pari a zero e la fase densità diversa da zero e si può interpretare, nel caso di sistema dinamico, come una biforcazione in cui lo stato 0 diventa instabile e si va verso un secondo stato stabile (nel caso specifico lo stato 1).

La linea verde rappresenta la varianza della densità normalizzata rispetto al suo valore massimo: in corrispondenza del valore critico si registra la massima varianza poichè il sistema si trova nella condizione di poter andare, alla minima fluttuazione, verso lo stato stabile 0 o verso lo stato stabile 1. Al crescere del valore di p il sistema tende verso la configurazione per cui tutti i siti hanno valore 1; di conseguenza le fluttuazioni diminuiscono di intensità e il sistema si avvicina allo stato stabile 1.

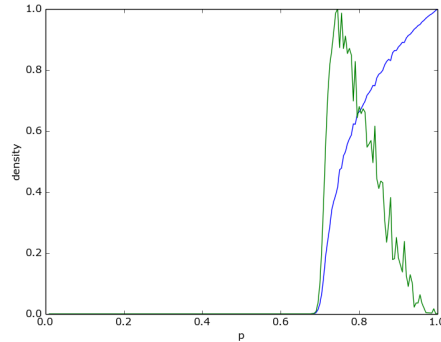


Figura 10: Densità media (linea blu) e varianza (linea verde) di 1 al variare della probabilità p con probabilità $q=p$.

In figura 11 si mostra la simulazione del modello con parametri $q=1$, $N=1000$, $T=1000$ e inizializzazione con un solo 1 nel sito centrale, al variare di p . Si nota che il valore critico si sposta su $p \approx 0.5$; di conseguenza per valori di p minori di 0.5 si cade nello stato assorbente 0 e per valori di p maggiori di 0.5 si cade nello stato assorbente 1 .

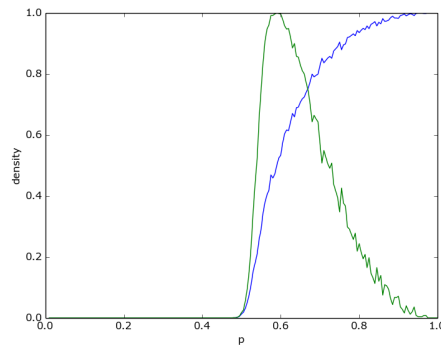


Figura 11: Densità media (linea blu) e varianza (linea verde) di 1 al variare della probabilità p con probabilità $q=1$.

In figura 12 si mostra la simulazione del modello con parametri $q=0$, $N=1000$, $T=1000$ e inizializzazione con un solo 1 nel sito centrale, al variare di p . In questo terzo caso il valore critico si sposta su $p \approx 0.8$. Si può notare che la densità non raggiunge il valore massimo 1 come nella simulazioni precedenti, ovvero il sistema presenta un solo stato assorbente lo stato 0 . Nel caso di $p=1$

quindi non si raggiunge mai la configurazione per la quale tutti i siti hanno valore 1 ma si mantiene su configurazioni con egual numero medio di 0 e 1.

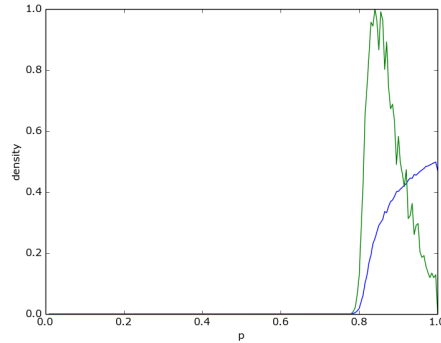


Figura 12: Densità media (linea blu) e varianza (linea verde) di 1 al variare della probabilità p con probabilità $q=0$.

L'analisi appena vista riguarda un fissato istante temporale, $T=1000$. Vediamo adesso la densità media su mille realizzazioni nell'intervallo temporale $[0-1000]$ per ognuno dei 100 siti del reticolo, rappresentati sull'asse delle ascisse. La configurazione iniziale consiste in un solo 1 sul sito centrale e si valuta la variazione della densità al variare di p con $q=p$ e con $q=1$. Ad esempio, vediamo che per $p=0.6$, il valore di densità media corrispondente, rappresentato nelle figure 10, 11, si riferisce all'ultima riga in alto della prima heatmap in figura 13. Un discorso analogo si può fare per i valori $p=0.7$, $p=0.8$, $p=0.9$

In figura 13; la prima heatmap rappresenta la densità media nel tempo per $p=q=0.6$. Come si può vedere siamo appena sotto la transizione di fase. Il numero di 1 è limitato ad un intorno del sito centrale nei primi istanti temporali; al crescere di T , si tende rapidamente allo stato assorbente 0 . Nella seconda heatmap, per $p=q=0.7$, siamo nel punto di massima fluttuazione. Si ha il valore massimo di densità per $T=0$; al crescere di T , la densità va via via decrescendo. Nella terza e quarta heatmap, utilizzando rispettivamente i valori $p=q=0.8$ e $p=q=0.9$, si è superata la transizione di fase e la densità media cresce rapidamente nel tempo, avvicinandosi allo stato assorbente 1 .

In figura 14 si considera il caso di $q=1$; la prima heatmap rappresenta la densità media nel tempo per $p=0.5$. Come si può vedere siamo vicini al punto critico oltre il quale si registra la transizione di fase dallo stato assorbente 0 , allo stato assorbente 1 . Il numero di 1 è limitato ad un intorno del sito centrale nei primi istanti temporali; al crescere di T , si tende rapidamente allo stato assorbente 0 . Nella seconda heatmap, per $p=0.6$, il valore della densità media cresce, raggiungendo a già metà dell'intervallo temporale un valore elevato. Di conseguenza, le

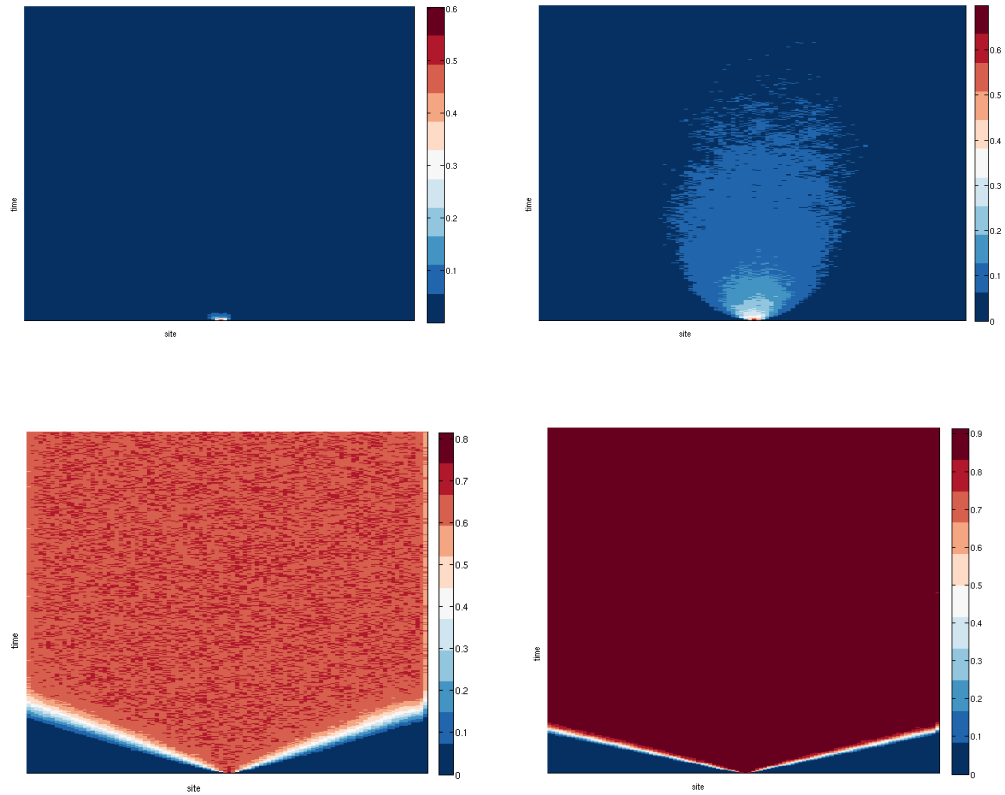


Figura 13: Densità media nell'intervallo $[0-1000]$ con $q=p$, per $p=0.6$, $p=0.7$, $p=0.8$ e $p=0.9$

ultime due heatmap, corrispondenti a $p=0.7$ e $p=0.9$, rappresentano la densità per i valori di p a transizione di fase avvenuta. Si converge rapidamente allo stato assorbente 1 .

Si ha il valore massimo di densità per $T=0$; al crescere di T , la densità va via via decrescendo.

Nella terza e quarta heatmap, utilizzando rispettivamente i valori $p=q=0.8$ e $p=q=0.9$, si è superata la transizione di fase e la densità media cresce rapidamente nel tempo, avvicinandosi allo stato assorbente 1 .

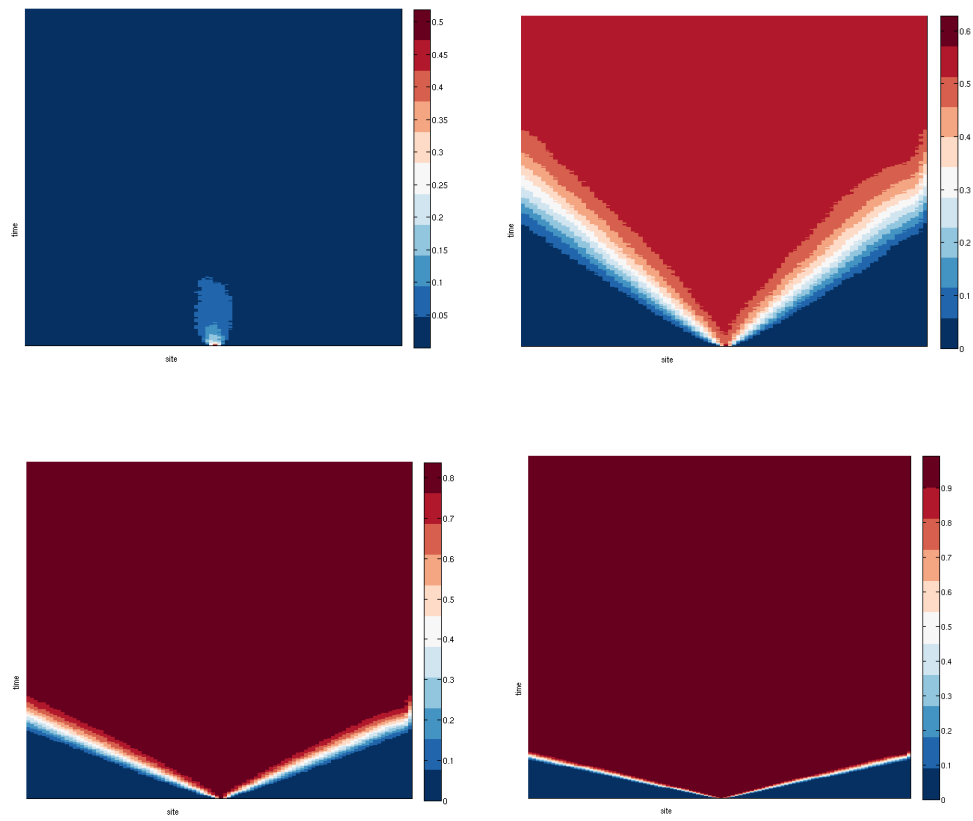


Figura 14: Densità media nell'intervallo $[0-1000]$ con $q=1$, per $p=0.5$, $p=0.6$, $p=0.7$ e $p=0.9$

7.2.2 Diagramma di fase

Lo step successivo di simulazione in figura 15, riguarda la visualizzazione del diagramma di fase al variare delle probabilità p e q . Valori di p e q che stanno sotto la curva di transizione di fase conducono il sistema nello stato assorbente 0 . Per valori sopra la curva aumenta la probabilità di raggiungere il secondo stato assorbente, lo stato 1 . Dall'analisi del diagramma di fase si trova conferma dei risultati conseguiti negli step di simulazione precedenti: per $p < 0.5$, qualunque sia il valore di q , non si ha transizione di fase; per $p > 0.5$ la transizione di fase avviene a $q=1$; per $p \approx 0.7$ la transizione di fase avviene per $q=0.7$; per $p \approx 0.8$ la transizione avviene per $q=0$.

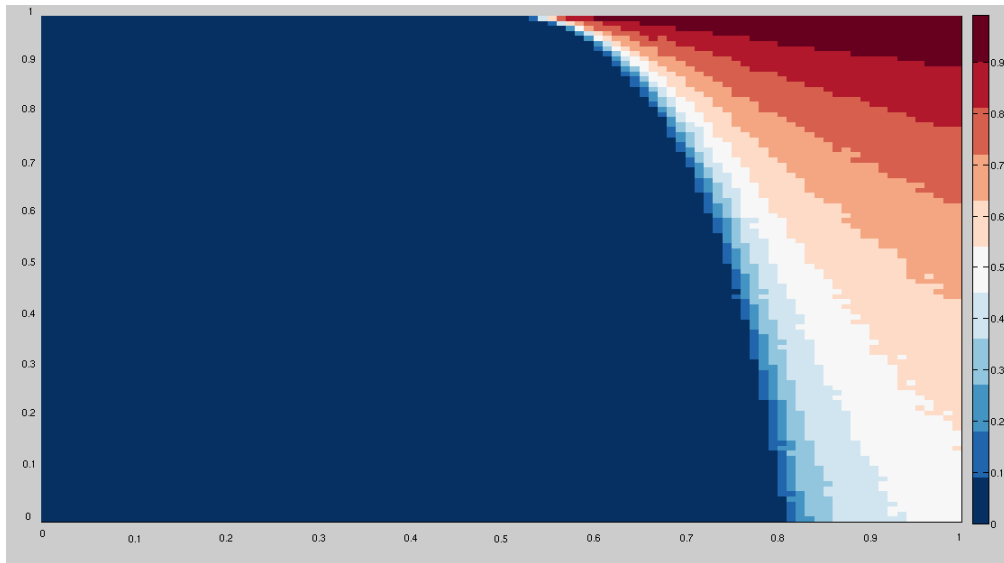


Figura 15: Diagramma di fase al variare delle probabilità p e q .

7.2.3 Densità media nel tempo al variare delle probabilità di transizione

Il seguente step di simulazione riguarda lo studio della densità media di 1 in un intervallo di tempo $[0,10000]$ al variare del numero dei siti e delle probabilità di transizione nei casi di $p=q$ e per $q=1$. In questo step consideriamo l'applicazione della matrice di transizione relativa al processo di Markov associato al modello. La figura 16 si riferisce ad un reticolo composto da 10 siti con probabilità di transizione $p=q$ per $p=0.6$, $p=0.7$, $p=0.8$, $p=0.9$, $p=1$. Per $p=0.6$, $p=0.7$ e $p=0.8$ la densità di 1 cresce nei primi istanti di tempo per poi diminuire fino a convergere in 0. Per $p=0.9$ la densità si mantiene elevata e costante nel tempo e per $p=1$ raggiunge rapidamente 1 e vi rimane per tutto l'intervallo di tempo.

considerato.

La figura 17 si riferisce ad un reticolo composto da 15 siti con probabilità di transizione $p=q$ per $p=0.6$, $p=0.7$, $p=0.8$, $p=0.9$, $p=1$. In questo caso si nota che rispetto al reticolo con 10 siti, per valori di $p=0.6$ e $p=0.7$, la densità converge più velocemente al valore 0 . Per $p=0.8$ la densità media raggiunge rapidamente il valore di 0.65 e tende a decrescere molto lentamente nel tempo. Per $p=0.9$ raggiunge velocemente un valore di densità media di circa 0.9 e vi rimane nel tempo. Per $p=1$ si hanno gli stessi risultati del caso precedente.

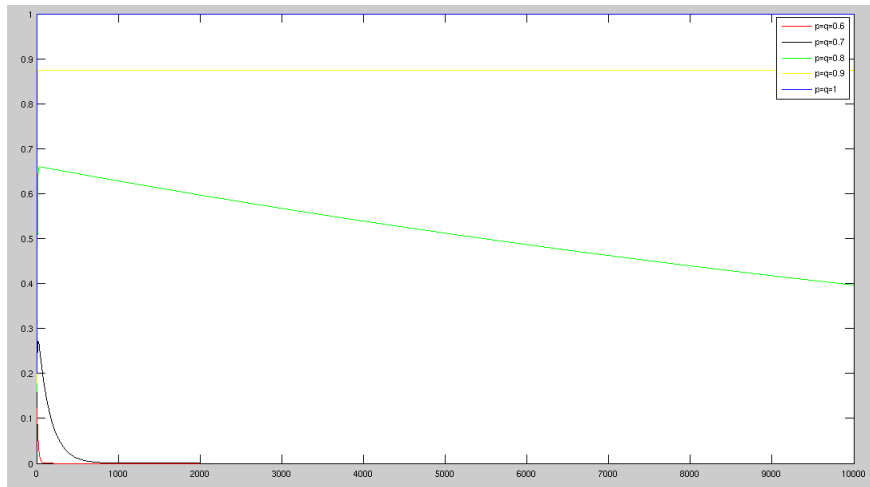


Figura 16: Densità media di 1 nel tempo per $p=q$ con un reticolo di 10 siti. $p=q$.

In figura 18 si analizza il caso di reticolo con 10 siti e probabilità q di transizione pari a 1. Questa configurazione porta ad analizzare il sistema a transizione di fase avvenuta. Come si può vedere dal plot, la densità media nei casi $p=0.6$, $p=0.7$, $p=0.8$, $p=0.9$, $p=1$ sale rapidamente nei primi istanti di tempo per poi stabilizzarsi sul valore raggiunto.

In figura 19 si mostra il caso di $q=1$ con 15 siti. Come è possibile notare, il questa situazione, per valore $p=0.6$, $p=0.7$, $p=0.8$, $p=0.9$, $p=1$ nel sistema si è già verificata la transizione di fase per cui la densità media cresce rapidamente nei primissimi istanti di tempo per poi stabilizzarsi sul valore raggiunto.

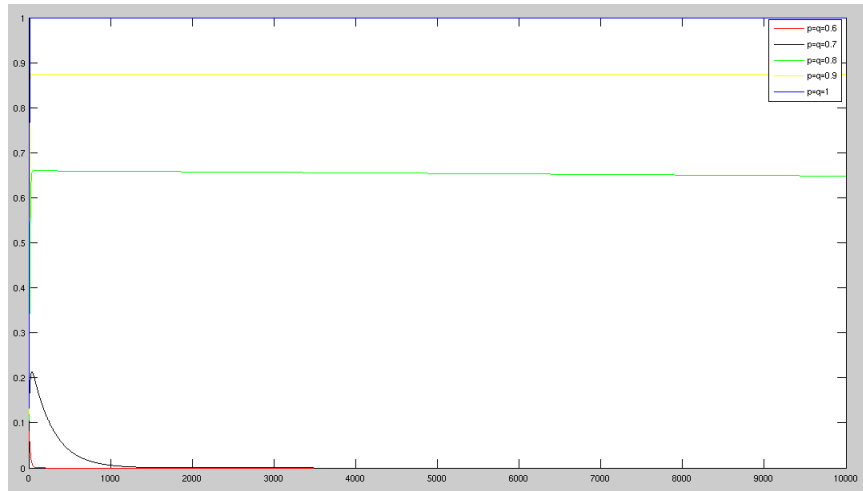


Figura 17: Densità media di 1 nel tempo con un reticolo di 15 siti. $p=q$.

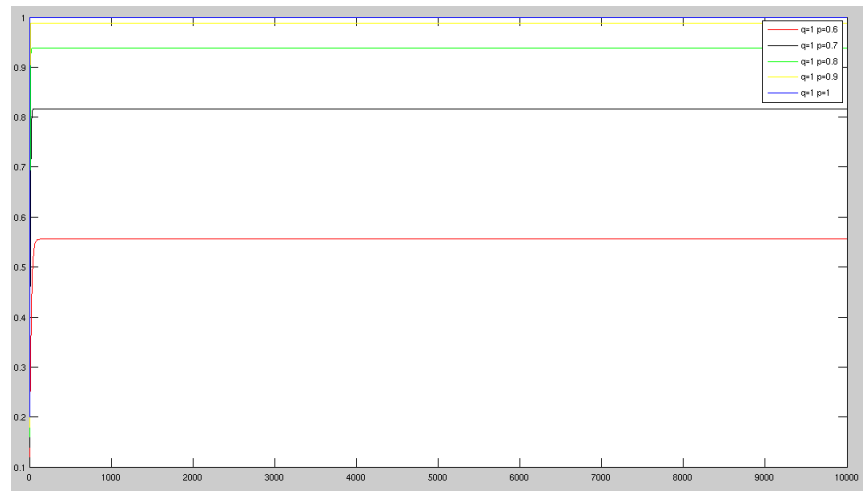


Figura 18: Densità media di 1 nel tempo con reticolo di 10 siti. $q=1$.

7.2.4 Analisi degli autovalori della matrice di transizione

L'ultimo step della simulazione consiste nell'analisi degli autovalori della matrice di transizione associata al processo di Markov con cui si può descrivere il modello. Si analizzano tre casi: nel primo $p=q$, nel secondo $q=0.7$, nel terzo $q=0$. Si nota che nei tre casi il primo autovalore λ_1 ha valore 1 indipendentemente dal valore di p . λ_1 corrisponde all'autovalore dello stato asintotico.

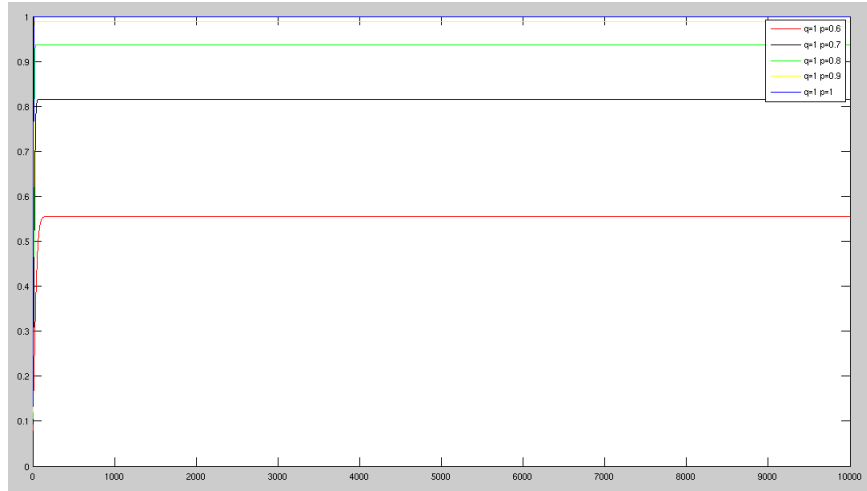


Figura 19: Densità media di 1 nel tempo con reticolo di 15 siti. $q=1$.

Il secondo autovalore λ_2 definisce il tempo di convergenza allo stato asintotico secondo la relazione:

$$\xi = -(\ln \lambda_2)^{-1} \quad (18)$$

Quando λ_2 collide con λ_1 nel sistema è presente un secondo stato asintotico come si può ad esempio notare in figura 20 nel caso $p=q$, per $p \approx 0.8$. Il terzo e il quarto autovalore mantengono lo stesso valore fino alla transizione di fase dopo la quale si allontanano in quanto parte delle configurazioni vanno verso lo stato 0 e parte verso lo stato 1 . Il grafico non ci permette di conoscere con esattezza i valori di p per i quali i primi due autovalori collidono e il terzo e quarto si allontanano. Questo è dovuto ad un problema di tipo numerico, infatti per ottenere il calcolo esatto dei valori servirebbero tempi di computazione più elevati. Analogamente al caso appena descritto, anche per le simulazioni descritte in figura 21 e 22, è possibile verificare che in corrispondenza dei valori di p relativi alla transizione di fase, i primi due autovalori collidono, il terzo e il quarto si allontanano.

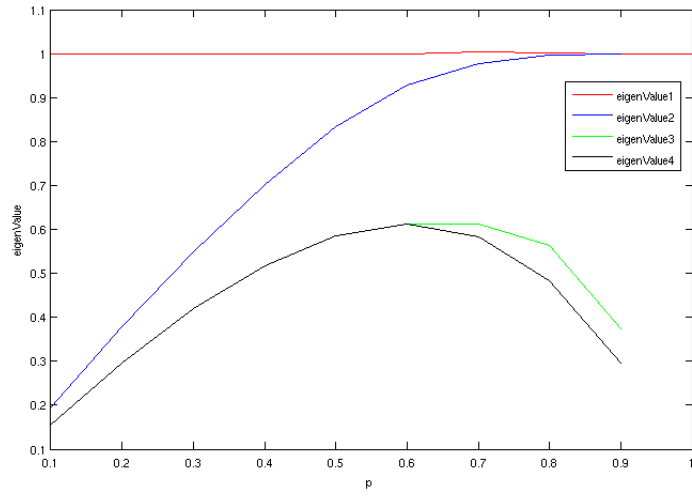


Figura 20: Andamento degli autovalori al variare di p . $p=q$.

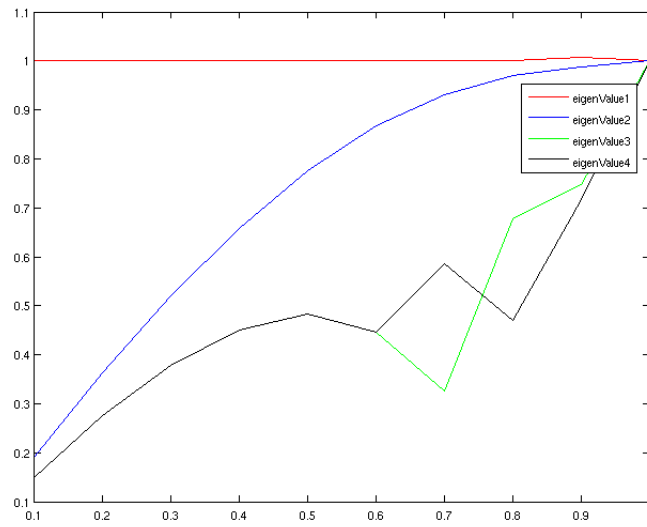


Figura 21: Andamento degli autovalori al variare di p . $q=0$.

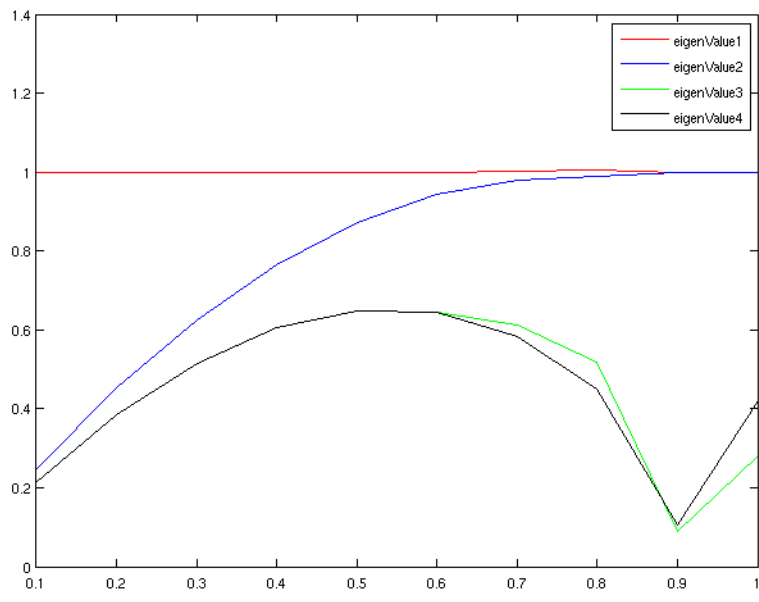


Figura 22: Andamento degli autovalori al variare di p . $q=0.7$.

Riferimenti bibliografici

- [1] H.Strogatz, *Nonlinear Dynamics and Chaos*, 1984,
- [2] F.Bagnoli, *Cellular Automata*,
- [3] F.Bagnoli, Raul Rechtman *Phase transition of Cellular Automata*,
- [4] D.Eck *Introdution to one-dimensional Cellular Automata*, 1987,
- [5] Norman H. Packard, Stephen Wolfram, *Two-dimensional Cellular Automata*, 1984,
- [6] Wikipedia, *Cellular Automaton*,
- [7] Daniel Shiffman, *The nature of code*.