

TESIS DEFENDIDA POR  
**CECILIA LEAL RAMIREZ**  
Y APROBADA POR EL SIGUIENTE COMITÉ

---

Dr. Oscar Castillo López  
*Director del Comité*

---

Dr. Antonio Rodríguez Díaz  
*Co-director del Comité*

---

Dr. Guillermo Licea Sandoval  
*Miembro del Comité*

---

Dra. Elba Patricia Melin Olmeda  
*Miembro del Comité*

---

Dr. Juan Ramón Castro Rodríguez  
*Miembro del Comité*

---

Dr. José Manuel Cornejo Bravo  
*Coordinador del programa de posgrado  
Maestría y Doctorado en Ciencias e Ing.*

---

Dr. David Hilario Covarrubias Rosales  
*Director de Estudios de Posgrado*

<<10>> de <<Diciembre>> de <<2010>>.

**UNIVERSIDAD AUTONOMA DE BAJA CALIFORNIA  
FACULTAD DE CIENCIAS QUIMICAS E INGENIERIA**



---

**PROGRAMA DE POSGRADO  
MAESTRIA Y DOCTORADO EN CIENCIAS E INGENIERIA**

---

**MODELOS MATEMATICOS GENERALIZADOS BASADOS EN AUTOMATAS  
CELULARES Y LOGICA DIFUSA TIPO-1 Y TIPO-2 PARA SIMULAR DINAMICA  
DE POBLACIONES**

TESIS

que para cubrir parcialmente los requisitos necesarios para obtener el grado de  
**DOCTOR EN CIENCIAS**

Presenta:

**CECILIA LEAL RAMIREZ**

Tijuana, Baja California, México, Diciembre de 2010.

**RESUMEN** de la tesis de **Cecilia Leal Ramírez**, presentada como requisito parcial para la obtención del grado de **DOCTOR EN CIENCIAS**. Ensenada, Baja California. Noviembre de 2010.

**MODELOS MATEMATICOS GENERALIZADOS BASADOS EN AUTOMATAS  
CELULARES Y LOGICA DIFUSA TIPO-1 Y TIPO-2 PARA SIMULAR DINAMICA  
DE POBLACIONES**

Resumen aprobado por:

---

Dr. Oscar Castillo López  
Director de Tesis

La dinámica de poblaciones es la especialidad de la ecología que se ocupa del estudio de los cambios que sufren las poblaciones biológicas en cuanto a tamaño, dimensiones físicas de sus miembros, estructura de edad y sexo y otros parámetros que las definen, así como de los factores que causan esos cambios y los mecanismos por los que se producen. Modelos de dinámica de población han llegado a ser cada vez más importantes en casi todas las ramas de la biología, en las cuales se produce grandes cantidades de datos que demandan de un análisis matemático y modelación. El objetivo de este trabajo es contribuir con el estudio sobre las fluctuaciones en el tamaño de las poblaciones, introduciendo nuevos modelos matemáticos basados en autómatas celulares difusos para simular sus dinámicas, tal que estos puedan ser considerados como un conjunto o herramienta para la modelación generalizada de la dinámica de las poblaciones. Estos modelos fueron estructurados considerando a las poblaciones uniespecíficas y estructuradas por edad, también construimos el modelo poblacional tipo depredador-presa aplicado al control de plagas dentro de un caso de estudio.

**Palabras Clave:** autómatas celulares difusos; modelos; poblaciones estructuradas en edad; simulación.

**ABSTRACT** of the thesis presented by **Cecilia Leal Ramirez** as a partial requirement to obtain the **DOCTOR OF SCIENCE** degree. Ensenada, Baja California, **México Noviembre de 2010**.

### **TITULO DE LA TESIS EN INGLÉS**

The dynamics of populations is the specialty of the ecology that study the changes that undergo the biological populations about their size, physical dimensions of their members, structure of age and sex and other parameters that define them, as well as of the factors that cause those changes and the mechanisms by which they take place. Populations dynamics models have been more and more important in almost all the branches of the Biology, in which occur great amounts of data that demand of a mathematical analysis. The objective of this work is to contribute with the study on the fluctuations in the size of the populations, introducing new mathematical models based on fuzzy cellular to simulate the dynamics. We constructed a set of models that work together as a tool for the generalized modeling of the dynamics of the populations. These models were structured, considering uni-specifics populations and structured by age. Also we constructed the predator-prey model applied to the control of plagues within a case of study.

**Keywords:** models; simulation; fuzzy cellular automata; populations structured by age.

## Dedicatorias

A mis padres por haberme apoyado viajando conmigo a Tijuana durante más de 3 años, por su cariño, por su amor y su paciencia.

A mi esposo por su invaluable apoyo, amor y confianza.

## Agradecimientos

A mi director Dr. Oscar Castillo López, por todo el apoyo académico que me brindo, por haber creído y confiado en mí, y por su infinita paciencia.

Al Dr. Antonio Rodríguez Díaz por sus consejos muy oportunos en el momento preciso.

A mis amigos Nohé Cazares y Selene Cárdenas por el apoyo que me brindaron y sobre todo por la amistad incondicional que me dieron.

A Juan Ramón Castro Rodríguez, por su amistad y por su apoyo académico.

A Olivia Mendoza Duarte por su invaluable amistad y apoyo.

A la UABC por el apoyo que me brindaron para realizar mis estudios de Doctorado a través de la beca Merito Escolar que me otorgaron al haber obtenido el grado de Maestro en Ingeniería con el mejor promedio a nivel estado.

## CONTENIDO

	<b>Página</b>
<b>Resumen español</b> .....	i
<b>Resumen inglés</b> .....	ii
<b>Dedicatorias</b> .....	iii
<b>Agradecimientos</b> .....	iv
<b>Contenido</b> .....	v
<b>Lista de Figuras</b> .....	vii
<b>Lista de Tablas</b> .....	ix
<b>Capítulo I. Introducción</b> .....	<b>17</b>
<b>Capítulo II. Conjuntos difusos tipo-1, tipo-2 y tipo-2 por intervalo...</b>	<b>25</b>
II.1 Conjuntos difusos tipo-1	
II.2 Conjuntos difusos tipo-2	
II.3 Conjuntos difusos tipo-2 por intervalo	
II.4 Variable lingüística	
II.5 Operaciones difusas	
II.6 Principio de extensión	
II.7 Relaciones difusas	
II.8 Razonamiento difuso	
<b>Capítulo III. Sistemas de inferencia difusos</b> .....	<b>44</b>
III.1 Definición	
<b>Capítulo IV. Automatas celulares</b> .....	<b>52</b>
IV.1 Antecedentes	
IV.2 Descripción	
IV.3 Condición de frontera	
IV.4 Variaciones	
IV.5 Aplicaciones	
<b>Capítulo V. Modelos de dinámica poblacional</b> .....	<b>59</b>

## CONTENIDO (continuación)

	<b>Página</b>
<b>Capítulo VI. Modelo celular difuso Tipo-1 para simular la dinámica de una población uni-especifica .....</b>	<b>76</b>
VI.1 Introducción	
VI.2 Estructura del modelo	
VI.3 Sistema de inferencia difusa Tipo-1	
VI.4 Resultados	
<b>Capítulo VII. Modelo celular difuso Tipo-2 por intervalo para simular la dinámica de una población uni-especifica.....</b>	<b>100</b>
VII.1 Introducción	
VII.2 Estructura del modelo	
VII.3 Sistema de inferencia difusa Tipo-2 por intervalo	
VII.4 Resultados	
<b>Capítulo VIII. Modelo celular difuso Tipo-2 por intervalo para simular la dinámica de una población estructurada.....</b>	<b>123</b>
VIII.1 Introducción	
VIII.2 Estructura del modelo	
VIII.3 Sistema de inferencia difusa Tipo-2 por intervalo	
VIII.4 Resultados	
<b>Capítulo IX. Modelo celular difuso depredador-presa aplicado al control de plagas.....</b>	<b>154</b>
IX.1 Introducción	
IX.2 Estructura del modelo	
IX.3 Caso de estudio	
IX.3 Sistema de inferencia difusa Tipo-1	
IX.4 Resultados	
<b>Conclusiones .....</b>	<b>186</b>
<b>Referencias .....</b>	<b>189</b>

## LISTA DE FIGURAS

<i>Figura</i>		<b>Página</b>
1	Funciones de membresía tipo-1.	26
2	Función de membresía tipo-2 generalizada y su FOU.	28
3	Función de membresía superior (UMF) y función de membresía inferior (LMF) son dos funciones de membresía tipo-1 que limitan la FOU de un conjunto difuso tipo-2 generalizado $\tilde{A}$ .	30
4	Estructura básica de un sistema de inferencia difuso tipo 1.	45
5	Estructura básica de un sistema de inferencia difuso tipo 2.	45
6	Modelo de crecimiento poblacional Logístico (Verlhust, 1838).	62
7	Segmento de crecimiento exponencial en Modelo de crecimiento poblacional Logístico de Verlhust (1838).	64
8	Modelos de supervivencia de una especie. Tipo I: especies con baja tasa de mortalidad. Tipo II: especies con tasa de mortalidad más o menos constante. Tipo III: especies con tasa de mortalidad elevada.	66
9	Dinámica de ciclos de límites estables (estabilidad neutra), que en ausencia de perturbación se mantienen en el tiempo. Si ocurre una perturbación que cambia los valores de presas y/o depredadores, se entra en un nuevo ciclo, de diferente amplitud.	70
10	Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos $R$ (recursos) y $K$ (población).	83

## LISTA DE FIGURAS

<i>Figura</i>		<b>Página</b>
11	Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos RR (tasa de reproducción), MR (tasa de mortalidad), ER (tasa de emigración) y CR (tasa de consumo de recursos).	85
12	Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47).	88
13	Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47). A) Dispersión de la población al inicio de la simulación. B) Dispersión de la población cuando esta alcanza su nivel de estabilidad. C) Dispersión de la población al final de la simulación.	89
14	Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47).	90
15	Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47). A) Dispersión de la población al inicio de la simulación. B) Dispersión de la población cuando esta alcanza su nivel de estabilidad. C) Dispersión de la población al final de la simulación.	91
16	Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47) y comparada contra el crecimiento de la población mostrado en las Figuras 3 y 5.	93
17	Crecimiento de la población descrito por el modelo (54) comparado contra el crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47).	95
18	Crecimiento de la población descrito por el modelo de Verlhust (55).	97

## LISTA DE FIGURAS

<i>Figura</i>		<b>Página</b>
19	Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo $\tilde{R}$ (recursos) y $\tilde{K}$ (población).	104
20	Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalos $\tilde{R}\tilde{R}$ (tasa de reproducción), $\tilde{M}\tilde{R}$ (tasa de mortalidad), $\tilde{E}\tilde{R}$ (tasa de emigración) y $\tilde{C}\tilde{R}$ (tasa de consumo de recursos).	106
21	Distribución de la población sobre el espacio celular usando el CASO-A.	110
22	<b>A)</b> Densidad de la población. <b>B)</b> Densidad promedio de la población. Comparación entre la trayectoria <b>C)</b> y la trayectoria presentada en la Figura del capítulo VI.	111
23	Distribución de la población sobre el espacio celular usando el CASO-B.	113
24	<b>A)</b> Densidad de la población. <b>B)</b> Densidad promedio de la población. Comparación entre la trayectoria <b>C)</b> y la trayectoria presentada en la Figura del capítulo VI.	114
25	<b>A)</b> Densidad de la población. <b>B)</b> Densidad promedio de la población. Comparación entre la trayectoria <b>C)</b> y la trayectoria presentada en la Figura del capítulo VI.	116
26	<b>A)</b> Densidad de la población. <b>B)</b> Densidad promedio de la población. Comparación entre la trayectoria <b>C)</b> y la trayectoria presentada en la Figura del capítulo VI.	118
27	Comparación entre la población promedio generada bajo las condiciones iniciales clasificadas en los cuatro casos de estudio.	120
28	Comparación entre la población promedio generada por los modelos T1-FCM y IT2-FCM bajo las condiciones iniciales clasificadas en los cuatro casos de estudio.	121

## LISTA DE FIGURAS

<i>Figura</i>		<b>Página</b>
29	Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo $\tilde{R}$ (recursos) y $\tilde{K}$ (población).	131
30	Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo $\widetilde{ANR}$ (tasa de natalidad de la población adulta) y $\widetilde{AMR}$ (tasa de mortalidad de la población adulta).	134
31	Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo $\widetilde{JMR}$ (tasa de mortalidad de la población juvenil) y $\widetilde{CMR}$ (tasa de mortalidad de la población chica).	134
32	Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo $\widetilde{AER}$ (tasa de emigración de la población adulta) y $\widetilde{RCR}$ (tasa de consumo de recursos).	136
33	Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO A con muchos individuos en el tamaño inicial de la población.	141
34	Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO A con pocos individuos en el tamaño inicial de la población.	142
35	Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO B con muchos individuos en el tamaño inicial de la población.	143
36	Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO B con pocos individuos en el tamaño inicial de la población.	144

## LISTA DE FIGURAS

<i>Figura</i>		<b>Página</b>
37	Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO C con muchos individuos en el tamaño inicial de la población.	145
38	Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO C con pocos individuos en el tamaño inicial de la población.	146
39	Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO D con muchos individuos en el tamaño inicial de la población.	147
40	Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO D con pocos individuos en el tamaño inicial de la población.	148
41	Densidad total de pájaros generada por el modelo (73) y (77)-(79) usando los cuatro casos de estudio.	149
42	Población generada usando el modelo (88) bajo diferentes valores para $r$ (tasa de crecimiento) and $K$ (capacidad de carga)	151
43	Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 $h$ ( <i>Frankliniella</i> ).	162
44	Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 $p$ ( <i>Orius</i> ).	162
45	Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 OMR (tasa de mortalidad de la especie <i>Orius</i> ).	164

## LISTA DE FIGURAS

<i>Figura</i>		<b>Página</b>
46	Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 FMR (tasa de mortalidad de la especie <i>Frankliniella</i> ).	164
47	Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 ONR (tasa de natalidad de la especie <i>Orius</i> ).	165
48	Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 FNR (tasa de natalidad de la especie <i>Frankliniella</i> ).	165
49	Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 OER (tasa de emigración de la especie <i>Orius</i> ).	166
50	Densidades de presas y depredadores generadas por el modelo (IX.6).	168
51	Líneas cerradas formadas por las densidades de presas y depredadores generadas por el modelo (IX.6).	169
52	Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 20 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 10% del área total (ver Tabla XIII).	172
53	Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 10% del área total, 20 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula (ver Tabla XIII).	172
54	Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 70 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 10% del área total (ver Tabla XIII).	173

## LISTA DE FIGURAS

<i>Figura</i>		<b>Página</b>
55	Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 10% del área total, 70 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula (ver Tabla XIII).	173
56	Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 20 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 20% del área total (ver Tabla XIV).	175
57	Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 20% del área total, 20 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula (ver Tabla XIV).	175
58	Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 70 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 20% del área total (ver Tabla XIV).	176
59	Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 20% del área total, 70 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula (ver Tabla XIV).	176
60	Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 20 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 30% del área total (ver Tabla XV).	178
61	Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 30% del área total, 20 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula (ver Tabla XV).	178

## LISTA DE FIGURAS

<i>Figura</i>		<b>Página</b>
62	Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 70 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 30% del área total (ver Tabla XV).	179
63	Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 30% del área total, 70 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula (ver Tabla XV).	179
64	Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 20 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 100% del área total (ver Tabla XVI).	181
65	Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 100% del área total, 20 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula (ver Tabla XVI).	181
66	Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 70 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 100% del área total (ver Tabla XVI).	182
67	Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 100% del área total, 70 <i>Orius</i> por célula and entre 30 y 40 <i>Frankliniella</i> por célula (ver Tabla XVI).	182

## LISTA DE TABLAS

Tabla		Página
I	Operaciones de conjuntos difusos Tipo-1.	33
II	Operaciones de conjuntos difusos Tipo-2 generalizados.	34
III	Operaciones de conjuntos difusos Tipo-2 por intervalo.	35
IV	Operaciones con relaciones difusas binarias tipo-1.	38
V	Operaciones con relaciones difusas binarias tipo-2 generalizadas.	39
VI	Operaciones con relaciones difusas binarias tipo-2 por intervalo.	40
VII	Intervalos de tiempo promedio de interacción en la estabilidad. A) Modelo (44)–(47). B) Modelo (54). C) Modelo de Verlhust (55).	98
VIII	Casos de estudio.	108
IX	Intervalos de tiempo promedio donde la población permanece en su nivel de estabilidad.	122
X	Combinación formada por los estados de las variables de entrada y las variables de salida. *Los estados tomados por las variables de salida JMR y CMR de acuerdo al ciclo de vida de los pájaros. Mode es una abreviación de Moderado.	139
XI	Condiciones iniciales clasificadas en cuatro casos de estudio. Ran y Uni significan aleatoria y uniforme respectivamente.	140
XII	Intervalos de tiempo promedio en donde el crecimiento de la población de pájaros es estable.	150

## LISTA DE TABLAS (continuación)

Tabla		Página
XIII	Daño sobre el cultivo de plantas de pimientos causado por la plaga, considerando el área contaminada del 10% del área total al inicio de la producción.	170
XIV	Daño sobre el cultivo de plantas de pimientos causado por la plaga, considerando el área contaminada del 20% del área total al inicio de la producción.	174
XV	Daño sobre el cultivo de plantas de pimientos causado por la plaga, considerando el área contaminada del 30% del área total al inicio de la producción.	177
XVI	Daño sobre el cultivo de plantas de pimientos causado por la plaga, considerando el área contaminada del 100% del área total al inicio de la producción.	180
XVII	Cultivo cosechado de acuerdo al área afectada por la plaga.	184

## Capítulo I

---

### Introducción

---

La dinámica de poblaciones es la especialidad de la ecología que se ocupa del estudio de los cambios que sufren las poblaciones biológicas en cuanto a tamaño, dimensiones físicas de sus miembros, estructura de edad y sexo, y otros parámetros que las definen, así como de los factores que causan esos cambios y los mecanismos por los que se producen.

La dinámica de poblaciones es el principal objeto de la biología matemática en general y de la ecología de poblaciones en particular. Tiene gran importancia en la gestión de los recursos biológicos, como las pesquerías, en la evaluación de las consecuencias ambientales de las acciones humanas y también en campos de la investigación médica relacionados con las infecciones y la dinámica de las poblaciones celulares.

El crecimiento poblacional es un fenómeno biológico y natural que está íntimamente ligado con aquella característica principal de la materia viva conocida como la capacidad reproductiva de los seres vivos. Es decir, el hecho de que una población llegue, con el tiempo, a saturar una determinada área geográfica, además de haber agotado todos los recursos que éste le pueda brindar, no es otra cosa que la manifestación de la ley natural de la vida, la cual determina la

existencia de las cosas. La población se enfrenta a las condiciones favorables o desfavorables que el medio (desconocido) le ofrece, pudiendo adaptarse o no a dichas condiciones. Las consecuencias de la incapacidad de adaptación que presente la población pueden manifestarse de dos maneras: la extinción de la especie o la migración definitiva de la población. En el proceso de adaptación se produce la muerte de aquellos individuos que no presentan las condiciones adecuadas para enfrentarse a las adversidades del nuevo medio, es decir, se da el proceso de la selección natural.

Altas tasas de crecimiento pueden hacer que las poblaciones fluctúen cíclicamente o impredeciblemente (May 1974; Godoy *et al.* 2001). Así, las fluctuaciones en el tamaño de la población pueden ser caóticas, esto es, aparentemente aleatorias, pero estrictamente determinísticos. Sin embargo, las fluctuaciones en el tamaño de la población son sumamente sensibles a condiciones iniciales; pequeñas diferencias en los valores iniciales llevan a diferencias muy grandes en las futuras fluctuaciones del tamaño de la población, lo cual hace imposible predicciones (Edelstein-Keshet 1988). Además de estas conclusiones sobre la dinámica de las poblaciones, Renshaw (1991) reconoció completamente que el medio ambiente tiene una dimensión espacial, los miembros de la población individual raramente se mezclan homogéneamente sobre el territorio disponible para ellos, pero si se desarrollan dentro de subregiones separadas. La interacción subsecuente entre estas subregiones, generada por la forma de emigración de los individuos o por la propagación de la infección de una enfermedad, puede variar desde local a

involucrar el área completa de estudio (Turchin 1998). A pesar de la gran importancia de estos encuentros, varios modelos asumen que las poblaciones son homogéneas, comprendiendo a todos los individuos interactuando con cada uno de ellos mismos, lo cual podría justificar el uso de valores promedios para las poblaciones completas. No obstante, es posible que muchas poblaciones locales difieran en sus tasas de crecimiento, considerando que el medio ambiente es heterogéneo (Hanski 1999; Harrison y Taylor 1997; Godoy y Costa 2005). Un entendimiento de los procesos que lleva a que las poblaciones fluctúen en un contexto meta poblacional con heterogeneidad ambiental, tan bueno como la persistencia y/o extinción, es relevante a muchas preguntas en la biología de poblaciones, tal como es la evolución de la historia de la vida, los sucesos de las especies colonizando, y el manejo de las especies peligrosas (Hanski 1999). Las causas de extinción podrías ser relacionadas a varios factores: procesos demográficos, tales como fluctuaciones aleatorias en tasas de nacimientos y muertes y proporción del sexo; los cambios estacionales y otros cambios en el medio ambiente, incluyendo la depredación y la competencia; catástrofes, erupción de enfermedades, y problemas genéticos, incluyendo la acumulación de mutaciones deletéreas o la pérdida de la variación adaptativa (Lawton y May 1996).

El objetivo central en biología de poblaciones es entender las fluctuaciones temporales en el tamaño de las poblaciones (Berryman 1999). Tales fluctuaciones aparentemente exhiben comportamientos cíclicos o dinámicas más complejas

expresados por oscilaciones aleatorias (Cushing *et al.* 2003). Niveles de variación podrían estar en un rango de pequeños a grandes porcentajes de magnitud cuando estas son analizadas por modelos determinísticos o estocásticos, o aun si son investigados directamente de los datos empíricos (Cushing *et al.* 2003). La descripción de dinámicas complejas determinísticas en modelos poblacionales ha llegado a ser muy importante en años recientes porque esta ha indicado efectos sorprendentes sobre el encendido de varios procesos biológicos (May 1974, 1975, 1995).

Modelos de dinámica de población son aplicados en ecología, epidemiología y enfermedades infecciosas, genética, fisiología, inmunología y crecimiento de cáncer. Ellos han llegado a ser cada vez más importantes en casi todas las ramas de la biología, en las cuales se produce grandes cantidades de datos que demandan de un análisis matemático y modelación. Usando modelos matemáticos es posible analizar las poblaciones a varios niveles, incluso las células, los genes y las bio-moléculas. Algunos biólogos encuentran que los modelos matemáticos son absolutamente esenciales para la investigación en la biología moderna. La matemática proporciona un espectro ancho de métodos para estudiar la dinámica de la población: ecuaciones diferenciales, la teoría de la probabilidad, sistemas dinámicos, matemáticas discretas, etc.

La distribución espacial de diferentes poblaciones tiene un efecto profundo sobre sus dinámicas así como también sobre su medio ambiente. Modelos

espacialmente explícitos son una herramienta muy importante en la Ecología. Estos modelos incluyen dos diferentes escalas espaciales: la vecindad local y el medio ambiente global. Entre estos, se encuentran los autómatas celulares (AC), los cuales permiten visualizar la evolución de la dinámica espacial de las poblaciones y analizar las estrategias de las especies en respuesta a los cambios del medio ambiente (Wolfram 2002; Cipra 2002). En particular, ellos permiten no solamente estimar el porcentaje de ocupación sobre el espacio celular cuando una especie alcanza su nivel de equilibrio estable sino también a observar los patrones de ocupación. Una interesante característica de los AC es la posibilidad de incluir heterogeneidad espacial del medio ambiente de una manera simple. Una herramienta estándar para ligar la heterogeneidad espacial a la dinámica de las poblaciones es la definición de los índices de calidad del medio ambiente. Estos índices pueden ser definidos por la disponibilidad de diferentes recursos del medio ambiente.

Las reglas locales de los autómatas celulares clásicos son todas ellas evaluadas de manera booleana, pero la descripción para muchos modelos actuales son inciertos, por ejemplo, en el modelo de expansión del fuego, la gente debe considerar la velocidad y la dirección del viento, etc. Tales condiciones son difíciles de contar usando datos evaluados booleanamente, sin embargo el lenguaje difuso podría ser usado. Un conjunto difuso expresa el grado de verdad no-determinista impreciso con el que un elemento pertenece al conjunto (Zadeh, 1988). La función característica de un conjunto difuso puede tener valores entre 0

y 1, lo cual denota el grado de membresía de un elemento a un conjunto dado (Capítulo II).

La heterogeneidad espacial del medio ambiente incluida sobre un autómata celular determina diferentes estados de los recursos del medio ambiente. Por lo tanto, las tasas de crecimiento de las poblaciones varían en el tiempo y en el espacio. Esta condición en los modelos de poblaciones genera una nueva manera de simular sus dinámicas, pues a través de los sistemas de inferencia difusa (Capítulo III) es posible evaluar los efectos que el medio ambiente produce sobre las fluctuaciones en el tamaño de las poblaciones.

A la combinación de los AC y la lógica difusa, comúnmente se le llama autómatas celulares difusos, los cuales consideran aspectos inciertos. No existe una definición aceptada de autómata celular difuso (Zun-Quan and Fang-Fang, 2004; Salem, 2004). Sin embargo, nosotros introducimos la estructura de un autómata celular difuso (FCA) en un modelo poblacional para simular su dinámica (ver capítulo V).

El objetivo de este trabajo es contribuir con el estudio sobre las fluctuaciones en el tamaño de las poblaciones, introduciendo nuevos modelos matemáticos aproximados que puedan representar a una mayoría de poblaciones, tal que puedan ser evaluados como un conjunto de modelos que generalizan la dinámica de muchas poblaciones. Es por esto que hemos construido modelos poblacionales

basados en autómatas celulares difusos, en los cuales hemos considerado a las poblaciones uniespecíficas y estructuradas por edad, también construimos el modelo poblacional tipo depredador-presa basado en autómatas celulares difusos.

En el capítulo II presentamos la teoría de los conjuntos difusos tipo-I, tipo-II, y por intervalos. Subsecuentemente, en el capítulo III presentamos el diseño de los sistemas de inferencia difusa basados en conjuntos difusos tipo-I, tipo-II y por intervalos. En capítulo IV, hacemos una descripción sobre la teoría de los autómatas celulares y su aplicación en los modelos de dinámica de poblaciones. En el capítulo V, presentamos la evolución de los modelos poblacionales más importantes hasta la fecha, sus extensiones y derivaciones a lo largo de la historia, y sus modificaciones estructuradas en la teoría de los autómatas celulares y los conjuntos difusos. En el capítulo VI, se diseña un modelo celular difuso para simular la dinámica de una población uni-específica. Un sistema de inferencia difusa Tipo-1 mandani usando t-norma y s-norma (Capítulo III), a través de la toolbox desarrollada por (Castro-Rodríguez *et al.* 2008) bajo el ambiente de Matlab, evalúa los efectos que provoca los cambios del medio ambiente sobre el tamaño de la población. En el capítulo VII un sistema de inferencia difusa tipo-2 por intervalos de Mandani usando T-norm (min) y S-norm(max), a través de la toolbox desarrollada por (Castro-Rodríguez *et al.* 2008) bajo el ambiente de Matlab, evalúa los efectos que provoca los cambios del medio ambiente sobre el tamaño de la población, usando el modelo poblacional construido en el capítulo VI. En este mismo capítulo, hacemos una comparación sobre la representatividad que

tiene el modelo usando diferentes sistemas de inferencia difusa. En el capítulo XIII, nosotros presentamos un nuevo modelo de crecimiento poblacional estructurada por edad para simular la dinámica de una cierta especie de pájaros. Un sistema de inferencia difusa tipo-2 por intervalo evalúa el efecto causado por el medio ambiente sobre la población y determina cuantos individuos de una clase de edad mueren, se mueven a la siguiente clase de edad, cuantos nuevos individuos nacerán de los miembros de la clase de edad reproductiva. Nuestro modelo provee un marco de trabajo para predecir la población futura de una especie pájaros en cada estadio. Capítulo IX nosotros formulamos un modelo celular difuso tipo depredador-presa para estudiar el control de plagas en un cultivo de pimientos, el cual es definido usando las ecuaciones diferenciales que caracterizan el modelo Lotka-Volterra, pero expresado en términos de una estructura celular difusa más términos de emigración e inmigración para los depredadores. Obtuvimos una caracterización del modelo celular difuso tipo depredador-presa usando sistemas de inferencia difusa tipo-1 para evaluar los parámetros definidos en el modelo como coeficientes de cambio. Esta caracterización nos permite evaluar la eficiencia de la depredación producida por el cálculo de la introducción de enemigos naturales (*Orius* especie) para atacar especies dañinas (*Frankliniella* especie).

## Capítulo II

---

### Conjuntos Difusos Tipo-1, Tipo-2 y Tipo-2 por Intervalos

---

Los conjuntos difusos fueron introducidos por Zadeh (1965) and Zadeh (1973) para procesar / manipular información y datos afectados de imprecisión / incertidumbre no probabilística. Fueron diseñados para representar matemáticamente la vaguedad e incertidumbre en lingüística; proporcionando las herramientas formalizadas para trabajar con la imprecisión intrínseca en muchos problemas.

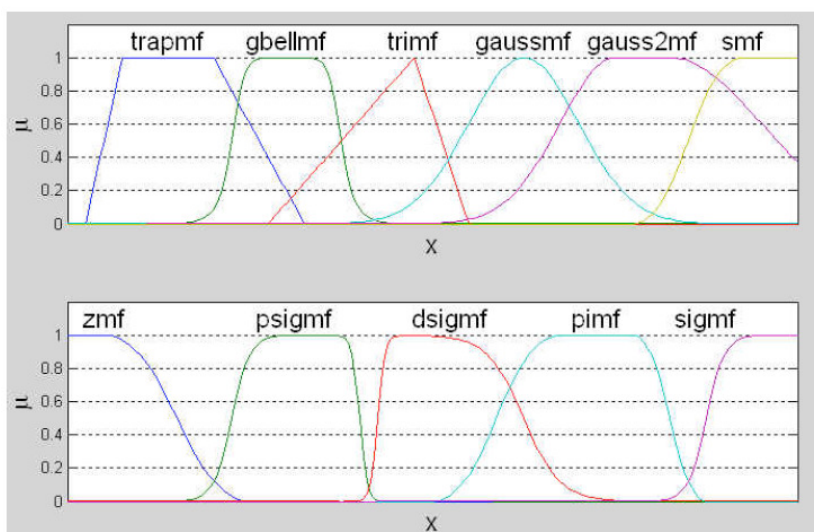
#### II.1 Conjuntos difusos tipo-1

Un conjunto difuso tipo-1 expresa el grado de verdad no-determinista impreciso con el que un elemento pertenece al conjunto (Zadeh, 1988). La función característica de un conjunto difuso puede tener valores entre 0 y 1, lo cual denota el grado de membresía de un elemento a un conjunto dado. Si  $X$  es una colección de objetos denotados por  $x$ , entonces si  $A$  es un conjunto difuso tipo-1 en  $X$ , se define como un conjunto de pares ordenados:

$$A = \{(x, \mu_A(x)) | x \in X\} \quad (1)$$

donde,  $\mu_A(x)$ , es llamada la función de membresía para el conjunto difuso tipo-1,  $A$ . La función de membresía mapea cada elemento de  $X$  a un grado de membresía

entre 0 y 1. La construcción de un conjunto difuso depende de la identificación de un universo conveniente y la especificación de una función de membresía con el significado lingüístico apropiado. Las funciones de membresía más frecuentes son la función de tipo trapezoidal, triangular, gaussiana, campana generalizada, singleton, etc. (Figura 1).



**Figura 1.** Funciones de membresía tipo-1.

La especificación de las funciones de membresía es “subjetiva”, ya que pueden variar dependiendo del diseñador. Es por esto, que la “subjetividad” y “no-aleatoriedad” de los conjuntos difusos es la principal diferencia entre el estudio de conjuntos difusos y la teoría de probabilidad. Una forma alternativa para denotar a un conjunto difuso es

$$A = \left\{ \sum_{x \in X} \mu_A(x_i) / x_i \right\} \quad (2)$$

si  $X$  es una colección de objetos discretos, y

$$A = \left\{ \int_{x \in X} \mu_A(x_i)/x_i \right\} \quad (3)$$

si  $X$  es un espacio continuo.

## II.2 Conjuntos difusos tipo-2

Un conjunto difuso tipo-2 expresa el grado de verdad no-determinista con imprecisión e incertidumbre con el que un elemento pertenece al conjunto (Karnik and Mendel, 1998; Zadeh, 1996). Un conjunto difuso tipo-2, denotado por  $\tilde{A}$ , esta caracterizado por una función de membresía tipo-2  $\mu_{\tilde{A}(x,u)}$ , donde  $x \in X$ ,  $u \in J_x^u \subseteq [0,1]$  y  $0 \leq \mu_{\tilde{A}(x,u)} \leq 1$

$$\tilde{A} = \{(x, \mu_{\tilde{A}}(x)) | x \in X\} = \left( (x, u, \mu_{\tilde{A}(x,u)}) \middle| \forall x \in X, \forall u \in J_x^u \subseteq [0,1] \right) \quad (4)$$

Si  $A$  es continuo se denota por

$$\begin{aligned} \tilde{A} &= \left\{ \int_{x \in X} \mu_{\tilde{A}}(x)/x \right\} = \left\{ \int_{x \in X} \int_{u \in J_x^u \subseteq [0,1]} \mu_{\tilde{A}}(x, u)/(x, u) \right\} \\ &= \left\{ \int_{x \in X} \left[ \int_{u \in J_x^u \subseteq [0,1]} f_x(u)/u \right] / x \right\} \end{aligned} \quad (5)$$

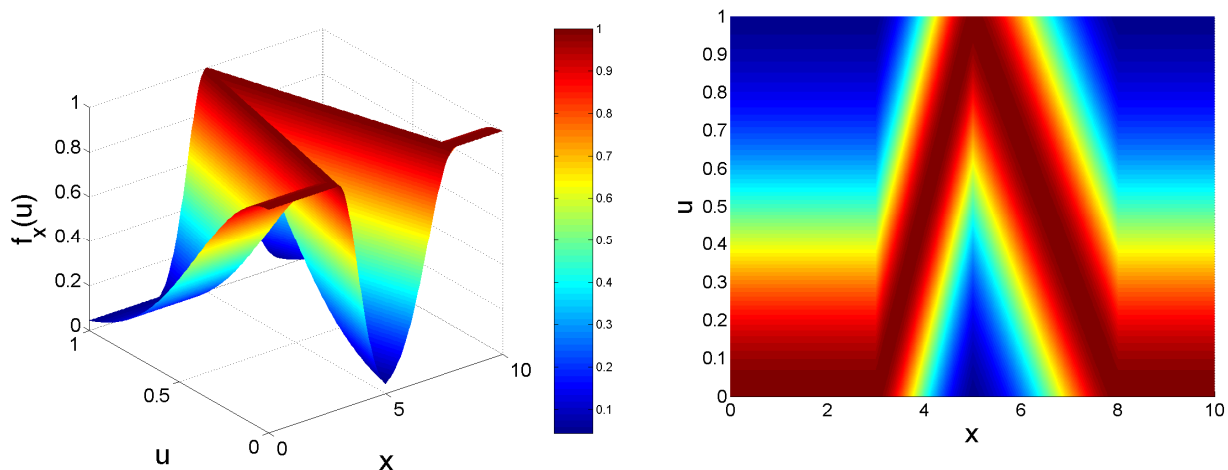
donde  $\cup$  denota la unión de  $x$  y  $u$ . Si  $\tilde{A}$  es discreto se denota por

$$\tilde{A} = \left\{ \sum_{x \in X} \mu_{\tilde{A}}(x)/x \right\} = \left\{ \sum_{x \in X} \sum_{u \in J_x^u \subseteq [0,1]} \mu_{\tilde{A}}(x, u)/(x, u) \right\} = \left\{ \sum_{x \in X} \left[ \sum_{u \in J_x^u \subseteq [0,1]} f_x(u)/u \right] / x \right\}$$

o

$$\tilde{A} = \left\{ \sum_{x \in X} \mu_{\tilde{A}}(x)/x \right\} = \left\{ \sum_{i=1}^N \left[ \sum_{k=1}^{M_i} f_{x_i}(u_{ik})/u_{ik} \right] / x_i \right\} \quad (6)$$

donde  $\sum$  denota la unión de  $x$  y  $u$ . Las funciones de membresía tipo-2 generalizadas  $\mu_{\tilde{A}}(x, u)$  se parametrizan con una función de membresía primaria tipo-1 y funciones secundarias tipo-1  $f_x(u)$  para definir la huella de incertidumbre (FOU). La Figura 2 muestra un conjunto difuso tipo-2 generalizado donde el grado de membresía para cada punto es un conjunto difusos tipo-1 en  $[0,1]$ .

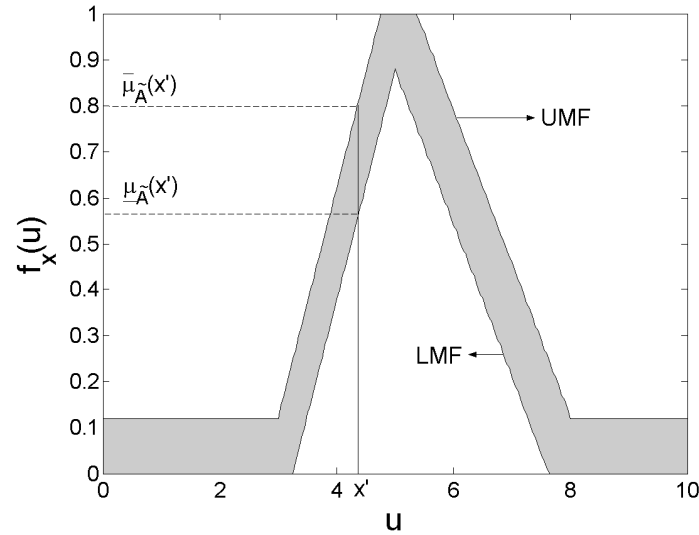


**Figura 2.** Función de membresía tipo-2 generalizada y su FOU.

Desafortunadamente los conjuntos difusos tipo-2 generalizados son más difíciles de usar y de entender que los conjuntos difusos tipo-1. Estos son conjuntos tridimensionales y su uso es computacionalmente complicado.

### **II.3 Conjuntos difusos tipo-2 por intervalos**

Cuando el dominio de una función de membresía secundaria limita una región (llamada la huella de incertidumbre) cuyos grados secundarios son todos iguales a uno, el resultado es una función de membresía tipo-2 por intervalo (Mamdani, 1976), la cual es expresada por una función de membresía inferior  $\underline{\mu}_{\tilde{A}}$  y una función de membresía superior  $\overline{\mu}_{\tilde{A}}$  y puede ser dibujada en dos dimensiones el lugar de tres (Figura 3). Por lo tanto, cuando un conjunto difuso tipo-2 es caracterizado por una función de membresía tipo-2 por intervalo, este es llamado conjunto difuso tipo-2 por intervalo (Mamdani, 1976).



**Figura 3.** Función de membresía superior (UMF) y función de membresía inferior (LMF) son dos funciones de membresía tipo-1 que limitan la FOU de un conjunto difuso tipo-2 generalizado  $\tilde{A}$ .

La notación de un conjunto difuso tipo-2 por intervalo y sus funciones de membresía asociadas (superior e inferior) es (Mamdani, 1976)

$$\tilde{A} = \{(x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [\underline{\mu}_{\tilde{A}}(x), \overline{\mu}_{\tilde{A}}(x)] \subseteq [0, 1]\}. \quad (7)$$

La función UMF está asociada con el límite superior de FOU ( $\tilde{A}$ ), y es denotada como

$$\overline{\mu}_{\tilde{A}}(x) \equiv \overline{FOU(\tilde{A})} \quad \forall x \in X. \quad (8)$$

La función LMF está asociada con el límite inferior de FOU( $\tilde{A}$ ), y es denotada como

$$\underline{\mu}_A(x) \equiv \overline{FOU(\tilde{A})} \quad \forall x \in X. \quad (9)$$

Los conjuntos difusos tipo-2 por intervalos no son computacionalmente tan complicados como los conjuntos difusos tipo-2 generalizados. El termino de la FOU es muy útil, porque este no solamente enfoca nuestra atención sobre la incertidumbre inherente en una función de membresía tipo-2 específica cuya forma es una consecuencia directa de la naturaleza de esa incertidumbre, sino que también provee una descripción verbal muy conveniente del dominio de soporte para todos los grados secundarios de una función de membresía tipo-2 (Mamdani, 1976; Takagi and M. Sugeno, 1985).

## II.4 Variable lingüística.

Se denomina variable lingüística a aquella que puede tomar por valor, términos del lenguaje natural, como mucho, poco, positivo, negativo, etc., que son las palabras que desempeñan el papel de etiquetas en un conjunto difuso (Zadeh, 1975). En términos más formales, una variable lingüística se define por una tupla  $(A, T(A), U, G, M)$ , donde  $A$  es el nombre de la variable,  $T(A)$  es el conjunto de términos que puede tomar  $A$ . Estos términos son conjuntos difusos en  $U$ . El conjunto de valores numéricos que puede tomar para una variable discreta, o el rango de valores posibles para una continua, es lo que se conoce como el universo de discurso de la variable  $A$ , y se nombra como  $U$ .  $G$  es una regla sintáctica para la generación de

los nombres de los valores de  $x$ , y  $M$  es una regla semántica para asociar un significado a cada valor.

Dada una variable  $X$ , definida en un rango  $[a, b]$ , es posible establecer en ella diversas particiones. Se conoce por partición a un conjunto de los conjuntos difusos que se ha definido para la variable  $X$ . Una partición de  $X$  es uno de los subconjuntos que pueden formarse con los elementos de  $T(X)$ . Así, para la variable estatura una posible partición sería la correspondiente a tres subconjuntos difusos, cada uno identificado por una etiqueta {Bajo, Medio, Alto}, y una función de pertenencia  $\{\mu_{Bajo}(x), \mu_{Medio}(x), \mu_{Alto}(x)\}$ . Si para todos los valores posibles del universo ( $U$ ) existe en la partición un conjunto con pertenencia no nula (es decir, los conjuntos definidos cubren todo  $U$ ), entonces es una partición es completa. Dos conjuntos difusos están solapados si su intersección es no nula. El solapamiento de un conjunto difuso es la relación del número de elementos que comparte con otros conjuntos de la misma partición, respecto del número total de elementos que lo forman.

## **II.5 Operaciones difusas.**

A los subconjuntos difusos se les puede aplicar determinados operadores, o bien pueden realizarse operaciones entre ellos (Zadeh, 1988; Mendel, 2001). Al aplicar un operador sobre un solo conjunto difuso se obtiene otro conjunto difuso; de la misma manera al combinar dos o más subconjuntos mediante alguna operación,

se obtendrá otro conjunto. Sean los subconjuntos difusos identificados por las etiquetas A y B, asociados a una variable lingüística, para ellos pueden definirse tres operaciones básicas: complemento, unión e intersección (Tablas I, II, III). Un modificador lingüístico denotado por  $\int_X \mu_A^\alpha(x)/x$  donde  $\alpha$  es real, es un operador unario que se aplica a conjuntos difusos y permiten formalizar el tipo de modificadores sobre un mismo término en el lenguaje común, como por ejemplo “muy” (CON), “más o menos” (DIL), “mas” y “menos” (Tabla I).

**Tabla I.** Operaciones de conjuntos difusos Tipo-1.

Nombre	Operador	Operación
Unión	$\cup, \vee$	$\tilde{A} \cup \tilde{B} = \{(x, \max(\mu_{\tilde{A}}(x), \mu_{\tilde{B}}(x))) \mid x \in X\}$
Intersección	$\cap, \wedge$	$\tilde{A} \cap \tilde{B} = \{(x, \min(\mu_{\tilde{A}}(x), \mu_{\tilde{B}}(x))) \mid x \in X\}$
Negación	$\neg$	$\neg \tilde{A} = \{(x, 1 - \mu_{\tilde{A}}(x)) \mid x \in X\}$
Concentración	CON	$CON(\tilde{A}) = \{(x, \mu_{\tilde{A}}^2(x)) \mid x \in X\}$
Dilatación	DIL	$DIL(\tilde{A}) = \{(x, \mu_{\tilde{A}}^{1/2}(x)) \mid x \in X\}$

Las funciones correspondientes a la definición de la unión y la intersección pueden generalizarse (Dubois.and Prade, 1980; Mizumoto.and Tanaka, 1976). Las funciones que cumplen estas condiciones se conocen como S-norma (generaliza el concepto de unión), T-norma (generaliza el concepto de intersección)

(Dubois and Prade, 1980; Mizumoto and Tanaka, 1976). Castro-Rodríguez *et al.* (2006) presenta una descripción detallada de estas funciones.

**Tabla II.** Operaciones de conjuntos difusos Tipo-2 generalizados.

Nombre	Operador	Operación
Unión	$\sqcup = \text{join}$	$\tilde{A} \sqcup \tilde{B} = \left\{ \int_{x \in X} \mu_{\tilde{A}}(x) \sqcup \mu_{\tilde{B}}(x) / x \right\}$ $= \left\{ \int_{x \in X} \left[ \int_{u \in J_x^u} \int_{w \in J_x^w} f_x(u) \tilde{*} g_x(w) / (u \vee w) \right] / x \right\}$
Intersección	$\sqcap = \text{meet}$	$\tilde{A} \sqcap \tilde{B} = \left\{ \int_{x \in X} \mu_{\tilde{A}}(x) \sqcap \mu_{\tilde{B}}(x) / x \right\}$ $= \left\{ \int_{x \in X} \left[ \int_{u \in J_x^u} \int_{w \in J_x^w} f_x(u) \tilde{*} g_x(w) / (u \wedge w) \right] / x \right\}$
Negación	$\neg$	$\neg \tilde{A} = \left\{ \int_{x \in X} \mu_{\neg \tilde{A}}(x) / x \right\} = \left\{ \int_{x \in X} \left[ \int_{u \in J_x^u} f_x(u) / (1 - u) \right] / x \right\}$

**Tabla III.** Operaciones de conjuntos difusos Tipo-2 por intervalo.

Nombre	Operador	Operación
Unión	$\sqcup = \text{join}$	$\tilde{A} \sqcup \tilde{B} = \left\{ \int_{x \in X} \mu_{\tilde{A}}(x) \sqcup \mu_{\tilde{B}}(x) / x \right\}$ $= \left\{ \int_{x \in X} \left[ \int_{\alpha \in [\underline{\mu}_{\tilde{A}}(x) \vee \underline{\mu}_{\tilde{B}}(x), \bar{\mu}_{\tilde{A}}(x) \vee \bar{\mu}_{\tilde{B}}(x)]} 1 / \alpha \right] / x \right\}$
Intersección	$\sqcap = \text{meet}$	$\tilde{A} \sqcap \tilde{B} = \left\{ \int_{x \in X} \mu_{\tilde{A}}(x) \sqcap \mu_{\tilde{B}}(x) / x \right\}$ $= \left\{ \int_{x \in X} \left[ \int_{\alpha \in [\underline{\mu}_{\tilde{A}}(x) \wedge \underline{\mu}_{\tilde{B}}(x), \bar{\mu}_{\tilde{A}}(x) \wedge \bar{\mu}_{\tilde{B}}(x)]} 1 / \alpha \right] / x \right\}$
Negación	$\neg$	$\neg \tilde{A} = \left\{ \int_{x \in X} \mu_{\neg \tilde{A}}(x) / x \right\} = \left\{ \int_{x \in X} \left[ \int_{\alpha \in [1 - \bar{\mu}_{\tilde{A}}(x), 1 - \underline{\mu}_{\tilde{A}}(x)]} 1 / \alpha \right] / x \right\}$

## II.6 Principio de extensión.

El principio de extensión permite convertir conceptos no difusos en difusos, siendo además la base de la inferencia en los sistemas difusos (Zadeh, 1975; Dubois.and Prade, 1980; Mizumoto.and Tanaka, 1976; Yagr, 1986).

Sean  $X_1, \dots, X_n$  universos de discurso, y  $f$  una función de  $X_1, \dots, X_n$ . Para los conjuntos difusos tipo-1  $A_1, \dots, A_n$  sobre  $X_1, \dots, X_n$  respectivamente, el principio de extensión define un conjunto difuso  $\tilde{B}$  en  $Y$  dado por

$$B = \left\{ \int_Y \mu_B(y)/y \right\}$$

(10)

donde

$$\mu_B(y) = \begin{cases} \min\{\mu_A(x_1), \dots, \mu_A(x_n)\} \\ 0 \text{ si } f^{-1}(y) = \emptyset \end{cases}$$

(11)

Es decir,  $\mu_B(y)$  es el máximo de  $\min\{\mu_A(x_1), \dots, \mu_A(x_n)\}$  para todos los  $(x_1, \dots, x_n) \in X_1, \dots, X_n$  que cumplen que  $f(x_1, \dots, x_n) = y$ , donde  $y \in Y$  y suponemos que  $f^{-1}(y)$  no es vacío. Si  $f^{-1}(y)$  es vacío para algún  $y \in Y$  entonces definiremos  $\mu_B(y) = 0$ .

**Zadeh (1975) and Zadeh (1988)** señaló que cualquier campo puede ser fuzzificado y generalizado reemplazando el concepto de conjunto duro en un campo fuente por el concepto de un conjunto difuso. Por ejemplo podemos fuzzificar algunos campos básicos tales como la aritmética, la teoría de grafos y la teoría de la probabilidad para desarrollar aritmética difusa, teoría de grafos difusos y teoría de probabilidad difusa, respectivamente; podemos también fuzzificar algunos campos aplicados tales como redes neuronales, algoritmos genéticos, teoría de estabilidad, reconocimiento de patrones y programación matemática para obtener redes neuronales difusas, algoritmos genéticos difusos, teoría de estabilidad difusa, reconocimiento de patrones difusos y programación matemática difusa,

respectivamente. Los beneficios de tal fuzzificación incluyen mayor generalidad, poder expresivo más alto, una habilidad elevada para modelar problemas del mundo real, y una metodología para explotar la tolerancia a la imprecisión.

## II.7 Relaciones difusas.

Una relación difusa tipo-1 n-aria es un conjunto difuso sobre un universo  $X_1 \times \dots \times X_n$ , se define como:

$$R = \left\{ \int_{X_1 \times \dots \times X_n} \mu_R(x_1, \dots, x_n) / (x_1, \dots, x_n) \mid (x_1, \dots, x_n) \in X_1 \times \dots \times X_n \right\} \quad (12)$$

o bien una relación difusa tipo-2 generalizada n-aria es:

$$\tilde{R} = \left\{ \int_{X_1 \times \dots \times X_n} \left[ \int_{\alpha \in J_{(x_1, \dots, x_n)}^\alpha [0,1]} r_{(x_1, \dots, x_n)}(\alpha) / \alpha \right] / (x_1, \dots, x_n) \mid (x_1, \dots, x_n) \in X_1 \times \dots \times X_n \right\} \quad (13)$$

o bien una relación difusa tipo-2 por intervalo n-aria es:

$$\tilde{R} = \left\{ \int_{X_1 \times \dots \times X_n} \left[ \int_{\alpha \in [\underline{\mu}_{\tilde{R}}(x_1, \dots, x_n), \overline{\mu}_{\tilde{R}}(x_1, \dots, x_n)] [0,1]} 1 / \alpha \right] / (x_1, \dots, x_n) \mid (x_1, \dots, x_n) \in X_1 \times \dots \times X_n \right\} \quad (14)$$

Los operadores más comunes de las relaciones difusas son la unión, intersección, complemento y composición (Zadeh, 1975; Liang and Mendel, 2000; Mendel, 2001; Wang 1994), estas se muestran en las Tablas IV, V y VI.

**Tabla IV.** Operaciones con relaciones difusas binarias tipo-1.

Nombre	Operador	Operación
Unión	$\cup, \vee$	$\tilde{R} \cup \tilde{S} = \left\{ \int_{X \times Y} \max(\mu_{\tilde{R}}(x, y), \mu_{\tilde{S}}(x, y)) / (x, y) \mid (x, y) \in X \times Y \right\}$
Intersección	$\cap, \wedge$	$\tilde{R} \cap \tilde{S} = \left\{ \int_{X \times Y} \min(\mu_{\tilde{R}}(x, y), \mu_{\tilde{S}}(x, y)) / (x, y) \mid (x, y) \in X \times Y \right\}$
Negación	$\neg$	$\neg \tilde{R} = \left\{ \int_{X \times Y} (1 - \mu_{\tilde{R}}(x, y)) / (x, y) \mid (x, y) \in X \times Y \right\}$
Composición	$\circ$	$\tilde{R} \circ \tilde{S} = \left\{ \int_{X \times Z} \sup_y (\mu_{\tilde{R}}(x, y) \tilde{*} \mu_{\tilde{S}}(y, z)) / (x, z) \mid (x, y) \in X \times Y, (y, z) \in Y \times Z \right\}$

Una relación difusa se puede construir a partir del producto cartesiano de conjuntos difusos. Sea  $A_1, \dots, A_n$  conjuntos difusos tipo-1 sobre los universos de discurso  $X_1, \dots, X_n$ ; el producto cartesiano n-aria sobre el espacio producto  $X_1 \times \dots \times X_n$  es una relación difusa tipo-1 n-aria definida por

$$A_1 \times \dots \times A_n = \left\{ \int_{X_1 \times \dots \times X_n} [\mu_{A_1}(x_1) \tilde{*} \dots \tilde{*} \mu_{A_n}(x_n)] / (x_1, \dots, x_n) \mid (x_1, \dots, x_n) \in X_1 \times \dots \times X_n \right\}$$

$$A_1 \times \dots \times A_n = \left\{ \int_{X_1 \times \dots \times X_n} \left[ \prod_{i=1}^n \mu_{A_i}(x_i) \right] / (x_1, \dots, x_n) \right\}$$

(15)

**Tabla V.** Operaciones con relaciones difusas binarias tipo-2 generalizadas.

Nombre	Operador	Operación
Unión	$\sqcup$	$\tilde{R} \sqcup \tilde{S} = \left\{ \int_{X \times Y} \mu_{\tilde{R}}(x, y) \sqcup \mu_{\tilde{S}}(x, y) / (x, y) \right\}$ $= \left\{ \int_{X \times Y} \left[ \int_{\alpha \in J_{(x,y)}^\alpha} \int_{\beta \in J_{(x,y)}^\beta} r_{(x,y)}(\alpha) \tilde{*} s_{(x,y)}(\beta) / (\alpha \vee \beta) \right] / (x, y) \right\}$
Intersección	$\sqcap$	$\tilde{R} \sqcap \tilde{S} = \left\{ \int_{X \times Y} \mu_{\tilde{R}}(x, y) \sqcap \mu_{\tilde{S}}(x, y) / (x, y) \right\}$ $= \left\{ \int_{X \times Y} \left[ \int_{\alpha \in J_{(x,y)}^\alpha} \int_{\beta \in J_{(x,y)}^\beta} r_{(x,y)}(\alpha) \tilde{*} s_{(x,y)}(\beta) / (\alpha \wedge \beta) \right] / (x, y) \right\}$
Negación	$\neg$	$\neg \tilde{R} = \left\{ \int_{X \times Y} \left[ \int_{\alpha \in J_{(x,y)}^\alpha \subseteq [0,1]} r_{(x,y)}(\alpha) / (1 - \alpha) \right] / (x, y) \right\}$
Composición	$\circ$	$\tilde{R} \circ \tilde{S} = \left\{ \int_{X \times Z} \left\{ \int_{y \in Y} [\mu_{\tilde{R}}(x, y) \sqcap \mu_{\tilde{S}}(y, z)] \right\} / (x, z) \right\}$

El producto cartesiano n-ario de conjuntos difusos tipo-2 generales  $\tilde{A}_1, \dots, \tilde{A}_n$  sobre el espacio  $X_1 \times \dots \times X_n$  se define como una relación n-aria tipo-2 generalizada

$$\tilde{A}_1 \times \dots \times \tilde{A}_n = \left\{ \int_{X_1 \times \dots \times X_n} \left[ \prod_{i=1}^n \mu_{\tilde{A}_i}(x_i) \right] / (x_1, \dots, x_n) \mid (x_1, \dots, x_n) \in X_1 \times \dots \times X_n \right\}$$

$$A_1 \times \dots \times A_n = \left\{ \int_{X_1 \times \dots \times X_n} \left[ \int_{x_1^{u_1} \times \dots \times x_n^{u_n} \in [0,1]} \left[ \prod_{i=1}^n f_{x_i}(u_i) \right] / \left( \bigwedge_{i=1}^n u_i \right) \right] / (x_1, \dots, x_n) \right\}$$

(16)

**Tabla VI.** Operaciones con relaciones difusas binarias tipo-2 por intervalo.

Nombre	Operador	Operación
Unión	$\sqcup$	$\tilde{R} \sqcup \tilde{S} = \left\{ \int_{X \times Y} \mu_{\tilde{R}}(x, y) \sqcup \mu_{\tilde{S}}(x, y) / (x, y) \right\}$ $= \left\{ \int_{X \times Y} \left[ \int_{\gamma \in [\underline{\mu}_R(x, y) \vee \underline{\mu}_S(x, y), \bar{\mu}_R(x, y) \vee \bar{\mu}_S(x, y)]} 1 / \gamma \right] / (x, y) \right\}$
Intersección	$\sqcap$	$\tilde{R} \sqcap \tilde{S} = \left\{ \int_{X \times Y} \mu_{\tilde{R}}(x, y) \sqcap \mu_{\tilde{S}}(x, y) / (x, y) \right\}$ $= \left\{ \int_{X \times Y} \left[ \int_{\gamma \in [\underline{\mu}_R(x, y) \wedge \underline{\mu}_S(x, y), \bar{\mu}_R(x, y) \wedge \bar{\mu}_S(x, y)]} 1 / \gamma \right] / (x, y) \right\}$
Negación	'	$-\tilde{R} = \left\{ \int_{X \times Y} \left[ \int_{\alpha \in [\underline{\mu}_R(x, y), \bar{\mu}_R(x, y)]} 1 / (1 - \alpha) \right] / (x, y) \right\}$ $= \left\{ \int_{x \in X} \left[ \int_{\gamma \in [1 - \bar{\mu}_R(x, y), 1 - \underline{\mu}_R(x, y)]} 1 / \gamma \right] / (x, y) \right\}$
Composición		$\tilde{R} \circ \tilde{S} = \left\{ \int_{X \times Z} \sqcup_{y \in Y} \left[ \mu_{\tilde{R}}(x, y) \sqcap \mu_{\tilde{S}}(y, z) \right] / (x, z) \right\}$ $= \left\{ \int_{X \times Z} \left[ \int_{\vartheta \in \left\{ \left[ \sup_y \left[ \underline{\mu}_R(x, y) \wedge \underline{\mu}_S(y, z) \right], \left[ \sup_y \left[ \bar{\mu}_R(x, y) \wedge \bar{\mu}_S(y, z) \right] \right] \right\}} 1 / \vartheta \right] / (x, z) \right\}$

Si los conjuntos fueran de tipo-2 por intervalo

$$\tilde{A}_1 \times \dots \times \tilde{A}_n = \left\{ \int_{X_1 \times \dots \times X_n} \left[ \prod_{i=1}^n \mu_{\tilde{A}_i}(x_i) \right] / (x_1, \dots, x_n) \right\}$$

$$A_1 \times \dots \times A_n = \left\{ \int_{X_1 \times \dots \times X_n} \left[ \int_{\vartheta \in \left[ \begin{array}{c} n \\ \tilde{*} \mu_{A_i}(x_i), \\ n \\ \tilde{*} \bar{\mu}_{A_i}(x_i) \end{array} \right]} 1 / \vartheta \right] / (x_1, \dots, x_n) \right\}$$

(17)

Una implicación difusa tipo-1 de  $A$  en  $X$  y  $B$  en  $Y$ , que se indica como  $A \rightarrow B$ , es una relación difusa tipo-1 en  $X \times Y$ , donde la función de pertenencia se evalúa normalmente por el operador T-norma.

$$A \rightarrow B = \left\{ \int_{X \times Y} \mu_{A \rightarrow B}(x, y) / (x, y) \right\} = \left\{ \int_{X \times Y} \mu_A(x) \tilde{*} \mu_B(y) / (x, y) \right\} \quad (18)$$

Si  $\tilde{A}$  en  $X$  y  $\tilde{B}$  en  $Y$  son conjuntos difusos de tipo-2 generalizados, entonces  $\tilde{A} \rightarrow \tilde{B}$  representa la relación difusa tipo-2 generalizada definida como:

$$\tilde{A} \rightarrow \tilde{B} = \left\{ \int_{X \times Y} \mu_{\tilde{A}}(x) \cap \mu_{\tilde{B}}(y) / (x, y) \right\} = \left\{ \int_{X \times Y} \left[ \int_{u \in J_y^u} \int_{w \in J_y^w} f_x(u) \tilde{*} g_y(w) / uw \right] / (x, y) \right\} \quad (19)$$

o bien si  $\tilde{A}$  en  $X$  y  $\tilde{B}$  en  $Y$  son conjuntos difusos de tipo-2 por intervalo, entonces  $\tilde{A} \rightarrow \tilde{B}$  representa la relación difusa tipo-2 por intervalo definida como:

$$\tilde{A} \rightarrow \tilde{B} = \left\{ \int_{X \times Y} \mu_{\tilde{A}}(x) \cap \mu_{\tilde{B}}(y) / (x, y) \right\} = \left\{ \int_{X \times Y} \left[ \int_{\gamma \in [\underline{\mu}_{\tilde{A}}(x) \tilde{*} \underline{\mu}_{\tilde{B}}(y), \overline{\mu}_{\tilde{A}}(x) \tilde{*} \overline{\mu}_{\tilde{B}}(y)]} 1/\gamma \right] / (x, y) \right\} \quad (20)$$

## II.8 Razonamiento difuso.

El conocimiento humano se expresa en términos de reglas difusas con la siguiente sintaxis:

**SI** <proposición difusa> **ENTONCES** <proposición difusa>

Los tipos de proposiciones difusas son **Atómicas**:  $x$  esta en  $A$ , donde  $A$  es una variable lingüística y  $x$  es un valor lingüístico; **Compuestas**:  $x$  esta en  $A$  y  $y$  esta en  $B$  o  $z$  no está en  $C$ , son una composición de proposiciones difusas atómicas con las conectivas “Y”, “O” y “NO” (“AND”, “OR”, “NOT”) representando intersección, unión y complemento difuso, respectivamente. En una proposición difusa compuesta pueden estar implicadas distintas variables. Las proposiciones difusas compuestas son relaciones difusas. La función de pertenencia de la regla SI-ENTONCES es una relación difusa que se determina mediante un operador de implicación difuso. Las reglas difusas combinan uno o más conjuntos difusos de entrada, llamados antecedentes, y les asocian un conjunto difuso de salida, llamado consecuentes. Los conjuntos difusos de los antecedentes se asocian mediante operadores difusos AND, OR, NOT y modificadores lingüísticos. Las reglas difusas permiten expresar el conocimiento que se dispone sobre la relación entre antecedentes y consecuentes. Para expresar este conocimiento de forma completa normalmente se dispone de varias reglas, que se agrupan formando una base de reglas, es decir, el conjunto de reglas que expresan las relaciones conocidas entre antecedentes y consecuentes. Las reglas difusas son básicamente de tipo

SI *<antecedentes>* ENTONCES *<consecuentes>*

y expresan una relación o proposición difusa. En lógica difusa el razonamiento es aproximado, esto quiere decir que se puede inferir de una regla una conclusión aunque el antecedente no se cumpla plenamente. Existen dos métodos básicos de

inferencia entre reglas o leyes de inferencia, Modus Ponens Generalizado (GMP) y Modus Tollens Generalizado (GMT), que representan extensiones o generalizaciones del razonamiento clásico (Zadeh, 1989; Karnik and Mendel, 1998; Liang and Mendel, 2000; Yager, 1983). Castro-Rodríguez *et al.* (2006) presenta una descripción y ejemplificación del razonamiento difuso tipo-1, razonamiento difuso tipo-2 generalizado y razonamiento tipo-2 por intervalos.

## Capítulo III

---

### Sistemas de inferencia difusos

---

#### III.1 Definición.

Un sistema de inferencia difuso es un sistema basado en reglas que usa lógica difusa, en vez de lógica Booleana, para analizar datos (Zadeh, 1988; Mendel, 2001; Yager, 1980). Su estructura básica incluye cuatro componentes principales (Figura 4 y Figura 5):

1. Fuzzificador. Traduce entradas (valores reales) a valores difusos.
2. Sistema de inferencia. Aplica un mecanismo de razonamiento difuso para obtener una salida difusa tipo-1 o tipo-2.
3. Defuzzificador/Reductor de tipo. El defuzzificador traduce una salida a valores precisos. El reductor de tipo transforma un conjunto difuso de tipo-2 a tipo-1.
4. Base de conocimientos. Contiene un conjunto de reglas difusas, conocidas como base de reglas, y un conjunto de funciones de membresía conocidas como la base de datos.

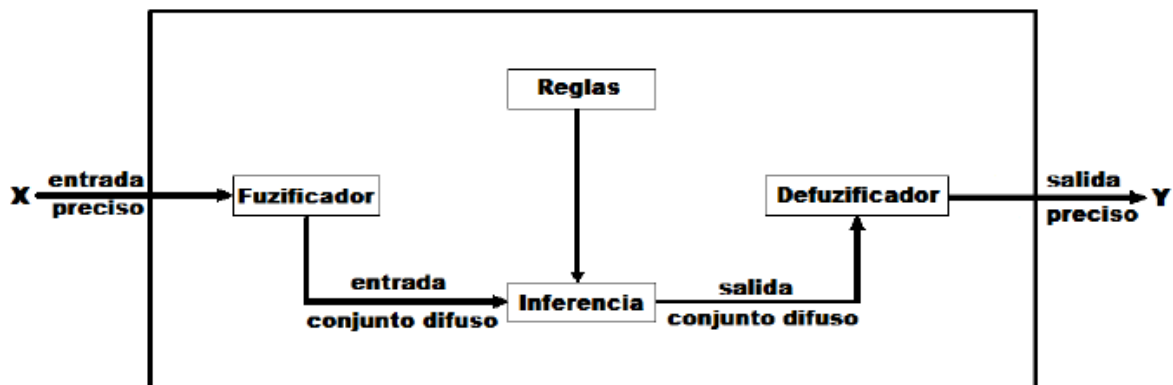


Figura 4. Estructura básica de un sistema de inferencia difuso tipo 1.

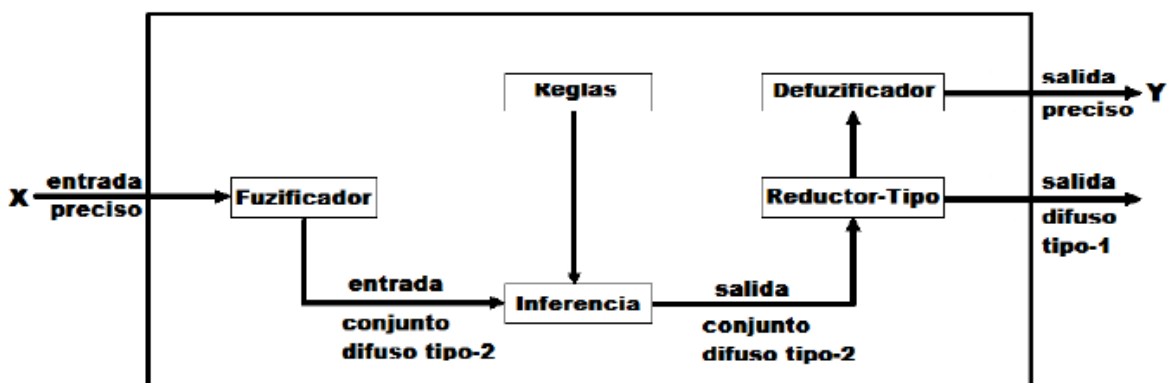


Figura 5. Estructura básica de un sistema de inferencia difuso tipo 2.

El proceso de toma de decisiones es realizado por un sistema de inferencia usando las reglas contenidas en la base de reglas. Las reglas definen la conexión entre variables difusas de entrada y salida. Una regla difusa tiene la forma:

**SI** <antecedente> **ENTONCES** <consecuente>,

donde *antecedente* es una expresión lógico-difusa compuesta de una o más expresiones difusas simples conectadas por operadores difusos, y *consecuente* es

una expresión que asigna valores difusos a las variables de salida. El sistema de inferencia evalúa todas las reglas en la base de reglas y combina los pesos de los consecuentes de todas las reglas relevantes en un solo conjunto difuso usando la operación agregación. Esta operación es análoga en la lógica difusa al operador S-norma.

El modelado difuso es la tarea de identificar parámetros de un sistema de inferencia difusa para poder obtener el comportamiento adecuado. Un modelo difuso es construido usando el conocimiento de una persona experta. Esta tarea es difícil cuando el conocimiento disponible es incompleto o cuando el problema del espacio es muy grande. La selección de variables relevantes y reglas adecuadas es crítico para la obtención de un buen sistema. Uno de los problemas más grandes con el modelado difuso es que los requerimientos computacionales aumentan exponencialmente con el número de variables.

En el modelado difuso, los parámetros son usualmente predefinidos por el diseñador basándose en la experiencia y en características del problema. Las opciones típicas para los mecanismos de razonamiento de Mamdani (Mendel, 2001; Mamdani, and Assilian, 1975, Mamdani, 1976; Mamdani, 1977), Takagi-Sugeno-Kang (Mendel, 2001; Sugeno, 1985; Sugeno and Kang , 1988; Takagi and Sugeno, 1985) y Tsukamoto (1979) son: model difuso tipo-1 de Mamdani usando T-norm (min) y S-norm(max), model difuso tipo-1 de Mamdani usando T-norm (prod) y S-norm(max), modelo difuso tipo-2 por intervalos de Mamdani usando T-

norm (min) y S-norm(max), modelo difuso tipo-2 por intervalos de Mamdani usando T-norm (prod) y S-norm(max), modelo difuso tipo-1 de Takagi-Sugeno-Kang usando T-norm (min o prod), modelo IT2FLS de Takagi-Sugeno-Kang usando T-norm (min o prod), modelo difuso tipo-1 de Tsukamoto usando T-norm (min o prod).

Para la defusificación de un sistema de lógica difusa tipo-1, existen 5 métodos: centroide (centroid), suma ponderada de áreas y centroides (center-of-sums) (Driankov *et al.* 1996), alturas (height) (Driankov *et al.* 1996; Wang, 1994; Wang, 1997), alturas modificado (modified height) (Mendel, 1995, Wang, 1994), suma ponderada de centroides (center-of-sets) (Sugeno and Yasakuwa, Karnik and Mendel 1998). Asimismo para los sistemas de lógica difusa tipo-2 se definen cinco técnicas de reducción de tipo: centroide, suma ponderada de aéreas y centroide, alturas, alturas modificado, suma ponderada de centroides (Mendel, 2001). En los casos particulares de sistemas difusos tipo-2 por intervalos se utilizan métodos de reducción-defusificación con menos complejidad que los métodos utilizados por los sistemas difusos tipo-2 generalizados (Mendel, 2001):

En general, el diseño de un sistema de lógica difusa está basado en el comportamiento de un sistema real. Se espera que el sistema de lógica difusa sea capaz de reproducir el comportamiento del sistema real. El método estándar para construir un sistema de lógica difusa tiene las siguientes características:

- a) La estructura de las reglas en un sistema de inferencia difusa hace fácil incorporar la experiencia humana acerca del sistema real directamente en el proceso de modelación. Esto es, la modelación difusa toma ventaja del conocimiento del dominio que no se puede emplear directamente en otros enfoques de modelación.
- b) Cuando los datos de entrada-salida de un sistema real están disponibles, se pueden aplicar técnicas convencionales de identificación de sistemas para modelación difusa. En otras palabras, el uso de datos numéricos juega un papel importante en modelación difusa, al igual que en otros métodos de modelación.

Conceptualmente la modelación difusa se puede lograr en dos etapas, que no son totalmente disjuntas. La primera etapa es la identificación de la estructura de la superficie, que incluye las siguientes tareas:

1. Seleccionar las variables relevantes de entrada y salida.
2. Seleccionar un tipo específico de sistema de inferencia difusa.
3. Determinar el número de términos lingüísticos asociados con cada entrada y salida (para las variables).
4. Diseñar una colección de reglas SI-ENTONCES difusas.

Para lograr las tareas anteriores, es necesario confiar en nuestro conocimiento (sentido común, leyes físicas simples, etc.) sobre sistema real, información

proporcionada por expertos humanos familiarizados con el sistema. Después de la primera etapa de modelación difusa, se obtiene una base de reglas que pueda más o menos describir el comportamiento del sistema real por medio de términos lingüísticos. El significado de estos términos lingüísticos se determina en la segunda etapa, la identificación de la estructura profunda, que determina las funciones de membrecía de cada término lingüístico (y los coeficientes de los polinomios de salida en el modelo de Sugeno). La identificación de la estructura profunda incluye las siguientes tareas:

1. Seleccionar una familia apropiada de funciones de membrecía parametrizadas.
2. Entrevistar expertos humanos familiarizados con los sistemas reales para determinar los parámetros de las funciones de membrecía usadas en la base de reglas.
3. Refinar los parámetros de las funciones de membrecía usando regresión y optimización.

Las tareas uno y dos asumen la disponibilidad de expertos humanos, mientras que la tarea tres asume la disponibilidad de un conjunto de datos de entrada-salida.

Los sistemas de inferencia difusa basados en conjuntos difusos tipo-1 son reconocidos por las siglas T1-FLS, los sistemas de inferencia difusa basados en conjuntos difusos tipo-2 son reconocidos por las siglas T2-FLS, y los sistemas de inferencia difusa tipo-2 por intervalo son reconocidos por las siglas IT2-FLS.

T2-FLS pueden ser usados para trabajar con circunstancias con un alto grado de incertidumbre. [John \(1996\)](#), [John, \(1998\)](#), y [Karmuk y Mendel \(1999\)](#) hicieron las primeras aplicaciones de este concepto. Recientemente, el T2-FLS ha mostrado ser mas eficiente que el T1-FLS para manejar incertidumbre en varias áreas del conocimiento. Por ejemplo, [Coupland and John](#) reportaron un aplicación ejemplo de un T2-FLS para la navegación de un robot móvil, demostrando el potencial de los sistemas de lógica difusa tipo-2. Desafortunadamente, T2-FLS puede requerir una cantidad de tiempo muy grande de procesamiento porque este involucra numerosas operaciones. Para reducir esta complejidad, los sistemas de lógica difusa tipo-2 por intervalo pueden ser usados en lugar del T2-FLS. Turksen ha escrito extensivamente sobre cómo usar los conjuntos difusos tipo-2 para inferir con reglas tipo SI-ENTONCES ([Turksen, 1986](#); [Turksen, 1989](#); [Turksen, 1994](#); [Turksen, 1995](#); [Turksen and Tian, 1992](#)). Más aun, muchas aplicaciones sobre IT2-FLS han emergido en diferentes áreas del conocimiento. En ecología, los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo han sido usados satisfactoriamente para modelar los nichos dinámicos en ([Li Yimin and Sun Xihao, 2008](#)) y para modelar el comportamiento de ecosistemas complejos ([Li Yimin and Hua Jing, 2008](#)).

[Castro-Rodríguez et al. \(2007\)](#) diseñaron una herramienta para crear y editar T1-FLS, T2-FLS y IT2-FLS dentro del marco de trabajo de MATLAB, aunque también es posible trabajar completamente desde el comando de línea. Esta herramienta es una colección de funciones construidas sobre el ambiente de computación numérica de MATLAB®, las cuales pueden manipularse desde una interface de

usuario que facilita el diseño de este tipo de sistemas. En el presente estudio esta herramienta fue ampliamente utilizada para diseñar todos los sistemas de inferencia difusa implicados en los diferentes tipos de modelos propuestos para el estudio de la dinámica de poblaciones.

## Capítulo IV

---

### Autómatas Celulares

---

#### IV.1 Antecedentes.

Los autómatas celulares son sistemas descubiertos dentro del campo de la física computacional por [Neumann \(1966\)](#). La teoría de los autómatas celulares se inicia con su libro *Theory of Self-reproducing Automata*.

Aunque Neumann puso en práctica los AC, estos fueron concebidos en los años 40 por [Konrad Zuse y Stanislaw Ulam \[x\]](#). [Zuse](#) pensó en los “espacios de cómputo” (computing spaces), como modelos discretos de sistemas físicos. Las contribuciones de [Ulam](#) vinieron al final de los 40, poco después de haber inventado con Nicholas Metrópolis el Método de Montecarlo.

En general, un autómata celular (AC) es un modelo matemático para un sistema dinámico que evoluciona en pasos discretos. Es adecuado para modelar sistemas naturales que puedan ser descritos como una colección masiva de objetos simples que interactúen localmente unos con otros. Su flexibilidad es útil para modelar espacio y tiempo de procesos naturales debido a su simplicidad matemática.

## IV.2 Descripción.

No existe una definición formal y matemática aceptada de autómata celular. Sin embargo, se puede describir a un AC como una tupla, es decir, un conjunto ordenado de objetos caracterizado por los siguientes componentes:

- Una rejilla o cuadrículado de enteros (conjunto  $Z$ ) infinitamente extendida, y con dimensión  $d \in Z^+$ . Cada celda de la cuadrícula se conoce como célula.
- Cada célula puede tomar un valor en  $Z$  a partir de un conjunto finito de estados  $k$ .
- Cada célula, además, se caracteriza por su vecindad, un conjunto finito de células en las cercanías de la misma.
- De acuerdo con esto, se aplica a todas las células de la cuadrícula una función de transición ( $f$ ) que toma como argumentos los valores de la célula en cuestión y los valores de sus vecinos, y regresa el nuevo valor que la célula tendrá en la siguiente etapa de tiempo. Esta función  $f$  se aplica, como ya se dijo, de forma homogénea a todas las células, por cada paso discreto de tiempo.

Nosotros definimos y usamos a los autómatas celulares como: un AC de dos dimensiones consiste de una retícula uniforme, con cada célula tomando un conjunto finito de valores posibles, actualizada en pasos de tiempo discreto de acuerdo a una regla determinística que involucra a la vecindad local de células

alrededor de esta. El valor del sitio  $(i, j)$  al paso del tiempo  $t$  es denotado  $a(t)_{i,j}$  y es un símbolo escogido del alfabeto:

$$S = \{0, 1, 2, \dots, k - 1\}, \quad k \in \mathbb{Z}. \quad (21)$$

El tipo de vecindad del AC de dos dimensiones puede ser tipo Von Neumann o tipo Moore. Aquí, nosotros usamos la vecindad de Moore. La configuración del próximo paso del tiempo  $a(t + 1)_{i,j}$  es determinado por  $a(t)_{i,j}$  y sus ocho estados vecinos bajo la regla local  $\varphi$ :

$$a(t + 1)_{i,j} = \varphi[a(t)_{i-1,j-1}, a(t)_{i,j-1}, a(t)_{i+1,j-1}, a(t)_{i-1,j}, a(t)_{i+1,j}, a(t)_{i-1,j+1}, a(t)_{i,j+1}, a(t)_{i+1,j+1}]. \quad (22)$$

Los autómatas celulares son ejemplos de sistemas matemáticos, los cuales podrían exhibir comportamiento auto-organizado. Casi siempre inician de un desorden completo, su evolución irreversible puede espontáneamente generar estructuras ordenadas.

### **IV.3 Condición de frontera.**

Por definición, un AC consiste de una retícula infinita de enteros. Sin embargo, para cuestiones prácticas (como en modelos de sistemas físicos llevados a cabo en computadoras de memoria finita), se requiere tomar ciertas consideraciones a la hora de implementar un AC. Por ello, la definición original se modifica para dar

cabida a retículas finitas en las que las células del AC interactúen. Esto conlleva la consideración extra de lo que debe suceder con aquellas células que se encuentren en los bordes de la retícula. A la implementación de una o varias consideraciones específicas se le conoce como condición de frontera.

Dentro del ámbito de los AC, se pueden implementar numerosas condiciones de frontera, en función de lo que el problema real requiera para su modelado. Por ejemplo:

- Frontera abierta. Se considera que fuera de la rejilla residen células.
- Frontera periódica. Se considera a la rejilla como si sus extremos se tocaran. En una rejilla de dimensión 1, esto puede visualizarse en dos dimensiones como una circunferencia. En dimensión 2, la rejilla podría visualizarse en tres dimensiones como un toroide.
- Frontera reflectora. Se considera que las células fuera de la rejilla "reflejan" los valores de aquellas dentro de la rejilla. Así, una célula que estuviera junto al borde de la rejilla (fuera de ella) tomaría como valor el de la célula que esté junto al borde de la rejilla, dentro de ella.
- Sin frontera. Haciendo uso de implementaciones que hagan crecer dinámicamente el uso de memoria de la rejilla implementada, se puede asumir que cada vez que las células deben interactuar con células fuera de la rejilla, esta se hace más grande para dar cabida a estas interacciones. Obviamente, existe un límite (impuesto por la memoria disponible) para esta condición. Es muy importante no confundir esta condición de frontera con la definición

original de AC cuya rejilla es inicialmente infinita. En el caso de un AC sin frontera, la rejilla comienza con un tamaño definido y finito, y conforme se requiera va creciendo en el tiempo, lo cual no lo hace necesariamente un modelo más cercano a la realidad, pues si se inicializara la rejilla aleatoriamente, con esta condición sólo se pueden inicializar las células dentro de la rejilla inicial finita, mientras que en el caso de la definición original, en teoría todas las células de la rejilla infinita deberían ser inicializadas.

#### **IV.4 Variaciones.**

Los AC pueden variar en alguna de las características antes mencionadas, derivando en autómatas celulares no estándar. Por ejemplo, un AC estándar tiene una cuadrícula donde se asume que las células son cuadros; es decir, que la retícula tiene una geometría cuadrada. Esto no es necesariamente un requisito, y se puede variar el AC para presentar una geometría triangular o hexagonal.

También puede variarse el conjunto de estados  $k$  que cada célula puede tomar, la función de transición  $f$  de forma que ya no sea homogénea, utilizar elementos estocásticos (aleatoriedad) en  $f$  (lo que se conoce como AC probabilístico), variar las vecindades de cada célula, etc.

## IV.5 Aplicaciones.

Los autómatas celulares pueden ser usados para modelar numerosos sistemas físicos que se caractericen por un gran número de componentes homogéneos y que interactúen localmente entre sí. De hecho, cualquier sistema real al que se le puedan analogar los conceptos de "vecindad", "estados de los componentes" y "función de transición" es candidato para ser modelado por un AC.

Las características de los autómatas celulares harán que dichos modelos sean discretos en tiempo, espacio o ambos (dependiendo de la variante de la definición de AC que se use).

Se puede identificar tres vertientes principales en donde se han utilizado AC para algún propósito:

### 1. *Simulación de sistemas naturales.*

- Dentro de este contexto se busca simular sistemas en donde el comportamiento de los mismos se rija por la interacción local de sus componentes, de este modo se han podido modelar la evolución de células o virus como el VIH, el crecimiento de cristales, incendios forestales, modelos de reacciones químicas como la reacción de Belousov-Zhabotinsky, mecánica de fluidos, patrones de pigmentación de piel, crecimiento de conchas marinas y corales, comportamiento de colonias de microorganismos entre otros; ejemplos de estas aplicaciones se pueden encontrar en (Gutowitz 1991; Wolfram 1986).

## 2. *Estudios Teóricos.*

En este campo se utilizan a los AC para estudiar áreas como complejidad, sistemas caóticos, termodinámica, entropía, computación en paralelo, computación universal, teoría de lenguajes computacionales o estudio de patrones fractales como se muestra en (Margara 1995; Wolfram 1984).

## 3. *Realización de tareas específicas.*

Aquí se busca construir un AC que sea capaz de desarrollar un proceso en especial, esto puede ser desde creación de fondos para diseños artísticos, procesamiento de imágenes o encriptación de datos (Gutowitz 1991); se han creado ACL que realizan tareas muy sencillas que dada una configuración inicial, produzca después de un número finito de pasos un estado global fijo dependiendo que estado sea mayoritario en la configuración inicial (Crutchfield y Mitchell, 1995).

## Capítulo V

---

### Modelos de dinámica poblacional

---

La dinámica de poblaciones es la especialidad de la ecología que se ocupa del estudio de los cambios que sufren las poblaciones biológicas en cuanto al tamaño, dimensiones físicas de sus miembros, estructura de edad y sexo y otros parámetros que las definen, así como de los factores que causan esos cambios y los mecanismos por los que se producen.

La dinámica de poblaciones es el principal objeto de estudio de la biología matemática en general y de la ecología de poblaciones en particular (Molina-Becerra, 2004). Tiene gran importancia en la gestión de los recursos biológicos, como las pesquerías, en la evaluación de las consecuencias ambientales de las acciones humanas y también en campos de la investigación médica relacionados con las infecciones y la dinámica de las poblaciones celulares.

En los dos últimos siglos una gran variedad de modelos matemáticos sobre la dinámica de poblaciones han sido propuestos (Renshaw, 1991). La construcción de estos modelos está enfocada específicamente a la adquisición de nuevo conocimiento derivado del desarrollo matemático, el cual nos permite obtener

conclusiones más grandes y resultados más completos. Sin embargo, la pregunta natural todavía existe sobre cual modelo ecológico será más adecuado para describir la dinámica de las poblaciones? (Vladimir *et al.* 2008).

El crecimiento de una población, es decir el incremento en el número de individuos que la componen en cada generación depende de la tasa de natalidad, característica de cada especie y variable en función de ciertos factores ambientales, y del número de individuos reproductores de que se parte. Esta tasa de natalidad  $TN$  se expresa en tanto por uno. Según esta aproximación tan simple, en una generación el número inicial de individuos  $N_0$  se verá incrementado en  $N_0 \cdot TN$

$$N(1) = N(0) + N(0) \cdot TN = N(0) \cdot (1 + TN) \quad (23)$$

Al mismo tiempo, ocurre que cierto número de individuos mueren. La proporción de muertes respecto al total es la tasa de mortalidad  $TM$

$$N(1) = N(0)(1 + TN - TM) \quad (24)$$

La acción conjunta de  $TN$  y  $TM$  determina el incremento real de  $N_0$ . La diferencia entre  $TN$  y  $TM$  es la tasa intrínseca de crecimiento de una población, cuyo valor máximo se denomina potencial biótico  $r$ , el cual es característico de cada especie:

$$r = TN - TM \quad (25)$$

Teniendo en cuenta ambos factores, tenemos que el número de individuos presentes en la población en la siguiente generación será:

$$N(1) = N(0)(1 + r), \quad (26)$$

y en la siguiente generación tendremos

$$N(2) = N(1)(1 + r) = N(0)(1 + r)(1 + r) = N(0)(1 + r)^2, \quad (27)$$

y generalizando

$$N(t) = N(0)(1 + r)^t. \quad (28)$$

Si  $TN > TM$ , significa que la natalidad supera a la mortalidad,  $r$  será mayor que 0 y la población tiende a crecer. En estas condiciones y si no existen limitaciones de otro tipo, la población crece de manera exponencial ([Malthus, 1798](#)).

Sin embargo, este tipo de crecimiento sólo es posible en circunstancias muy específicas, por ejemplo cuando una especie coloniza un nuevo espacio y no hay restricciones en los recursos ni competencia por ellos, tal como ocurre en un cultivo bacteriano recién inoculado durante los primeros momentos de su crecimiento. Algunas especies siguen este modelo de crecimiento siguiendo ciclos de explosión demográfica seguidos por elevados índices de mortalidad, por ejemplo al comienzo de la estación reproductora.

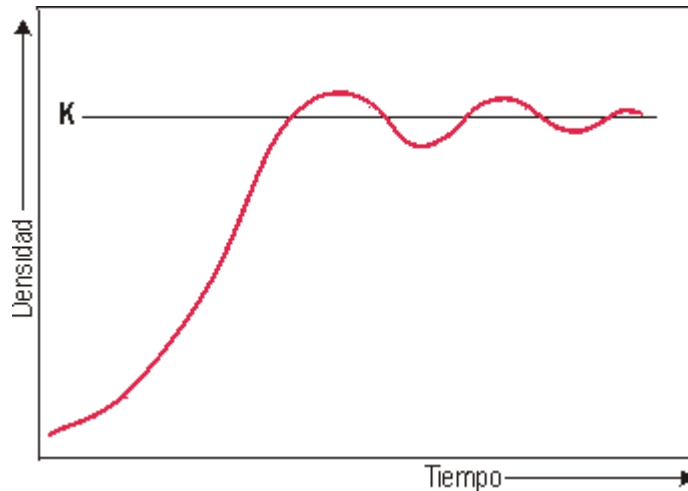
Al potencial biótico, como capacidad de una especie para reproducirse en condiciones ideales, se opone una serie de factores que, en conjunto, constituyen la resistencia ambiental, la cual establece un límite al crecimiento de las poblaciones. En especies con un comportamiento como el descrito estos factores

suelen ser independientes de la densidad de población, como variaciones climáticas, en la cantidad de alimento disponible, etc.

En otras especies cobran importancia factores dependientes de la densidad, en general de tipo intraespecífico. El ritmo de crecimiento en estas poblaciones va decreciendo a medida que va aumentando la densidad de población y se aproxima a un valor máximo denominado capacidad de carga  $K$ , para el cual el crecimiento se hace 0. Este tipo de crecimiento recibe el nombre de logístico (Verhulst 1838)

$$N(t) = rN(t) \left( K - \frac{N(t)}{K} \right), \quad (29)$$

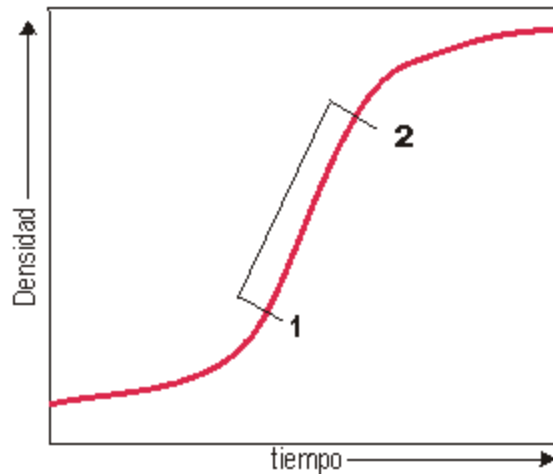
donde vemos que a medida que  $N$  aumente y se aproxime al valor máximo  $K$ , el último factor  $(K - N/K)$  decrece y se aproxima a cero y, por lo tanto  $N(t)$  crecerá cada vez más despacio. En cambio, si  $N$  es pequeño, el valor de ese cociente se aproxima a la unidad. La representación gráfica de esta función logística tiene una característica forma de "S", en la que el valor de  $K$  es la asíntota de la curva:



**Figura 6.** Modelo de crecimiento poblacional Logístico (Verhulst, 1838).

La tasa de natalidad es primero muy elevada y luego va siendo menor hasta igualarse a la de mortalidad cuando la población alcanza el límite de carga. Por encima de éste, la tasa de mortalidad supera la de natalidad e impide que la población crezca. Sin embargo, es frecuente que tras un período de crecimiento rápido este ajuste tarde en ocurrir lo suficiente como para que la población supere el nivel  $K$  momentáneamente, tras lo cual se produce una elevada mortalidad y caída de la población. Puede ocurrir que el valor de  $N$  oscile en torno a  $K$  hasta alcanzar el equilibrio.

El máximo crecimiento de la población y la máxima producción se da mientras se mantiene la etapa de crecimiento exponencial, antes que los factores dependientes de la densidad tomen importancia limitando el crecimiento. En la siguiente figura, corresponde al segmento comprendido entre los puntos 1 y 2:



**Figura 7.** Segmento de crecimiento exponencial en Modelo de crecimiento poblacional Logístico de Verhulst (1838).

La explotación de los ecosistemas por el hombre, ya hablemos de agricultura, ganadería o pesca, consiste en extraer biomasa manteniendo el ecosistema inmaduro, evitando que progrese la sucesión y el consumo respiratorio suponga una menor producción neta. Desde el punto de vista de la demografía se trataría de mantener la población en ese segmento 1-2 de crecimiento exponencial (Figura 7), evitando que el aumento de la densidad haga decrecer la producción. Pero la sobreexplotación significa extraer más deprisa de lo que puede crecer la población, se reducirá su densidad a un nivel inferior al de producción óptima (antes del punto 1 de la Figura 7). El buscar el máximo beneficio en el menor plazo posible puede conducir a reducir los niveles de la población objeto de explotación por debajo de ese umbral crítico que permita la recuperación de la misma.

Ambos modelos (28) y (29) están basados sobre las suposiciones de que los recursos disponibles son limitados, las tasas de nacimientos y mortalidad dependen del tamaño de la población, y hay un tamaño óptima de la población definida por  $K$ . Si el tamaño inicial de la población es menor que  $K$ , entonces la población crece y converge a su máximo tamaño  $K$ . Pero en algunas situaciones tales como en invasión sobre un nuevo territorio o cambios repentinos en el medio ambiente, el tamaño inicial puede ser más grande que  $K$  y entonces la población decrece y también converge a su equilibrio  $K$ .

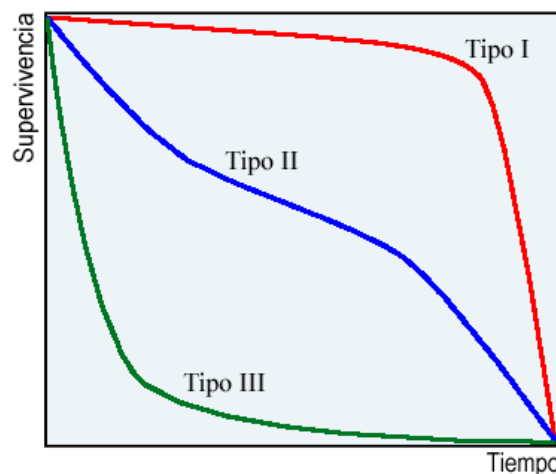
En condiciones naturales, no todas las especies utilizan la misma estrategia en la búsqueda de su adaptación a las condiciones ambientales y su permanencia en el tiempo. El tamaño de la población depende del equilibrio entre fertilidad (o potencial biótico) y supervivencia.

La supervivencia es la probabilidad que tienen al nacer los individuos de una población de alcanzar una determinada edad. La probabilidad decrece desde 1 para los individuos nacidos vivos hasta hacerse 0 a la edad máxima de la especie. Al representar gráficamente el valor de supervivencia frente al tiempo (edad que alcanza) se obtiene la curva de supervivencia para esa población. En general, las curvas de supervivencia se ajustan, más o menos, a tres modelos:

- **Tipo I.** Las curvas tipo I o convexas caracterizan a las especies con baja tasa de mortalidad hasta alcanzar una cierta edad en que aumenta rápidamente. Tal

es el caso de la mayor parte de los grandes mamíferos, incluido el hombre, con estrategias de la  $K$ .

- **Tipo II.** Si la tasa de mortalidad varía poco con la edad, como ocurre en la mayoría de las aves, la curva tiene la forma de una diagonal descendente, normalmente con forma sigmoidea si el número de individuos que muere en cada tramo de edad es más o menos constante.
- **Tipo III.** Las especies *r-estrategas* sufren una elevada mortalidad en las primeras etapas de vida, larvaria o juvenil, teniendo luego una mayor probabilidad de supervivencia. La curva muestra un pronunciado descenso inicial seguido de una fase más estable



**Figura 8.** Modelos de supervivencia de una especie. Tipo I: especies con baja tasa de mortalidad. Tipo II: especies con tasa de mortalidad más o menos constante. Tipo III: especies con tasa de mortalidad elevada.

Unas especies presentan elevada fertilidad (gran potencial biótico) aunque su supervivencia sea baja. Se denominan  $r$  estrategias, y son propias de ambientes cambiantes o inestables, sometidas a elevados índices de mortalidad, que compensan con crecimientos explosivos en períodos favorables (Figura 8). Son especies oportunistas, pioneras o colonizadoras que basan su éxito en producir un gran número de esporas, huevos, larvas o juveniles aunque su mortalidad sea muy elevada (Figura 8 Tipo III)

Otras especies sitúan el número de individuos por debajo de la capacidad de carga  $K$ , son los  $K$  estrategias, que priman la supervivencia por encima de la fertilidad. Son especies propias de ambientes estables, muy adaptadas a ellos en general grandes y longevas. Adoptan esta estrategia especies muy territoriales con marcada organización social. Pero solo la densidad de población tiene un gran efecto y presenta mecanismos de regulación social: no todos los individuos se reproducen, son muy sensibles a cambios ambientales, etc. (Figura 8 Tipo I)

**Alle (1931)** observó que la reproducción y supervivencia de individuos decrece para poblaciones más pequeñas y esta puede llegar a la extinción de la población. Este fenómeno es llamado el efecto de Allee y la razón es que densidad pequeña de la población tiene una influencia negativa sobre la reproducción y la supervivencia de un individuo. Por lo tanto, la diversidad genética pequeña en una población también provoca un efecto negativo sobre su supervivencia y adaptabilidad. El efecto de Allee puede ser adherido al modelo de **Verhulst**

modificando su tasa de crecimiento, así entonces, el efecto de Allee decrece con el crecimiento de la talla de la población.

El progreso real en el desarrollo de los modelos matemáticos en biología iniciaron en los años 1920's. En ese tiempo [Volterra \(1926a, 1926b\)](#) estudio la pregunta: porque un encierro completo de pesquerías durante la Primera Guerra Mundial causo un incremento en peces depredadores y un decremento en peces presas? Este hecho lo llevo a estudiar ese problema de una manera más general, logrando construir la primera teoría determinista sistematizada de la dinámica de poblaciones. Para iniciar su investigación matemática estableció ciertas cosas:

1. Que la especie depredadora se alimentaba exclusivamente de la especie presa, mientras que ésta se alimentaba de un recurso que se encontraba en el hábitat en grandes cantidades, el cual solo intervenía así (pasivamente).
2. Que ambas poblaciones eran homogéneas, es decir, no intervenían factores como la edad o el sexo.
3. Que, así mismo, el medio era homogéneo, es decir, que las características físicas, biológicas entre otras, eran las mismas en el hábitat.
4. Y que los encuentros de la especie depredadora con las especie presa eran igualmente probables.

Siendo así, se encontró con que solo existían dos variables: el tamaño poblacional de la especie depredadora y el de la especie presa. Así mismo, supuso que

ambos tamaños poblacionales dependían exclusivamente del tiempo y no de alguna otra variable especial. Determino que si no existiesen depredadores, la población de presas crecería malthusianamente , es decir:

$$\dot{x}(t) = ax(t), \quad (30)$$

mientras que si no hubiese presas, la especie depredadora decrecería, también siguiendo un modelo maltusiano, es decir:

$$\dot{y}(t) = -cy(t). \quad (31)$$

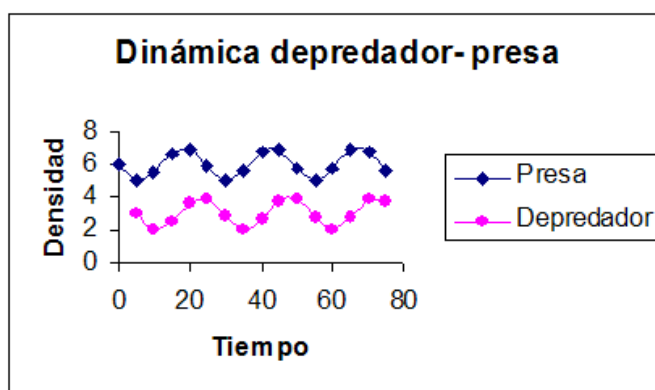
Basándose en el argumento de que cuantos más encuentros por unidad de tiempo haya entre individuos de la especie presa con la especie depredadora, mayor ha de ser el perjuicio de unos y el beneficio de otros, Volterra llego a la conclusión de que el número de encuentros por unidad de tiempo entre presas y depredadores, es proporcional al producto algebraico de sus respectivas densidades poblacionales, es decir, [Numero de encuentros por unidad de tiempo]  $x(t)y(t)$ . He incorporó esto en las dos ecuaciones anteriores:

$$\dot{x}(t) = ax(t) - bx(t)y(t), \quad (32)$$

$$\dot{y}(t) = -cy(t) + dx(t)y(t), \quad (33)$$

donde  $a$  es la tasa instantánea de aumento de presas en ausencia de depredadores; mientras que  $c$  es la tasa instantánea per cápita de disminución de depredadores en el caso de ausencia de presas. Originalmente Volterra interpreto esto diciendo que : "...los parámetros constantes  $a$  y  $c$  representan la razón de nacimiento y muerte de las dos especies; mientras que  $b$  mide la susceptibilidad

de la especie presa a la depredación y  $d$  mide la habilidad de depredación de esta especie. Las constantes  $b$  y  $d$  son la proporción de encuentros perjudiciales para las presas y la correspondiente de encuentros benéficos para los depredadores, respectivamente...”. Y así logro afirmar que en una interacción presa-depredador descrita en las ecuaciones anteriores, el tamaño de la especie presa y el de la especie depredadora, cambian periódicamente al aumentar el tiempo (Figura 8)



**Figura 9.** Dinámica de ciclos de límites estables (estabilidad neutra), que en ausencia de perturbación se mantienen en el tiempo. Si ocurre una perturbación que cambia los valores de presas y/o depredadores, se entra en un nuevo ciclo, de diferente amplitud.

Volterra, basándose en esto, formuló la ley que posteriormente se llamaría Ley de la periodicidad de Volterra, la cual dice que “el cambio de los tamaños poblacionales de ambas especies (presa y depredadora) son periódicos (Figura 9) y el periodo depende solamente de  $a$ ,  $b$ ,  $c$  y  $d$  del tamaño inicial de las dos especies...”. Para el caso de pequeñas oscilaciones Volterra da como periodo

$T = 2/ac$ . Posteriormente, formuló otras dos leyes relacionadas a su modelo presa-depredador, las cuales son:

1. Ley de Conservación de los Promedios. Los promedios de los tamaños poblacionales de la especie presa y de la depredadora son independientes de su tamaño inicial y, calculados en un periodo son, respectivamente:

$$x = c/d \text{ y } y = a/b$$

2. Ley de la perturbación de los promedios. Si las poblaciones de ambas especies son destruidas a una razón proporcional a su tamaño poblacional, el promedio de las presas aumenta; mientras que el de los depredadores disminuye.

Ésta última ley es conocida como El principio de Volterra y tiene importantes implicaciones en el uso de insecticidas que destruyen tanto a los insectos depredadores como a sus insectos presa. Es decir, si la proliferación de una plaga (presas) es controlada mediante procedimientos naturales por otra especie (depredadores), existe cierto equilibrio entre ambas. Si por otro lado, en cierto momento se decide la aplicación de un insecticida para acabar con la plaga sin tomar en cuenta que éste también mata a los depredadores; el resultado será- según el Principio de Volterra- que, en promedio, la plaga aumenta y, también en promedio, la especie con la que se controlaba disminuye.

El tamaño de las poblaciones se mantiene en equilibrio, oscilando más o menos ampliamente en torno a un valor medio, en función de variables como la natalidad o la mortalidad, que a su vez dependen de relaciones más complejas con otras poblaciones de otras especies, variaciones en las condiciones ambientales, etc. Una característica importante sobre las variaciones en las condiciones ambientales es la emigración de las poblaciones. La migración se produce cuando una población o parte de ella abandona o coloniza un espacio, distinguiéndose varias formas: (1) La emigración o el abandono definitivo del área para ocupar otra donde existen condiciones adecuadas; (2) La inmigración o la ocupación de otra parte del área, donde ya existe la especie, generalmente por el aumento de densidad; (3) La permigración cuando sólo pasan por el área sin ocuparla; (4) La invasión o la ocupación de una nueva área donde antes no se encontraba; y (5) La traslocación o el abandono total de un área.

La representación de este tipo de sistemas dinámicos a través de modelos matemáticos es una tarea complicada. Los modelos de dinámica poblacional construidos hasta la fecha son modificaciones o extensiones de los modelos antes descritos, Malthus (28), Verlhust (29) y Lotka-Volterra (32-33), los cuales son considerados como aproximaciones iniciales.

En ciencias computacionales una gran variedad de teorías han sido desarrolladas y aplicadas en problemas de diferentes áreas del conocimiento. Los autómatas celulares (Capítulo IV) han generado mucho interés por la diversidad en su

comportamiento y utilidad como un modelo matemático discreto para muchos procesos (Clifford, 2002). Este tipo de modelos son construidos en base al comportamiento del sistema del mundo real. Muchos modelos de simulación han sido desarrollados. Sin embargo, en el mundo real, hay muchos aspectos inciertos y problemas de datos imprecisos y vagos. Para tratar con estas condiciones, nosotros adherimos la lógica difusa (Capítulo II y III) a los autómatas celulares para construir modelos de simulación basados en autómatas celulares difusos aplicados al estudio de la dinámica de poblaciones.

Las reglas locales de los autómatas celulares clásicos son todas ellas evaluadas de manera booleana, pero la descripción para muchos modelos actuales son inciertos, por ejemplo, en el modelo de expansión del fuego, la gente debe considerar la velocidad y la dirección del viento, etc. Tales condiciones son difíciles de contar usando datos evaluados booleanamente, sin embargo el lenguaje difuso podría ser usado. Los autómatas celulares difusos consideran los aspectos inciertos. No existe una definición aceptada de autómatas celulares difusos (Zun-Quan and Fang-Fang, 2004; Salem, 2004). Sin embargo, nosotros introducimos simplemente el modelo de un autómatas celulares difusos (FCA).

Como nosotros sabemos, la lógica difusa usa la gramática SI...ENTONCES para expresar la relación entre la entrada y la salida de un sistema (Capítulo II y III). Para un sistema de inferencia difusa, la cosa más importante es obtener un mapeo no lineal incierto (Capítulo III). El modelo basado en un FCA figura sobre una

matriz de  $N \times N$  células sobre un plano. El valor  $a(t + 1)_{i,j}$  del sitio  $(i, j)$  al tiempo  $t$  puede solamente escoger  $(k)$  estados finitos. El estado del siguiente paso del tiempo  $a(t + 1)_{i,j}$  es determinado por  $a(t)_{i,j}$  y sus vecinos bajo la regla difusa:

SI  $cell_1$  ES  $\mu_f(a(t)_{i,j})$  Y  $cell_2$  ES  $\mu_f(a(t)_{i,j})$  Y ... Y  $cell_i$  ES  $\mu_f(a(t)_{i,j})$   
 ENTONCES  $salida$  ES SALIDA.

Aquí  $cell_i (i = 1, 2, 3, \dots, N)$  representa la  $i_{th}$  entrada,  $\mu_f(a(t)_{i,j}) (f = 1, 2, \dots, k)$  es el conjunto difuso correspondiente,  $salida$  es la salida, mientras que SALIDA es el conjunto difuso de salida correspondiente. Entonces, la SALIDA defusificada es el valor de  $a(t + 1)_{i,j}$ .

Este tipo de modelo ha sido usado principalmente como modelo de crecimiento poblacional porque puede representar el comportamiento natural de los procesos ecológicos a través de reglas difusas. Por ejemplo, en el estudio del crecimiento urbano (Mandelas *et al.* 2007) y en la propagación de epidemias (Di-Stefano *et al.* 2000).

Nosotros introducimos autómatas celulares difusos (FCAs) en modelos poblacionales uni-específicos, estructurados en edad y tipo depredador-presa. Todos ellos construidos como una extensión de los modelos (28), (29), (32) y (33) para simular la dinámica de una población donde las tasas de reproducción, mortalidad y emigración varían con el tiempo y en el espacio de acuerdo a las

variaciones del medio ambiente. Los modelos son propuestos como una herramienta para el estudio de la dinámica de poblaciones y son descritos por separado en cada uno de los siguientes capítulos.

## Capítulo VI

---

### Modelo celular difuso Tipo-1 para simular la dinámica de una población uni-específica

---

#### VI.1 Introducción.

En este capítulo, nosotros presentamos un FCM para simular la dinámica de una población uni-específica inducida por los cambios del medio ambiente. A través de la estructura celular se representa la heterogeneidad del medio ambiente. Un sistema de inferencia difusa Tipo-1 evalúa los efectos que provoca los cambios del medio ambiente sobre el tamaño de la población.

#### VI.2 Estructura del modelo.

Sea  $N(t)$  el número de individuos de la población de una simple especie al momento  $t$ .  $N'(t)$  es la tasa de cambio de la población  $N(t)$ , la cual depende de factores que contribuyen positivamente (nacimientos y inmigraciones) y negativamente (muertes y emigraciones). Por lo tanto  $N'(t)$  se expresa en forma general como

$$N'(t) = v_n - v_m - v_e + v_i \quad (34)$$

donde  $v_n, v_m, v_e$  y  $v_i$  representan los nacimientos, las muertes, la emigraciones y las inmigraciones respectivamente.

Con la meta de tener una aproximación más cercana a la realidad, el concepto de espacio es integrado en el modelo (34) usando la teoría de autómatas celulares. La coexistencia de las poblaciones es considerablemente ligada a un fenómeno de espacio auto-organizado (Bascompte and Margalef, 2005), en el cual la conexión de la dinámica no lineal y el espacio de dispersión local forma estructuras definidas por variables de densidades de población. Sea  $C$  una simple célula en el autómata celular, entonces  $C_{i,j}$  es la célula centrada en la coordenada  $(i, j)$ , donde  $1 \leq i \leq M$  y  $1 \leq j \leq N$ . La unión de todas las células en el autómata celular define el espacio celular de nuestro modelo. Cada célula del AC es un elemento fundamental para el cambio de la población, razón por la cual la contribución de todas las células resuelve la dinámica global del sistema. La función de transición determina el cambio de la densidad de la población local en la célula  $C_{i,j}$  al tiempo  $t$ , y es definida de la siguiente forma

$$N'_{i,j}(t + 1) = nN_{i,j}(t) - mN_{i,j}(C_{i,j}, t) - v_e + v_i \quad (35)$$

donde  $n$  y  $m$  son las tasas de natalidad y mortalidad respectivamente.

La población siempre busca los recursos óptimos del medio ambiente bajo los cuales puede desarrollarse. Estos recursos deben encontrarse dentro de los

límites de tolerancia que permitan que la población se desarrolle de manera normal. En nuestro modelo, asumimos que la población inicial  $N_0$  esta distribuida sobre el espacio celular, por lo tanto, esta población puede emigrar hacia las otras células dentro de una vecindad finita y de acuerdo a una regla local. La vecindad de la célula  $C_{i,j}$  en términos de un radio  $r$  es representado por

$$\prod_r C_{i,j} = \left\{ C_{k,l} \mid \max\{|k-i|, |l-j|\} \leq r \right\} \\ \left. \begin{array}{l} 1 \leq k \leq M; \\ 1 \leq l \leq N \end{array} \right\} \quad (36)$$

La población que emigra hacia las células vecinas de una célula  $C_{i,j}$  es determinada por un factor que es directamente proporcional al tamaño de la población, entonces la ecuación (35) toma la siguiente forma

$$N'_{i,j}(t+1) = nN_{i,j}(t) - mN_{i,j}(t) - eN_{i,j}(t) + \prod_r N_{k,l}(t) \quad (37)$$

donde  $e$  es la tasa de emigración, y  $\prod_r N_{k,l}(t)$  es la población que emigra desde cualquier célula  $C_{k,l}$  vecina de la célula  $C_{i,j}$  hacia la célula  $C_{i,j}$ .

Continuando con el desarrollo del modelo, se tiene que el número total de individuos sobre el espacio celular en cada unidad de tiempo  $t$  esta expresado por

$$N_T(t) = \sum_i \sum_j N'_{i,j}(t) \quad (38)$$

La ecuación (37) puede ser expresada como sigue

$$N'_{i,j}(t + 1) = (n - m - e)N_{i,j}(t) + \prod_r N_{k,l}(t) \quad (39)$$

Desarrollando algebraicamente la ecuación (39) se obtiene

$$N'_{i,j}(1) = (n - m - e)N_{i,j}(0) + \prod_r N_{k,l}(0) \quad (40)$$

$$N'_{i,j}(2) = (n - m - e)N_{i,j}(1) + \prod_r N_{k,l}(2) \quad (41)$$

$$N'_{i,j}(3) = (n - m - e)N_{i,j}(2) + \prod_r N_{k,l}(3) \quad (42)$$

Remplazando las ecuaciones (40) y (41) en la ecuación (42) y simplificando se obtiene la expresión

$$N_{i,j}(t) = (n - m - e)^t N_{i,j}(0) + \prod_r N_{k,l}(t) \quad (43)$$

donde  $t > 1$ . Bajo esta información es posible explorar cuales resultados de la dinámica de la población son alterados por la inclusión de la variable espacio.

**Malthus (1798)** describe como las poblaciones crecen o son reducidas a una proporción exponencial cuando las tasas de natalidad o mortalidad son constantes

y en ausencia de cualquier factor que las disturbe, y cuando las poblaciones no crecen o caen exponencialmente es porque una fuerza externa (un recurso abiótico o biótico) esta alternado las tasas de natalidad y mortalidad (Ginzburg, 1986; Berryman, 1999). Verlhust (1938) establece que el crecimiento de la población alcanza un límite, después de esto, el tamaño de la población no puede incrementarse, y la competencia intra-especifica por algunos recursos limita el crecimiento de la población (Tuchin, 2001). Por lo tanto, su tamaño depende en cualquier tiempo sobre el balance entre estos recursos que causan que la población se reproduzca, muera y se disperse. Lo cual quiere decir que la tasa de natalidad  $n$ , mortalidad  $m$  y emigración  $e$  deben ser definidas como variables en el tiempo porque dependen del estado de los recursos del medio ambiente

$$N_{i,j}(t + 1) = r_n(\cdot)N_{i,j}(t) - r_m(\cdot)N_{i,j}(t) - r_e(\cdot)N_{i,j}(t) + \prod_r N_{k,l}(t) \quad (44)$$

Donde  $r_n$ ,  $r_m$  y  $r_e$  son las tasas de natalidad, mortalidad y emigración respectivamente que determinan los cambios en la población situada en la célula  $C_{i,j}$  al tiempo  $t$ ,

$$r_n(\cdot) = r_n(R_{i,j}, K_{i,j}, t) \quad (45)$$

$$r_m(\cdot) = r_m(R_{i,j}, K_{i,j}, t) \quad (46)$$

$$r_e(\cdot) = r_e(R_{i,j}, K_{i,j}, t)$$

(47)

$R_{i,j}$  representa el nivel de los recursos disponibles en la célula  $C_{i,j}$  al tiempo  $t$ , y  $K_{i,j}$  es la capacidad de carga (número de individuos) que puede soportar la célula  $C_{i,j}$  al tiempo  $t$ .

### **VI.3 Sistema de inferencia difusa tipo-1**

La lógica difusa juega un papel importante en el desarrollo de problemas sobre control ecológico, porque esta puede simular los efectos producidos por los cambios del medio ambiente sobre la dinámica de una población a través de un sistema de inferencia difusa.

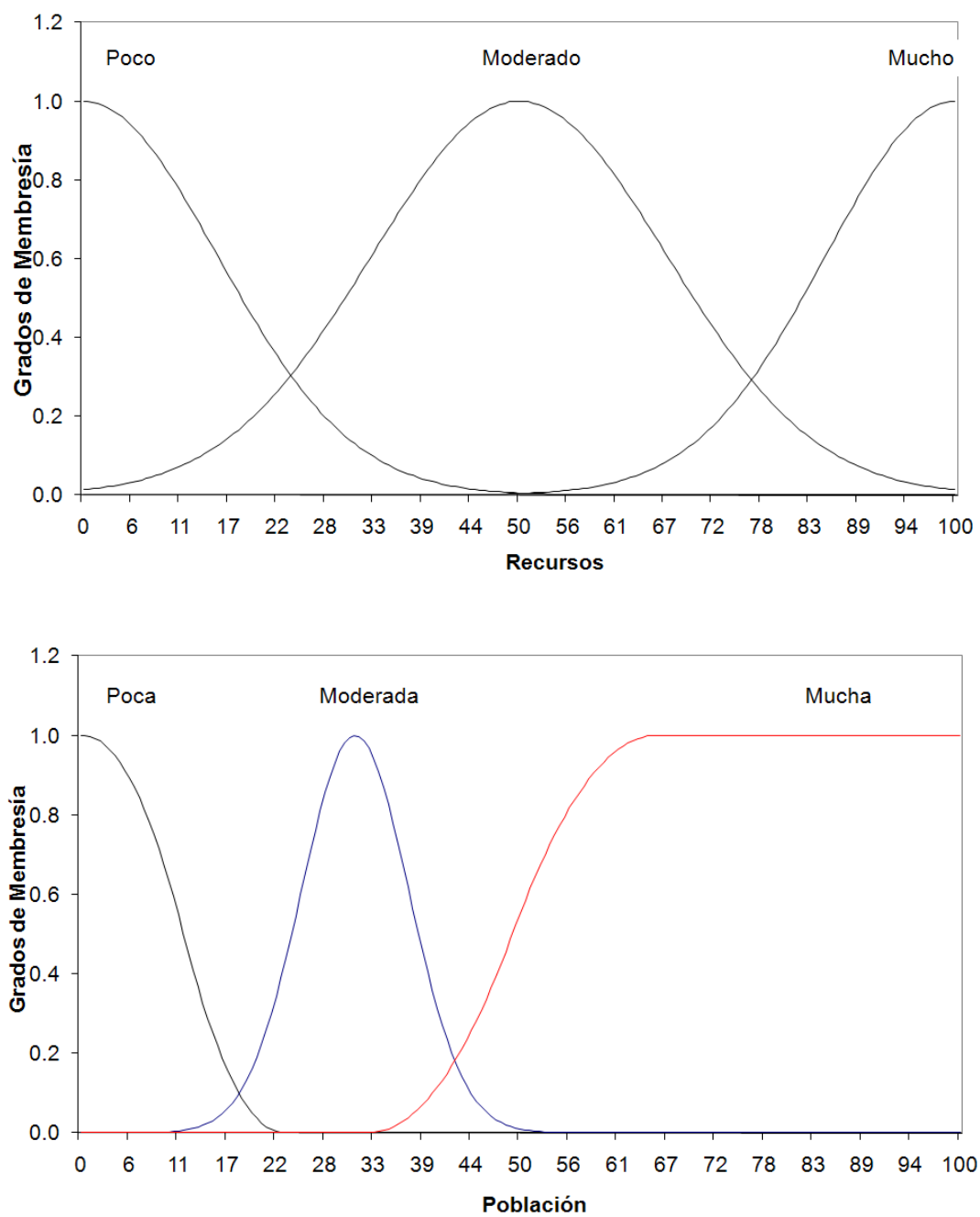
Nosotros diseñamos un sistema de inferencia difusa tipo-1 de Mandani usando T-norm (min), S-norm(max), y el método del centro de área para la defusificación, a través de la toolbox desarrollada por [\(Castro-Rodríguez et al. 2008\)](#) bajo el ambiente de Matlab, para evaluar los coeficientes de cambio en la dinámica de la población, en donde las tasas de nacimiento, mortalidad y emigración dependen de la variabilidad de los recursos del medio ambiente  $R$  y de la capacidad de carga  $K$  que soporten.

Usamos la notación de conjuntos difusos tipo-1 para definir a los recursos del medio ambiente  $R$  y a la capacidad de carga  $K$  correspondientes a las ecuaciones (45), (46) y (47) del modelo (44)

$$R = \left\{ \left( x, \left( \mu_{poco}(x), \mu_{moderado}(x), \mu_{mucho}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (48)$$

$$K = \left\{ \left( x, \left( \mu_{poca}(x), \mu_{moderada}(x), \mu_{mucha}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (49)$$

Los conjuntos difusos  $R$  y  $K$  son las variables de entrada del sistema de inferencia difusa y son caracterizadas por tres funciones de membresía: poca, moderada y mucha (Figura 10). Hipotéticamente, nosotros definimos el dominio de los conjuntos difusos (48) y (49).



**Figura 10.** Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos  $R$  (recursos) y  $K$  (población).

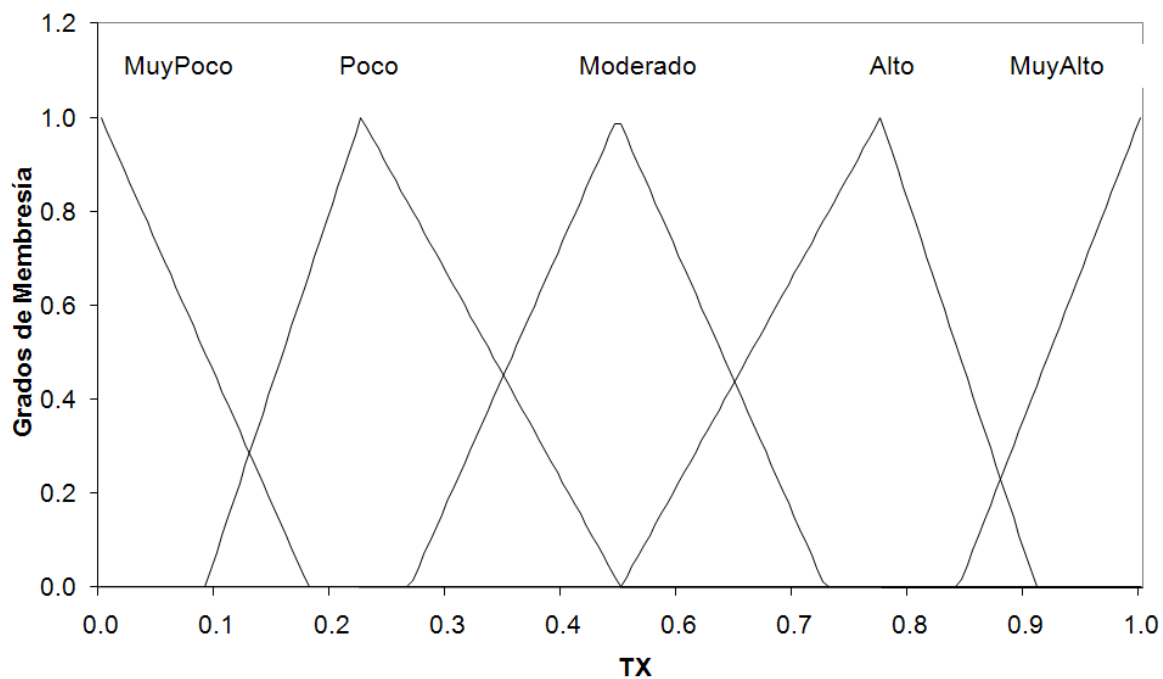
En el sistema de inferencia, RR (tasa de reproducción), MR (tasa de mortalidad), ER (tasa de emigración) y CR (tasa de consumo de recursos) son definidos como variables de salida. RR, MR, ER y CR son conjuntos difusos caracterizados por cinco funciones de membrecía: muy bajo, bajo, medio, alto, muy alto (Figura 11).

$$RR = \left\{ \left( x, \left( \mu_{muy\ poco}(x), \mu_{poco}(x), \mu_{medio}(x), \mu_{alto}(x), \mu_{muy\ alto}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (50)$$

$$MR = \left\{ \left( x, \left( \mu_{muy\ poco}(x), \mu_{poco}(x), \mu_{medio}(x), \mu_{alto}(x), \mu_{muy\ alto}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (51)$$

$$ER = \left\{ \left( x, \left( \mu_{muy\ poco}(x), \mu_{poco}(x), \mu_{medio}(x), \mu_{alto}(x), \mu_{muy\ alto}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (52)$$

$$CR = \left\{ \left( x, \left( \mu_{muy\ poco}(x), \mu_{poco}(x), \mu_{medio}(x), \mu_{alto}(x), \mu_{muy\ alto}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (53)$$



**Figura 11.** Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos RR (tasa de reproducción), MR (tasa de mortalidad), ER (tasa de emigración) y CR (tasa de consumo de recursos).

Al igual que las variables de entrada, nosotros definimos hipotéticamente el dominio de los conjuntos difusos (50)–(53).

Las hipótesis y conclusiones que gobiernan las variaciones de las tasas de natalidad, mortalidad y emigración son expresadas como reglas difusas, las cuales son construidas por medio de la relación de la disponibilidad de los recursos  $R$  y la capacidad de carga  $K$  en la célula  $C_{i,j}$  al tiempo  $t$ . La relación está compuesta por la combinación entre los estados de ambos conjuntos (poco-poco, poco-

moderado, poco-mucho, moderado-poco, moderado-moderado, moderado-mucho, mucho-poco, mucho-moderado, mucho-mucho). Esta relación determina el estado de las variables RR, MR, ER y CR. Las reglas son derivada de la interpretación sobre el crecimiento de una población establecido por las leyes básicas de la Ecología (Haeming, 2008). Estas leyes describen como las poblaciones crecen o decrecen cuando una fuerza externa (recurso biótico o abiótico) está alterando las tasas de natalidad y/o mortalidad. También, establecen que el crecimiento de la población alcanza un límite máximo, después de que esto ocurre, la población no puede incrementar su densidad porque la competencia intra-especifica por algunos recursos limita su crecimiento. Las reglas son expresadas de la siguiente forma

1. SI K es poca y R es poco ENTONCES RR es bajo, MR es moderada, ER es alta, CR es muy baja.
2. SI K es poca y R es moderado ENTONCES RR es moderada, MR es baja, ER es moderada, CR es baja.
3. SI K es poca y R es mucho ENTONCES RR es alta, MR es muy baja, ER es muy baja, CR es baja.
4. SI K es moderada y R es son poco ENTONCES RR es baja, MR es alta, ER es alta, CR es baja.
5. SI K es moderada y R es moderado ENTONCES RR es moderada, MR es moderada, ER es moderada, CR es moderada.

6. SI K es moderada y R es mucho ENTONCES RR es alta, MR es baja, ER es baja, CR es alta.
7. SI K es mucha y R es poco ENTONCES RR es muy baja, MR es muy alta, ER es muy alta, CR es muy baja.
8. SI K es mucha y R es moderado ENTONCES RR es baja, MR es moderada, ER es alta, CR es alta.
9. SI K es mucha y R es mucho ENTONCES RR es moderada, MR es moderada, ER es moderada, CR es muy alta.

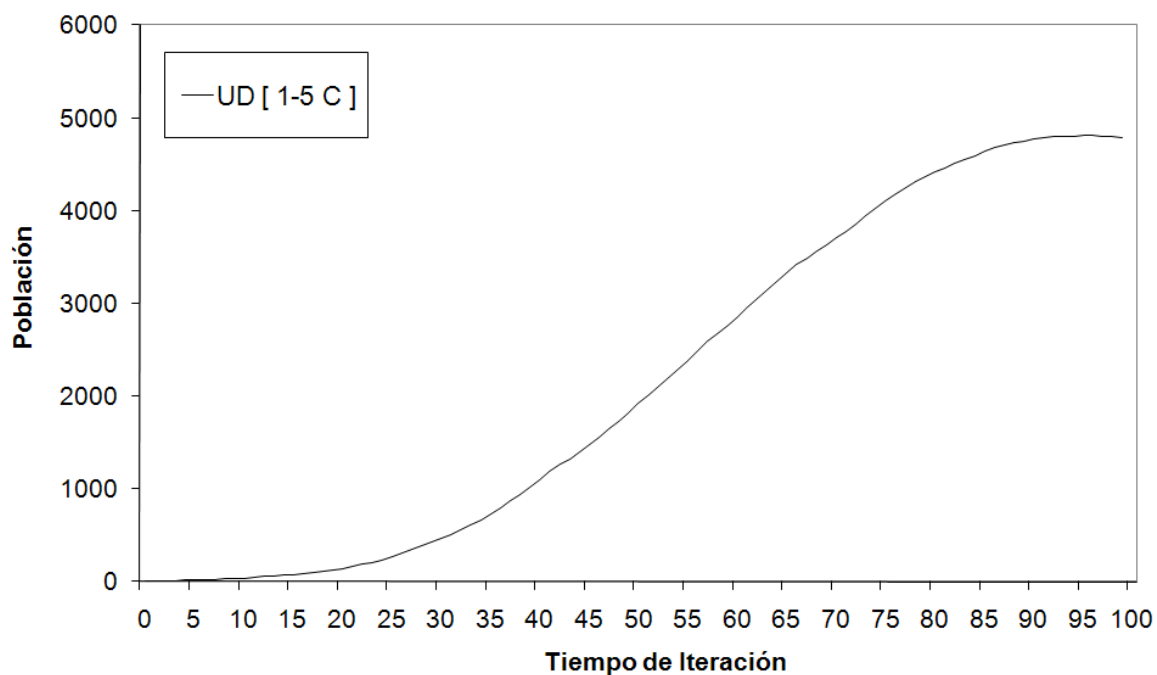
A pesar de que es difícil entender porque las fluctuaciones en el tamaño de la población ocurren, es muy importante su estudio porque estas determinan efectos sobre otras especies, incluyendo la especie humana (Berryman, 1999).

#### **VI.4 Resultados.**

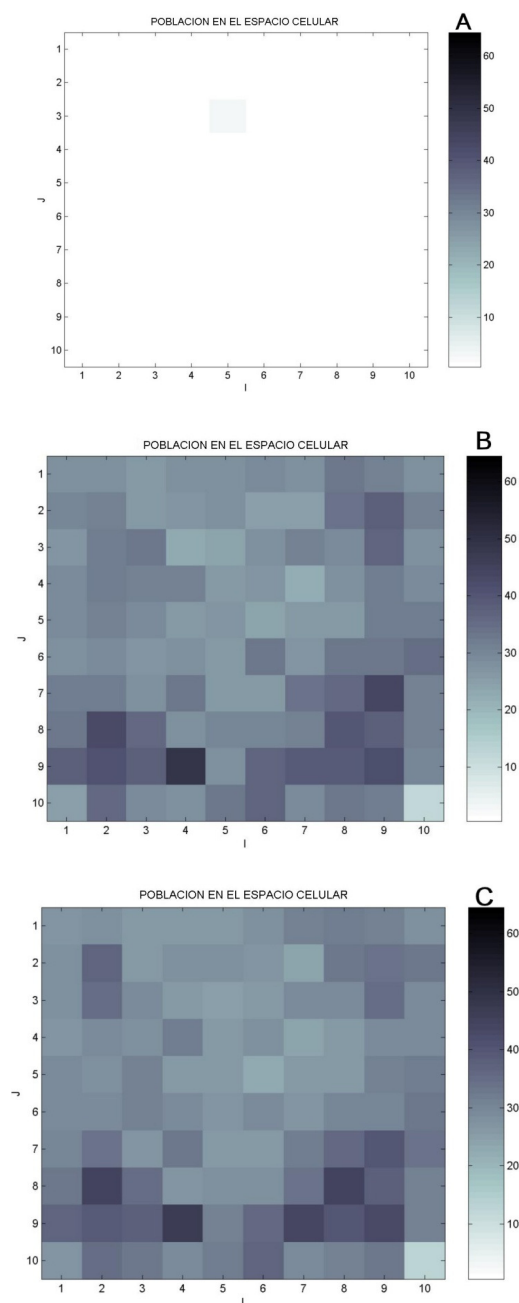
Se desarrollo un programa de simulación para estudiar el comportamiento del modelo propuesto (44)-(47). La simulación se ejecuta teniendo en cada iteración los parámetros  $R_{i,j}$  y  $K_{i,j}$ . Los resultados de las simulaciones son presentados como promedios de 20 ejecuciones.

Iniciamos ejecutando simulaciones usando una distribución uniforme (UD) inicial de recursos y una distribución aleatoria (AD) para la inicial población [1-5 Cells]. Los resultados muestra que la población tiene un crecimiento logístico al final del tiempo de iteración, lo cual significa que la población inicial fue muy poca y la

emigración no fue necesaria al inicio de la simulación (ver Figura 12). La Figura 13 muestra la dispersión de la población sobre el espacio celular en los estadios principales de su crecimiento.

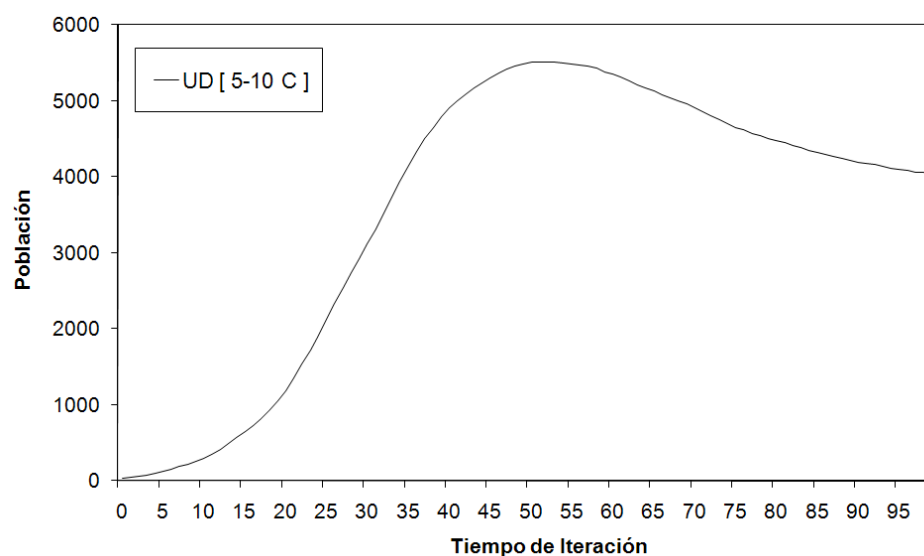


**Figura 12.** Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47).

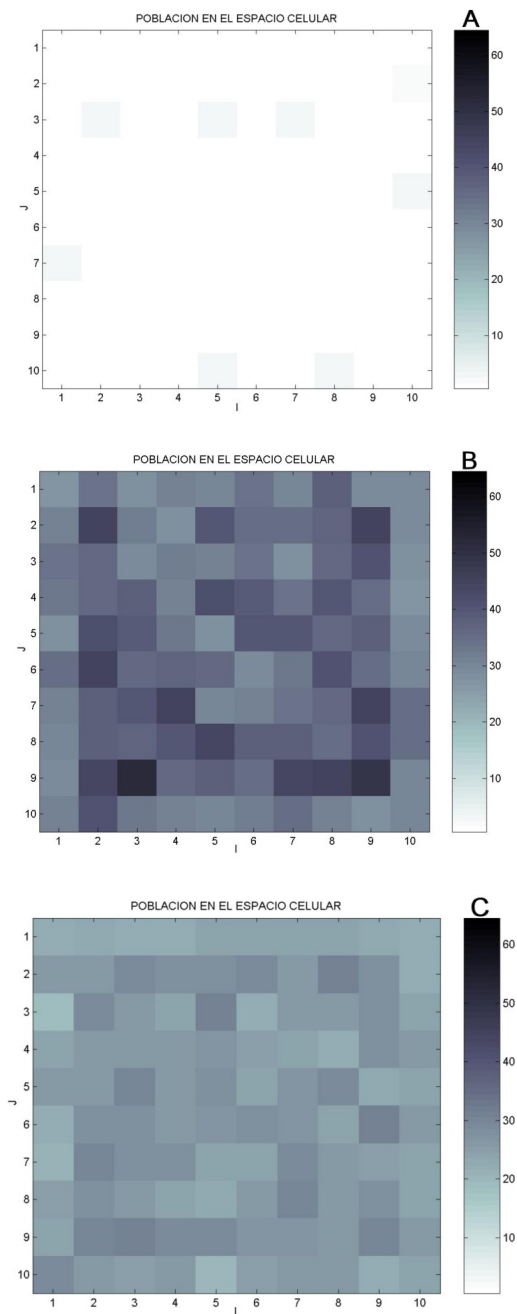


**Figura 13.** Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47). A) Dispersión de la población al inicio de la simulación. B) Dispersión de la población cuando esta alcanza su nivel de estabilidad. C) Dispersión de la población al final de la simulación.

Usando el mismo modelo (44)–(47), ejecutamos varias simulaciones usando una distribución uniforme (UD) inicial de recursos y una distribución aleatoria (AD) para la inicial población [5-10 Cells]. La diferencia con el caso anterior, es que el numero de celdas sobre el cual se distribuyo la población inicial, se incremento al igual que el tamaño de la población. Los resultados muestran que inicialmente no hay competencia por los recursos porque al igual que en el caso anterior, las simulaciones iniciaron con una distribución uniforme de recursos, entonces la probabilidad de encuentros entre los individuos de la población crece, a diferencia del caso anterior, produciendo una alta tasa de reproducción. Por lo tanto, la población crece alcanzando su nivel de estabilidad local más rápido que en el caso anterior, después de que esto ocurre, la población decrece por la disminución de recursos (ver Figura 14). La Figura 15 muestra la dispersión de la población sobre el espacio celular en los estadios principales de su crecimiento.

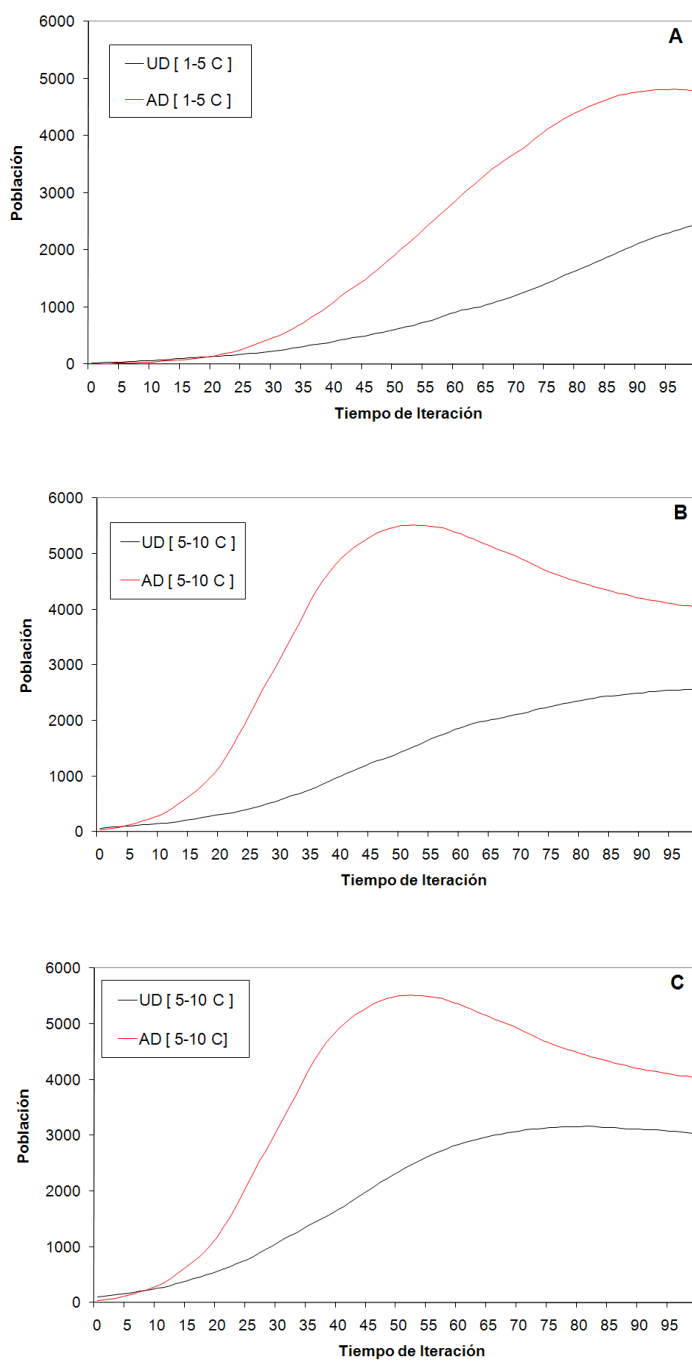


**Figura 14.** Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47).



**Figura 15.** Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47). A) Dispersión de la población al inicio de la simulación. B) Dispersión de la población cuando esta alcanza su nivel de estabilidad. C) Dispersión de la población al final de la simulación.

Nuevamente, usando el mismo modelo (44)-(47), ejecutamos varias simulaciones, primeramente usando una distribución aleatoria (AD) inicial de recursos y una distribución aleatoria (AD) para la inicial población [1-5 Cells], y después usando una distribución aleatoria (AD) inicial de recursos y una distribución aleatoria (AD) para la inicial población [5-10 Cells]. Los resultados muestran que el número inicial de individuos determina el tiempo de iteración que toma la población en alcanzar su nivel de estabilidad antes de llegar a su extinción (ver Figuras 16A y 16B). Por lo tanto, en este caso una distribución inicial heterogénea de recursos determina que el crecimiento sea lento debido a que los individuos toman tiempo en buscar los recursos y probablemente estos no estén cerca de donde los individuos están, lo cual produce una baja reproducción, una alta mortalidad y muy alta emigración. Estos resultados son comparados contra los resultados mostrados en las Figuras 12 y 14 (ver Figuras 16A y 16B).



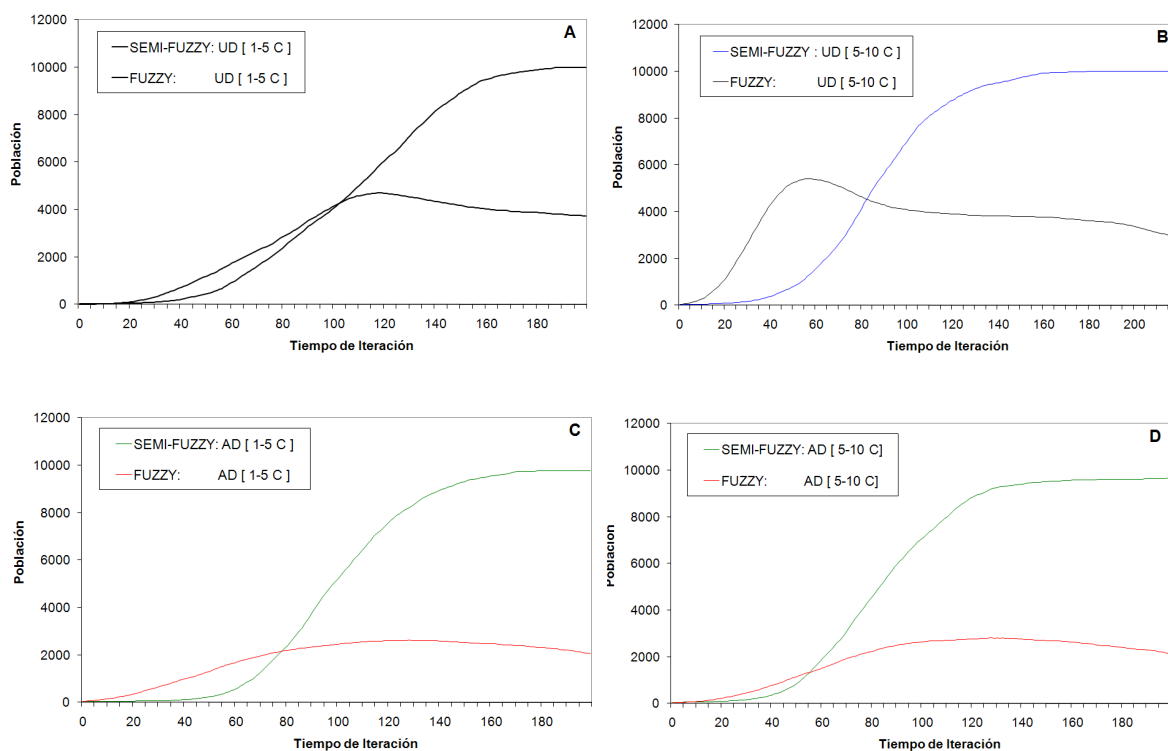
**Figura 16.** Crecimiento de la población descrito por el modelo (44)–(47) y comparada contra el crecimiento de la población mostrado en las Figuras 12 y 14.

Nosotros asumimos que los recursos del medio ambiente limitan el desarrollo de la población, por ejemplo la luz, la temperatura, la salinidad, el agua, etc. Por esto la distribución heterogénea de recursos determina otras diferentes configuraciones iniciales donde probablemente la población esté cerca o mas lejos de los recursos, produciendo una curva de crecimiento diferente (ver Figura 16C).

El modelo (44) es redefinido tomando la reproducción y las tasas de mortalidad como constantes

$$N_{i,j}(t + 1) = r_a N_{i,j}(t) - r_b N_{i,j}(t) - r_c(\cdot) N_{i,j}(t) + \prod_r N_{k,l}(t) \quad (54)$$

En el modelo (54), solamente la tasa de emigración está basada sobre la incertidumbre generada por la disponibilidad de los recursos (47), por lo que le llamamos modelo semi-difuso. La Figura 17 muestra una comparación entre los resultados de la simulación presentados en la Figura 16 y los resultados obtenidos por el modelo (54). En todas la graficas de la Figura 17, el nivel de estabilidad siempre es alcanzado, usando el modelo semi-difuso, en diferentes tiempos de iteración, esto solamente depende del tamaño inicial de la población. Cuando las tasas de reproducción y la mortalidad son constantes, el crecimiento de la población también es constante hasta llegar a su nivel de estabilidad, a diferencia de los casos anteriores donde el modelo (44)-(47) fue usado. En el modelo (54) la distribución heterogénea de recursos también produce diferentes configuraciones del crecimiento de la población sobre el espacio celular.



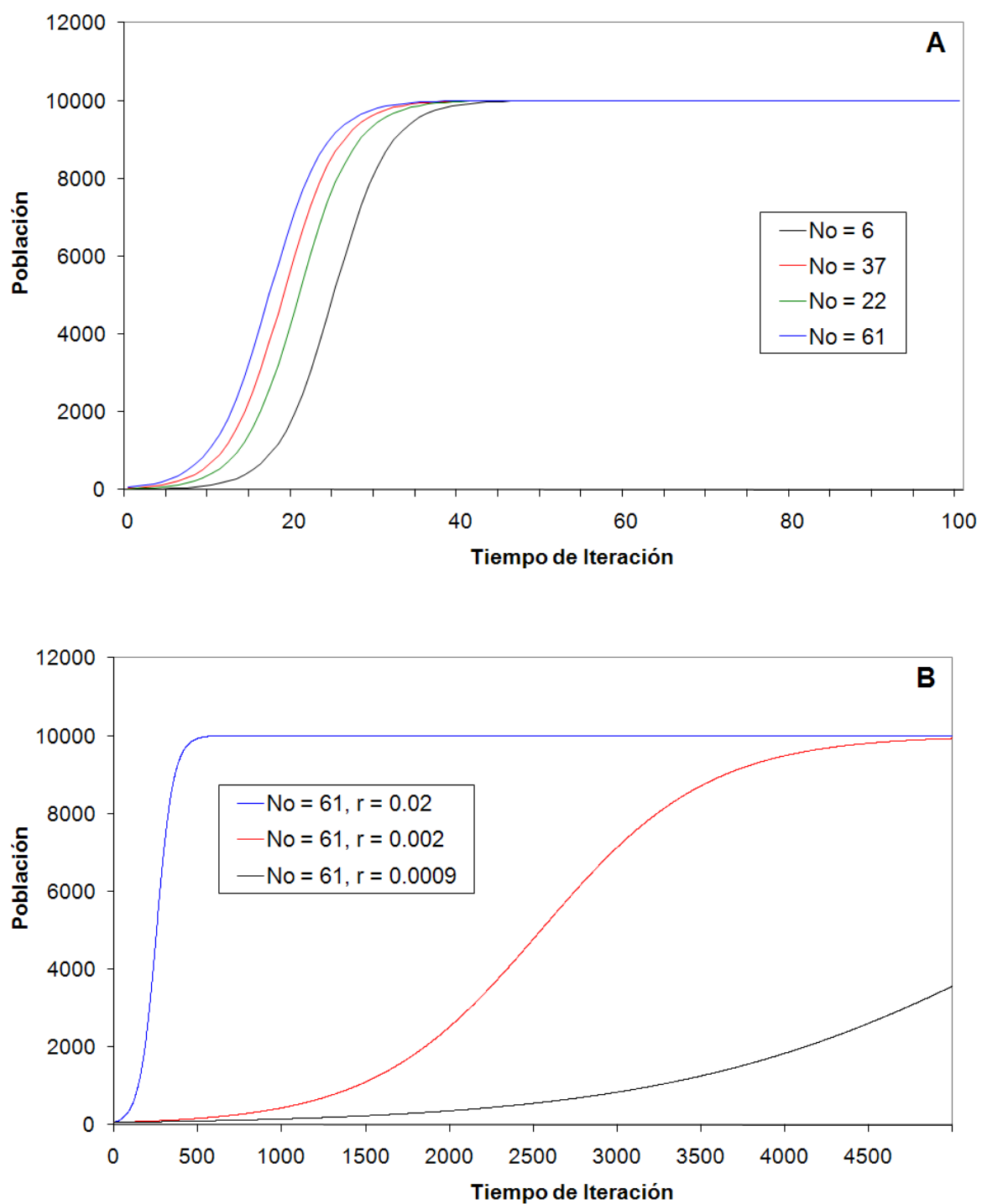
**Figura 17.** Crecimiento de la población descrito por el modelo (54) comparado contra el crecimiento de la población descrito por el modelo (44)-(47).

Con la meta de tener un marco comparativo de resultados, se ejecutaron varias simulaciones usando el modelo de Verhulst (55) para observar el crecimiento de la población,

$$N(t) = \frac{N_0 K e^{rt}}{K + N_0 (e^{rt} + 1)} \quad (55)$$

donde  $r$  y  $K$  son constantes positivas ( $K$  es llamada la capacidad de carga soportada por el medio ambiente, y  $r$  es la tasa potencial de reproducción). En

este modelo la tasa de reproducción no es considerada como variable en el tiempo ni en el espacio, y no hay emigración. Los resultados son mostrados en la Figura 18, los cuales fueron generados usando diferentes condiciones iniciales. El tiempo de iteración que la población toma en alcanzar su nivel de estabilidad depende del tamaño inicial de la población. El tiempo de iteración disminuye cuando el tamaño inicial de la población es incrementado (ver Figura 18A). Cuando la tasa de crecimiento es disminuida, el tiempo de iteración que la población toma en alcanzar su nivel de estabilidad se incrementa (ver Figura 18B). En general, con el modelo de Verlhust (55) la población siempre alcanza su máximo nivel de estabilidad y después de que esto ocurre la densidad de la población permanece constante sin cambios en el tiempo.



**Figura 18.** Crecimiento de la población descrito por el modelo de Verlhust (55).

Otros resultados fueron obtenidos ejecutando varias simulaciones usando los tres modelos (44)-(47), (54) y (55) para obtener un intervalo de tiempo promedio de iteración en donde la población alcanza su nivel máximo o local de estabilidad bajo diferentes condiciones iniciales (Tabla VII).

**Tabla VII.** Intervalos de tiempo promedio de interacción en la estabilidad. A) Modelo (44) – (47). B) Modelo (54). C) Modelo de Verlhust (54).

Distribución Células	UD 1-5	UD 5-10	AD 1-5	AD 5-10
A	90-95	50-55	100-105	95-100
B	170-180	160-179	200-220	180-200
C	40-50	30-40	40-50	30-40

En la Tabla VII el modelo C alcanza su nivel de estabilidad bajo cualquier condición inicial (ver Figura 18), y puede observarse que es un mejor modelo que los modelos B y C. Sin embargo el modelo C no es absolutamente real, porque este no considera la dispersión de los individuos y mantiene un crecimiento logístico constante sin considerar el rango de tolerancia de los individuos bajo las condiciones de los factores del medio ambiente, dejando en la estabilidad a la población durante un tiempo infinito.

Para muchas poblaciones naturales, la constante  $r$ , como es definida en el modelo de Verlhust (55), no es realmente constante a lo largo del tiempo, esto es, algunas poblaciones pequeñas tienen significativamente número bajo de encuentros para procrear, lo cual afecta el valor de  $r$ , además no hay emigración.

El modelo semi-difuso (44)–(47) tiene un comportamiento similar al modelo de Verlhust (55), porque la población siempre alcanza su máximo nivel de estabilidad sin considerar condiciones variables del medio ambiente. Sin embargo, su estructura permite mostrar el desarrollo de la población en el espacio y tiempo.

La estructura del modelo (44)–(47) muestra claramente la dinámica de la población en el espacio y tiempo, es posible observar y estudiar los efectos que los factores del medio ambiente tienen sobre la población. Por ejemplo, si cualquier requerimiento esencial es poco o cualquier característica del medio ambiente es demasiado extremo, entonces la población no crecerá a pesar de que todas las otras necesidades estén presentes. La representación del crecimiento de la población usando este modelo es más parecido el proceso ecológico natural.

Derivado de los resultados obtenidos, es posible concluir que el uso de los sistemas difusos para modelar problemas ecológicos tendrá una gran relevancia en el futuro. Por medio de ellos es posible redefinir el modelo (44)–(47) para modelar un crecimiento poblacional multi-especifico. Otra tarea a considerar en el futuro es la aplicación de este modelo y sus derivaciones para diferentes casos de estudio.

## Capítulo VII

---

### Modelo celular difuso Tipo-2 por intervalo para simular la dinámica de una población uni-especifica

---

#### VII.1 Introducción.

En el capítulo VI el modelo (44)-(47) fue diseñado para simular la dinámica de una población, donde las tasas de reproducción, mortalidad y emigración varían en el tiempo y en el espacio de acuerdo a los cambios en el medio ambiente, los cuales son producidos por la disponibilidad de recursos y espacio en una célula. Este modelo usa un sistema de inferencia difusa tipo-1 mandani usando t-norma y s-norma para evaluar los coeficientes de cambio en la dinámica de la población. Los resultados demostraron que el modelo (44)–(47) representa el crecimiento de la población mejor que usando un modelo semi-difuso (54) o el modelo de Verlhust (55).

En este capítulo usaremos el modelo (44)–(47) para simular la dinámica de una población uni-especifica. Sin embargo, nosotros diseñamos un sistema de inferencia difusa tipo-2 por intervalos de Mandani usando T-norm (min) y S-norm(max), a través de la toolbox desarrollada por [\(Castro-Rodríguez \*et al.\* 2008\)](#)

bajo el ambiente de Matlab, para evaluar los coeficientes de cambio en la dinámica de la población. Este sistema maneja la incertidumbre por un mejor camino que los sistemas de inferencia difusa tipo-1 porque provee más parámetros y más grados de incertidumbre.

## VII.2 Estructura del modelo.

La estructura del modelo es descrita paso a paso en el capítulo VI.b. Sin embargo, su definición formal final es presentada y descrita para este estudio

$$N_{i,j}(t+1) = r_n(\cdot)N_{i,j}(t) - r_m(\cdot)N_{i,j}(t) - r_e(\cdot)N_{i,j}(t) + \prod_r N_{k,l}(t) \quad (56)$$

donde

$$r_n(\cdot) = r_n(R_{i,j}, K_{i,j}, t) \text{ (nacimientos)} \quad (57)$$

$$r_m(\cdot) = r_m(R_{i,j}, K_{i,j}, t) \text{ (muertes)} \quad (58)$$

$$r_e(\cdot) = r_e(R_{i,j}, K_{i,j}, t) \text{ (emigraciones)} \quad (59)$$

$$\prod_r N_{k,l}(t) \text{ (inmigraciones)} \quad (60)$$

y donde  $\prod_r N_{i,j}(t)$  es la población vecina que emigra de una célula  $C_{k,l}$  hacia la célula  $C_{i,j}$  en términos de un radio  $r$

$$\prod_r N_{i,j}(t) = \left\{ N_{k,l}(t) \mid \max\{|k-i|, |l-j|\} \leq r \right\} \left. \vphantom{\prod_r N_{i,j}(t)} \right| \begin{matrix} 1 \leq k \leq M; \\ 1 \leq l \leq N \end{matrix} \quad (61)$$

Este modelo es derivado de la idea general que el cambio en el tamaño de la población es principalmente gobernado por la diferencia de tres términos relacionados con los nacimientos, las muertes y la emigración de individuos, y esos términos son proporcionales al tamaño de la población

### **VII.3 Sistema de Inferencia difusa tipo-2 por intervalo.**

En el estudio de la dinámica de poblaciones, la lógica difusa permite modelar muchas formas de organización biológica (Schaefer and Wilson, 2002). Hay varias extensiones que podrían ser consideradas y ellas incluyen el uso de los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo. Estos conjuntos manejan los datos usando un intervalo de incertidumbre llamado huella de incertidumbre (ver capítulo II). Los sistemas de inferencia difusa que usan los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo son llamados sistemas de lógica difusa tipo-2 por intervalos (ver capítulo II),

Nosotros diseñamos un sistema de inferencia difusa tipo-2 de Mandani usando T-norm (min) y S-norm(max), a través de la toolbox desarrollada por (Castro-Rodríguez *et al.* 2008) bajo el ambiente de Matlab, para evaluar los coeficientes de cambio en la dinámica de la población, en donde las tasas de nacimiento, mortalidad y emigración dependen de la variabilidad de los recursos del medio ambiente  $R_{i,j}$  y de la capacidad de carga  $K_{i,j}$  que soporten.

Usamos la notación de conjuntos difusos tipo-2 por intervalo para definir a los recursos del medio ambiente  $R$  y a la capacidad de carga  $K$

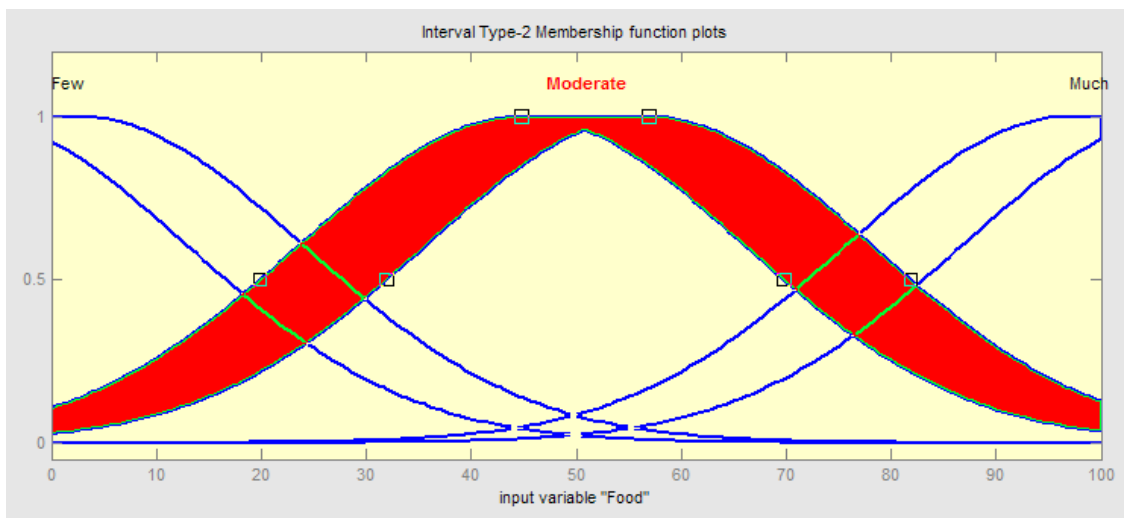
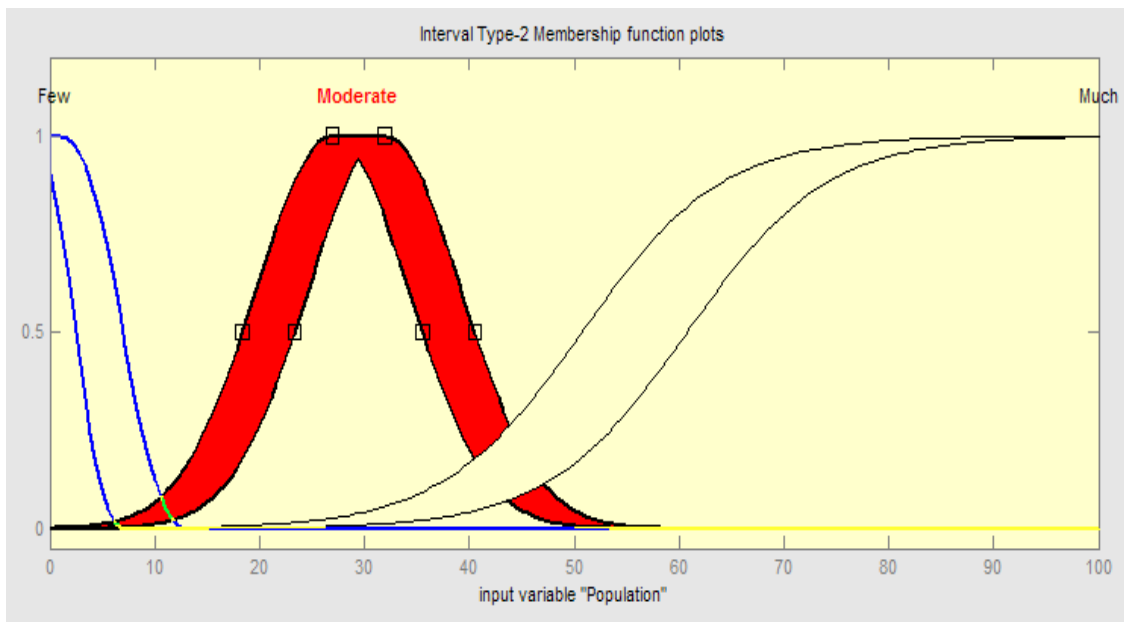
$$\tilde{R} = \{(x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_P(x), \bar{\mu}_P(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)), (\underline{\mu}_M(x), \bar{\mu}_M(x))] \subseteq [0, 1]\}$$

(62)

$$\tilde{K} = \{(x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_P(x), \bar{\mu}_P(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)), (\underline{\mu}_M(x), \bar{\mu}_M(x))] \subseteq [0, 1]\}$$

(63)

donde  $P = poco$ ,  $D = moderado$  y  $M = mucho$ . Los conjuntos difusos  $\tilde{R}$  y  $\tilde{K}$  son las variables de entrada del sistema de inferencia difusa y son caracterizadas por tres funciones de membresía: poca, moderada y mucha (ver Figura 19). Hipotéticamente, nosotros definimos el dominio de los conjuntos difusos (62) y (63).



**Figura 19.** Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo  $\tilde{R}$  (recursos) y  $\tilde{K}$  (población).

No hay un patrón definido para determinar el intervalo dado por las funciones de membrecía superior e inferior que caracterizan la huella de membrecía. Sin embargo, se definieron funciones de membrecía que definieran mejor el comportamiento de las variables de entrada.

En el sistema de inferencia, RR (tasa de reproducción), MR (tasa de mortalidad), ER (tasa de emigración) y CR (tasa de consumo de recursos) son definidos como variables de salida. RR, MR, ER y CR son conjuntos difusos tipo-2 por intervalos caracterizados por cinco funciones de membrecía: muy bajo, bajo, medio, alto, muy alto (ver Figura 20). Estas son expresadas usando la notación de conjuntos difusos tipo dos por intervalos de la siguiente forma

$$\begin{aligned} \tilde{RR} = \{ (x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \bar{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \bar{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)) \\ (\underline{\mu}_A(x), \bar{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \bar{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1] \} \end{aligned} \quad (64)$$

$$\begin{aligned} \tilde{MR} = \{ (x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \bar{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \bar{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)) \\ (\underline{\mu}_A(x), \bar{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \bar{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1] \} \end{aligned} \quad (65)$$

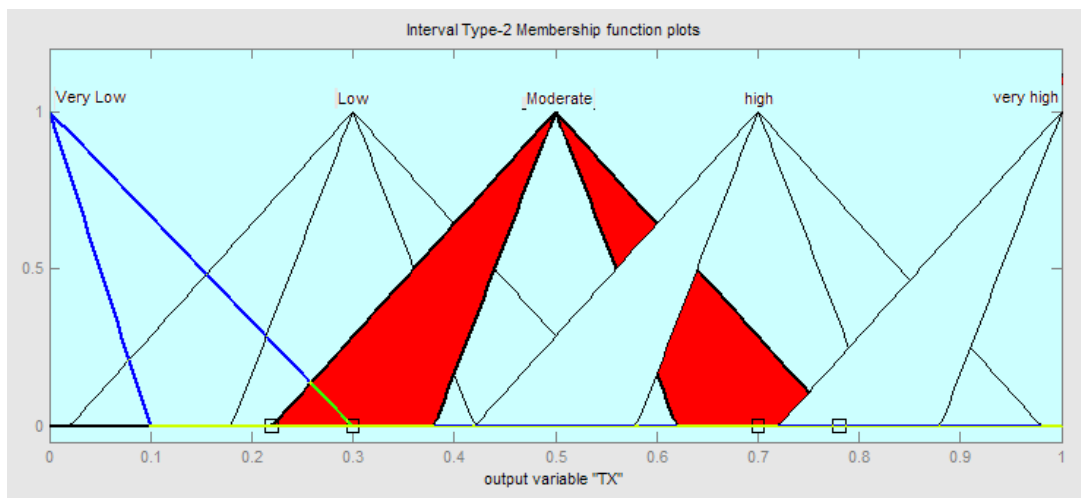
$$\begin{aligned} \tilde{ER} = \{ (x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \bar{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \bar{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)) \\ (\underline{\mu}_A(x), \bar{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \bar{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1] \} \end{aligned}$$

(66)

$$\tilde{C}\tilde{R} = \{(x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \overline{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \overline{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \overline{\mu}_D(x))$$

$$(\underline{\mu}_A(x), \overline{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \overline{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1]\}$$

(67)



**Figura 20.** Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalos  $\tilde{R}\tilde{R}$  (tasa de reproducción),  $\tilde{M}\tilde{R}$  (tasa de mortalidad),  $\tilde{E}\tilde{R}$  (tasa de emigración) y  $\tilde{C}\tilde{R}$  (tasa de consumo de recursos).

Al igual que las variables de entrada, nosotros definimos hipotéticamente el dominio de los conjuntos difusos (64)–(67). Las funciones de membresía también fueron definidas de acuerdo al comportamiento que deseamos tener sobre las variables de salida.

Las hipótesis y conclusiones que gobiernan las variaciones de las tasas de natalidad, mortalidad y emigración son expresadas por las reglas difusas construidas en el capítulo VI. Sin embargo, estas son aplicadas a conjuntos difusos tipo-2 por intervalos

1. SI  $\tilde{K}$  es poco y  $\tilde{R}$  es poco ENTONCES  $\tilde{RR}$  es bajo,  $\tilde{MR}$  es moderada,  $\tilde{ER}$  es alta,  $\tilde{CR}$  es muy baja.
2. SI  $\tilde{K}$  es poco y  $\tilde{R}$  es moderado ENTONCES  $\tilde{RR}$  es moderada,  $\tilde{MR}$  es baja,  $\tilde{ER}$  es moderada,  $\tilde{CR}$  es baja.
3. SI  $\tilde{K}$  es poca y  $\tilde{R}$  es mucho ENTONCES  $\tilde{RR}$  es alta,  $\tilde{MR}$  es muy baja,  $\tilde{ER}$  es muy baja,  $\tilde{CR}$  es baja.
4. SI  $\tilde{K}$  es moderada y  $\tilde{R}$  es poco ENTONCES  $\tilde{RR}$  es baja,  $\tilde{MR}$  es alta,  $\tilde{ER}$  es alta,  $\tilde{CR}$  es baja.
5. SI  $\tilde{K}$  es moderada y  $\tilde{R}$  es moderado ENTONCES  $\tilde{RR}$  es moderada,  $\tilde{MR}$  es moderada,  $\tilde{ER}$  es moderada,  $\tilde{CR}$  es moderada.
6. SI  $\tilde{K}$  es moderada y  $\tilde{R}$  es mucho ENTONCES  $\tilde{RR}$  es alta,  $\tilde{MR}$  es baja,  $\tilde{ER}$  es baja,  $\tilde{CR}$  es alta.
7. SI  $\tilde{K}$  es mucha y  $\tilde{R}$  es poco ENTONCES  $\tilde{RR}$  es muy baja,  $\tilde{MR}$  es muy alta,  $\tilde{ER}$  es muy alta,  $\tilde{CR}$  es muy baja.
8. SI  $\tilde{K}$  es mucha y  $\tilde{R}$  es moderado ENTONCES  $\tilde{RR}$  es baja,  $\tilde{MR}$  es moderada,  $\tilde{ER}$  es alta,  $\tilde{CR}$  es alta.

9. SI  $\tilde{K}$  es mucha y  $\tilde{R}$  es mucho ENTONCES  $\tilde{RR}$  es moderada,  $\tilde{MR}$  es moderada,  $\tilde{ER}$  es moderada,  $\tilde{CR}$  es muy alta.

## VII.4 Resultados.

Se desarrollo un programa de simulación para estudiar el comportamiento del modelo propuesto (56)-(60) al cual le llamamos IT2-FCM. La simulación se ejecuta teniendo en cada iteración los parámetros  $R_{i,j}$  y  $K_{i,j}$ . Los resultados de las simulaciones son presentados como promedios de 4 ejecuciones. Estos están clasificados en 4 casos de estudio. Cada caso es asociado a un grupo de condiciones iniciales, bajo las cuales una simulación inicia su ejecución (Tabla VIII). Los resultados obtenidos por el modelo IT2-FCM son comparados con los resultados obtenidos por el modelo (44)-(47), al cual le llamamos T1-FCM.

**Tabla VIII.** Casos de estudio.

CASO	A	B	C	D
Recurso	Uniforme	uniforme	Aleatoria	aleatoria
Células	1 – 5	5 - 10	1 - 5	5 - 10
Población	Poca	mucha	poca	mucha

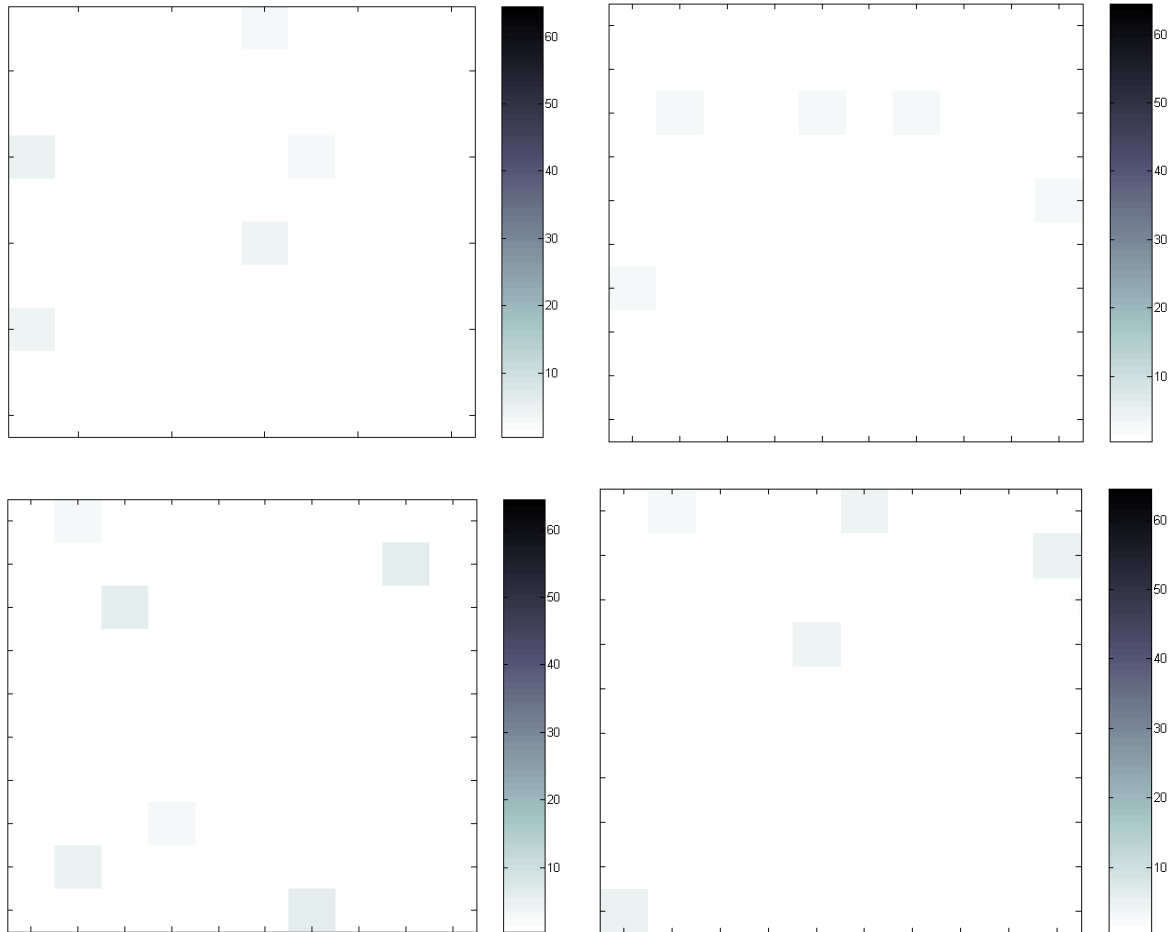
En Tabla VIII cada caso de estudio está formado por tres parámetros, los cuales son usados como condiciones iniciales en la simulación. El primero de estos corresponde a la distribución de los recursos. Estos pueden ser distribuidos uniformemente sobre el espacio celular, lo cual significa que cada célula tiene la

misma cantidad inicial de recursos y esta cantidad es la máxima que una célula puede tener. Cuando los recursos son distribuidos aleatoriamente, cada célula tiene una cantidad de recursos entre 0 y su máximo. El segundo parámetro es un número seleccionado aleatoriamente entre 1 y 5 o 5 y 10, que corresponde al número de células en donde la población inicial es distribuida, estas células son también seleccionadas aleatoriamente del conjunto de células contenidas en el espacio celular. En todos los casos la población es distribuida aleatoriamente sobre el número de las células seleccionadas. El último parámetro define el tamaño de la población inicial. Las simulaciones se ejecutan teniendo en cada iteración los parámetros  $R_{i,j}$  y  $K_{i,j}$ , los cuales corresponden al tamaño de la población y los recursos disponibles en la célula  $C_{i,j}$  al tiempo  $t$ . Estos son usados como entradas para el sistema de inferencia difusa tipo-2 por intervalos.

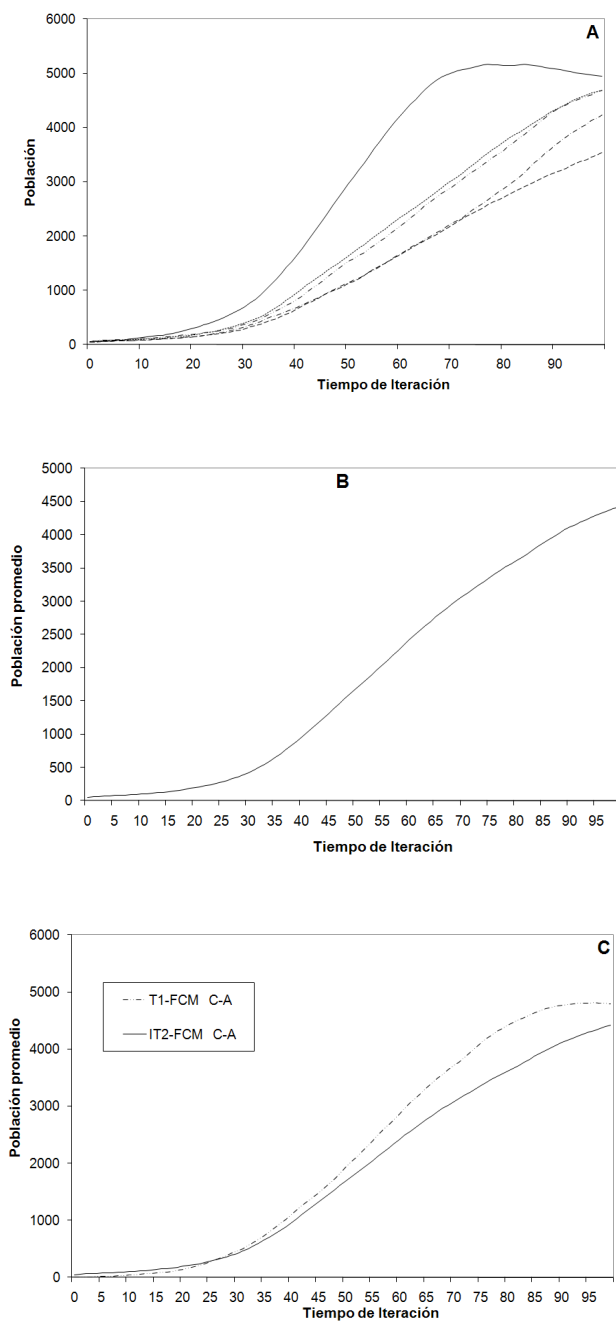
Al inicio de una simulación, una configuración inicial generada por la distribución de la población inicial sobre el espacio celular es presentada. El número de individuos en cada célula  $C_{i,j}$  al tiempo  $t$  es representado por un nivel de gris en una grafica.

Iniciamos la generación de resultados ejecutando varias simulaciones usando el CASO-A. Los resultados muestran la configuración inicial de la población inicial sobre la Figura 21. En Figura 22A se muestran varias trayectorias descritas por densidad de población durante el tiempo de ejecución de las simulaciones. Estas

muestran un crecimiento logístico, alcanzando un nivel de estabilidad al final del tiempo de iteración, y la Figura 22B muestra la trayectoria promedio.



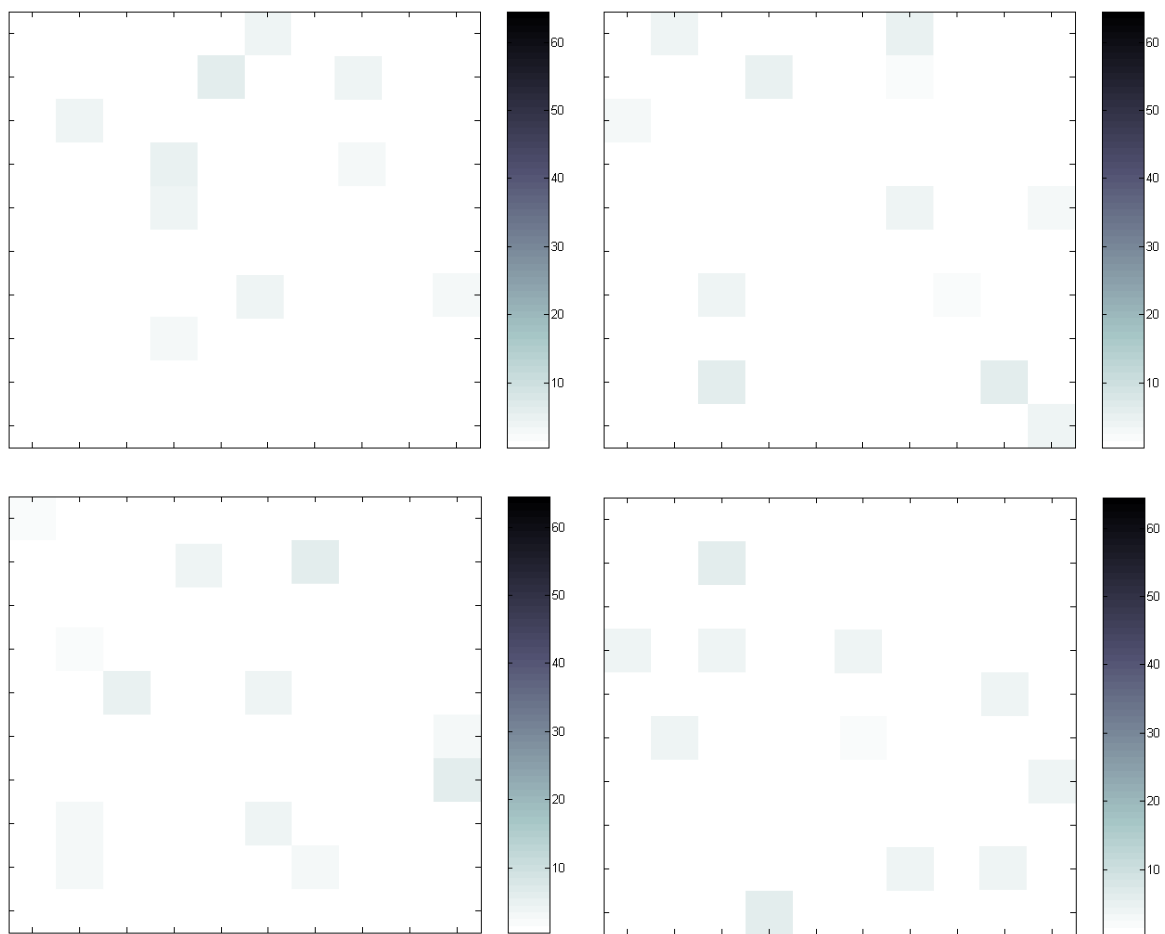
**Figura 21.** Distribución de la población sobre el espacio celular usando el CASO-A.



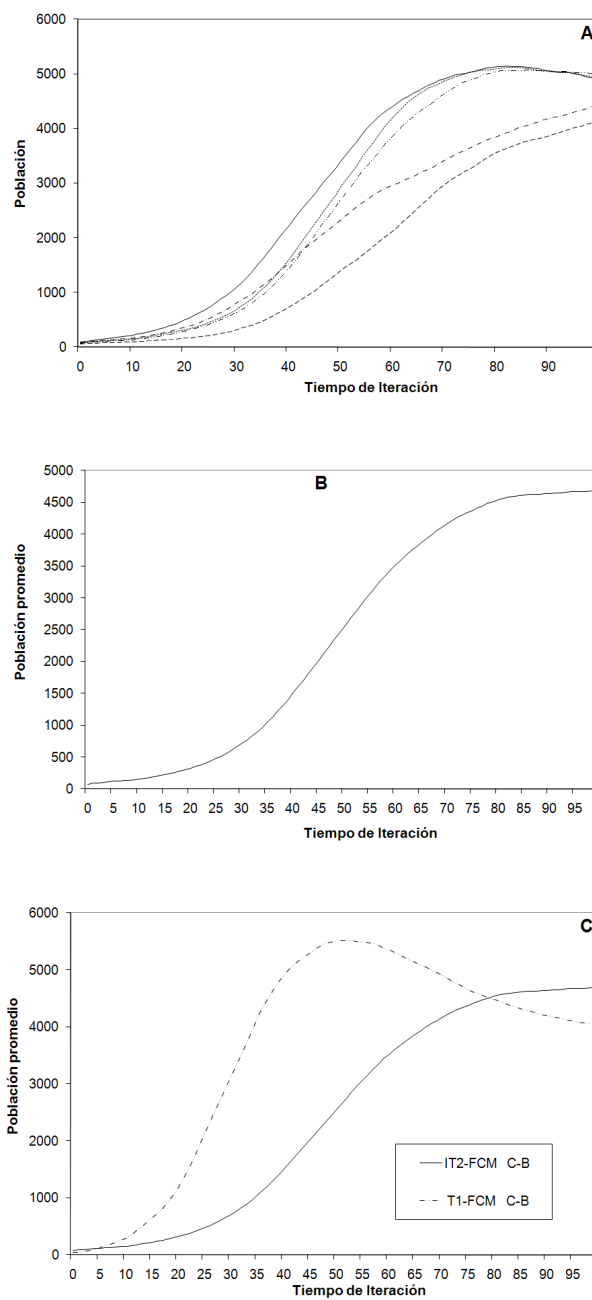
**Figura 22.** **A)** Densidad de la población. **B)** Densidad promedio de la población. Comparación entre la trayectoria **C)** y la trayectoria presentada en la Figura del capítulo VI.

El comportamiento de la población inicia sin competencia por los recursos debido a que la simulación inicio con una distribución uniforme de recursos sobre el espacio celular, entonces la probabilidad de encuentros entre los individuos de la población crece y una tasa de reproducción alta es generada. Figura 22C es una comparación entre las Figuras 22B y las trayectorias generadas por T1-FCM, las cuales fueron producidas bajo las mismas condiciones iniciales. Las trayectorias del T1-FCM permiten alcanzar niveles más altos de densidad rápidamente, por lo tanto, este muestra el inicio de una curva con permanencia sobre un nivel de estabilidad dentro de un intervalo de tiempo muy corto. Mientras que las trayectorias del IT2-FCM muestran una tendencia hacia alcanzar un nivel de estabilidad en un intervalo de tiempo más largo.

Usando el CASO-B se ejecutaron varias simulaciones. La población inicial distribuida sobre el espacio celular muestra también diferentes configuraciones (ver Figura 23). Igual que en el CASO-A, la cantidad inicial de recursos fue distribuida uniformemente y el tamaño inicial de la población es el mismo. Sin embargo el número de células fue incrementado. En este caso la probabilidad de encuentros entre los individuos de la población crece más rápido que en el CASO-A, debido a que el tamaño inicial de la población es más grande que el usado en ese caso (ver Figura 24B), por lo tanto no hay competencia por los recursos al inicio porque estos fueron distribuidos uniformemente sobre el espacio celular.



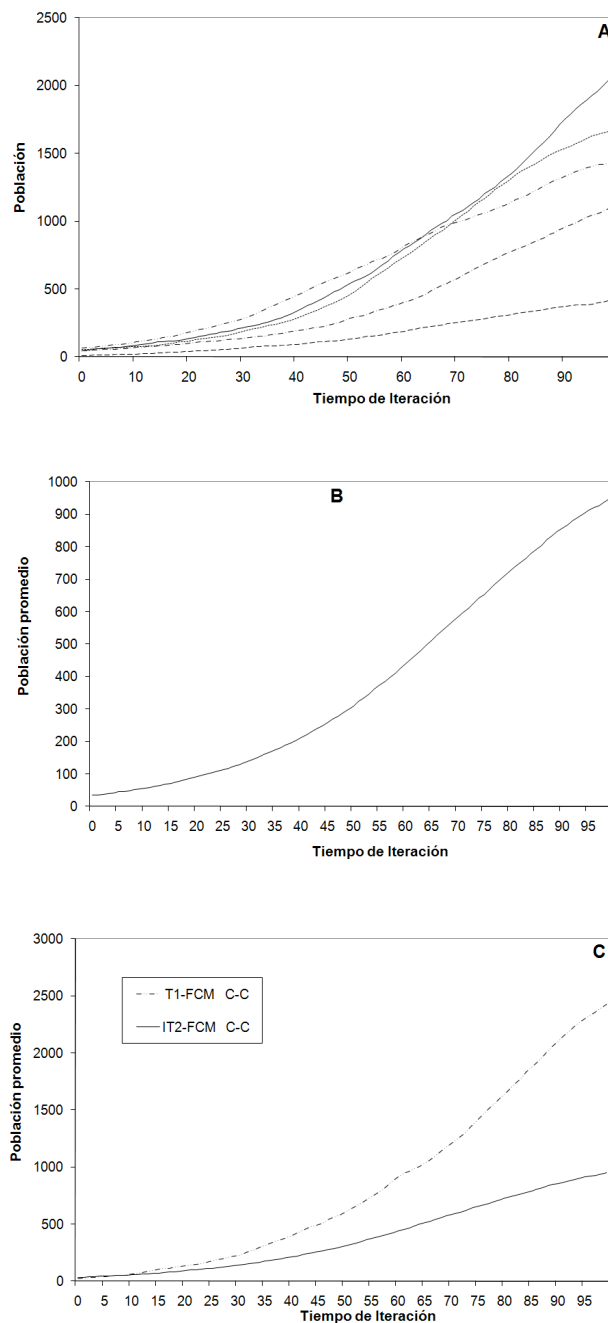
**Figura 23.** Distribución de la población sobre el espacio celular usando el CASO-B.



**Figura 24.** **A)** Densidad de la población. **B)** Densidad promedio de la población. Comparación entre la trayectoria **C)** y la trayectoria presentada en la Figura del capítulo VI.

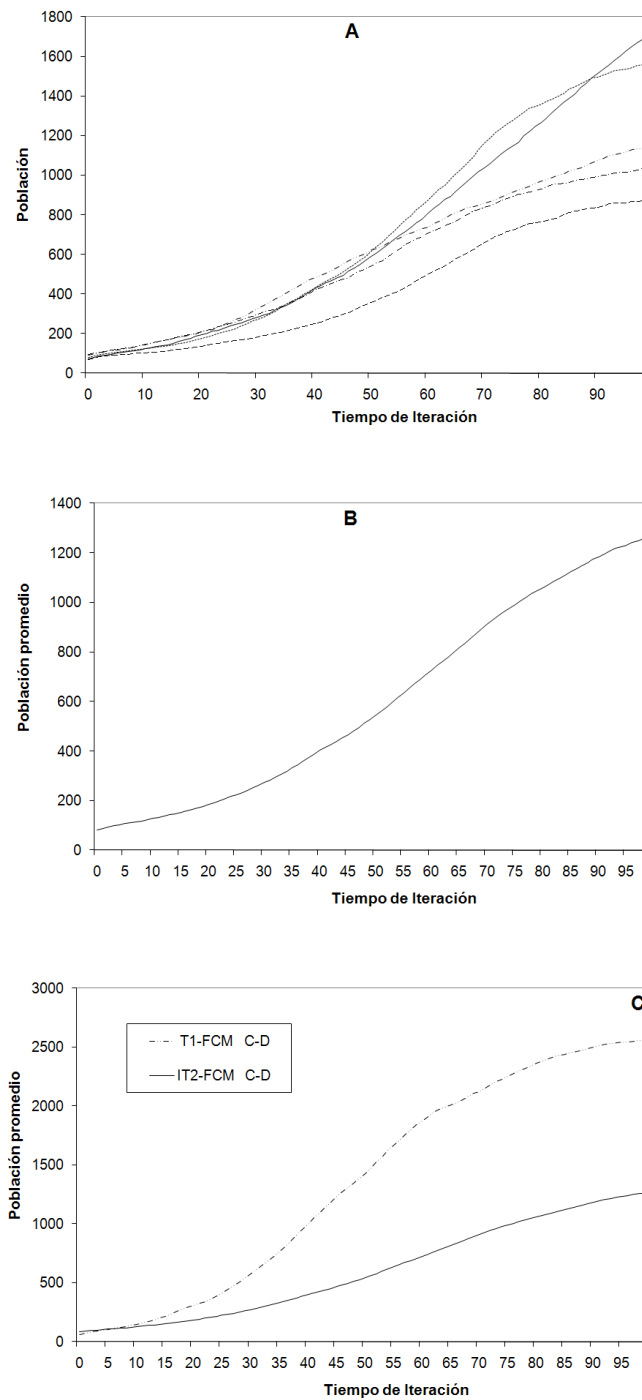
Las trayectorias mostradas en Figura 24A fueron generadas bajo las configuraciones iniciales de la Figura 23 y una trayectoria promedio es mostrada en Figura 24B. La Figura 24B y la trayectoria generada por T1-FCM bajo el mismo caso de estudio son comparadas en la Figura 24C. El T1-FCM genera una trayectoria que crece y decrece rápidamente alcanzando un nivel de estabilidad dentro de un intervalo de tiempo muy corto. IT2-FCM genera una trayectoria que alcanza niveles de estabilidad dentro de intervalos de tiempo más largos. Claramente es posible observar en Figura 24C que la población generada por T1-FCM decrece cuando la población generada por IT2-FCM alcanza su nivel de estabilidad.

Se ejecutaron varias simulaciones usando el CASO-C. Los recursos son distribuidos aleatoriamente, el tamaño de la población es más pequeño que los casos anteriores, y el número de células seleccionadas para su dispersión es de [1-5]. La distribución aleatoria de los recursos sobre el espacio celular determina otros esquemas, los cuales produce diferentes curvas de crecimiento (Figura 25A). Las condiciones iniciales para el CASO-C son un poco menos favorables. Probablemente la población esté cerca o más lejos de los recursos. Los individuos tienen como prioridad su supervivencia y no su reproducción. Por lo tanto hay competencia por los recursos disponibles. Esta es la razón principal por la que la población generada por IT2-FCM muestra densidades más bajas (Figura 25B) que la población generada por T1-FCM (Figura 25C).



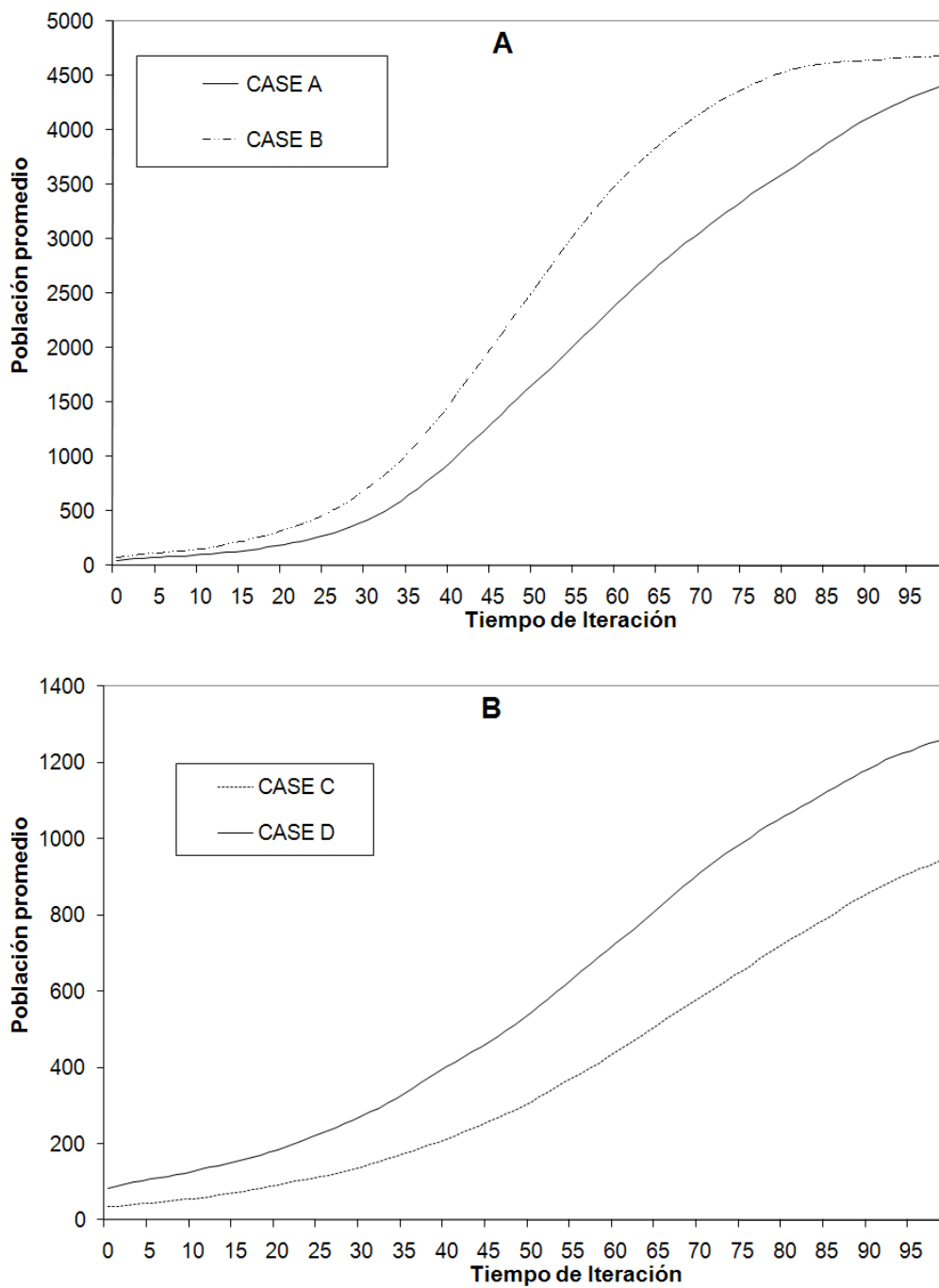
**Figura 25.** **A)** Densidad de la población. **B)** Densidad promedio de la población. Comparación entre la trayectoria **C)** y la trayectoria presentada en la Figura del capítulo VI.

Por último, se ejecutaron varias simulaciones usando el CASO-D. Las condiciones iniciales son similares a al CASO-C, pero el numero de las células seleccionadas son más que las del caso anterior [5-10]. Las densidades de la población son presentadas en la Figura 26A, y en la Figura 26B el promedio. La población crece sin alcanzar niveles de estabilidad tan altos como los previos casos (Figura 26C).



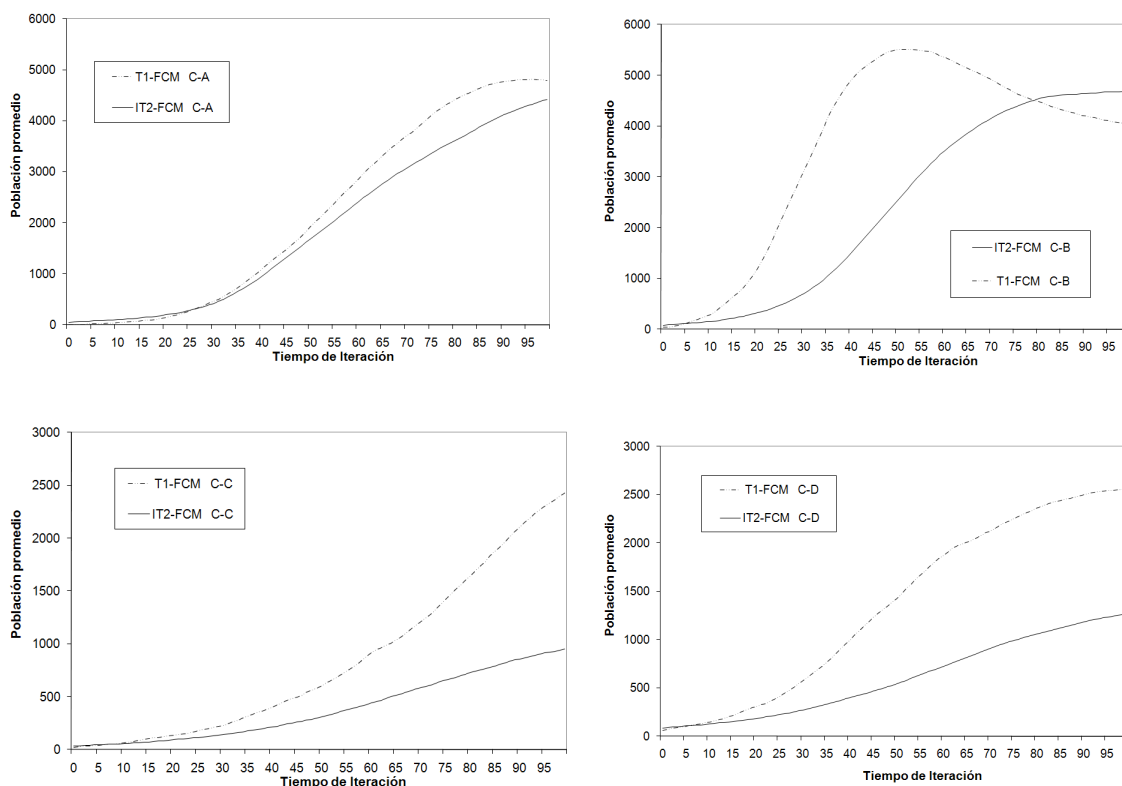
**Figura 26.** **A)** Densidad de la población. **B)** Densidad promedio de la población. Comparación entre la trayectoria **C)** y la trayectoria presentada en la Figura del capítulo VI.

Una comparación entre las poblaciones generadas usando los cuatro casos es presentada en la Figura 27. La Figura 27A muestra como una distribución uniforme de los recursos favorece a la población, esta alcanza densidades en niveles más altos que los niveles alcanzados con una distribución aleatoria, independientemente del tamaño inicial de la población (ver Figura 27B). La distribución aleatoria de los recursos produce la competencia entre los individuos por los recursos, los individuos buscan las condiciones más favorables para ellos, y si los recursos son pocos entonces ellos dejan de reproducirse y continúan buscando los recursos, lo cual implica baja densidad (Figura 27B). Quizás estos casos provoquen que la población no alcance estabilidad en niveles altos como los otros casos, y su densidad comparada con las densidades generadas por el T1-FCM son más bajas que el promedio.



**Figura 27.** Comparación entre la población promedio generada bajo las condiciones iniciales clasificadas en los cuatro casos de estudio.

La Figura 28 muestra gran diferencia entre los niveles de densidad alcanzados por la población usando ambos modelos T1-FCM y IT2-FCM bajo las condiciones iniciales clasificadas por los cuatro casos (Tabla VIII). Cuando la probabilidad de encuentros entre los individuos de la población crece rápidamente, el consumo de recursos también se incrementa rápidamente.



**Figura 28.** Comparación entre la población promedio generada por los modelos T1-FCM y IT2-FCM bajo las condiciones iniciales clasificadas en los cuatro casos de estudio.

Por lo tanto el nivel máximo de densidad de la población es alcanzado en tiempos muy cortos y su estabilidad es mantenida en intervalos de tiempo también muy

cortos, debido a que la cantidad de recursos disponibles no es suficiente para que la población permanezca en su nivel máximo de densidad (Tabla IX).

**Tabla IX.** Intervalos de tiempo promedio donde la población permanece en su nivel de estabilidad.

CASO	A	B	C	D
T1-FCM	90 – 95	50 - 55	100 - 105	95 – 100
IT2-FCM	100 – 120	80 - 120	120 - 150	100 – 130

Claramente, los datos presentados en la Tabla IX demuestran que el IT2-FCM garantiza la supervivencia de la población durante intervalos de tiempo más largos que el T1-FCM en todos los casos. Sin embargo, en los CASOS C y D el IT2-FCM muestra niveles de densidad más bajas que el T1-FCM. Para los biólogos es importante garantizar la presencia de las especies a través del tiempo sobre niveles de densidad más altos (Schaefer and Wilson, 2002). Por lo tanto, en algunos casos es más conveniente usar un IT2-FCM que usar un T1-FCM.

## Capítulo VIII

---

### Modelo celular difuso Tipo-2 por intervalo para simular la dinámica de una población estructurada

---

#### VIII.1 Introducción.

Modelos de población estructurada distinguen individuos de otros de acuerdo a las características tales como la edad o el tamaño, para determinar las tasas de nacimientos y muertes. El estudio del crecimiento de la población estructurada tiene una historia larga en la biología de poblaciones. La edad es una de las características más importantes en la modelación de poblaciones (por ejemplo en Epidemiología (Li and Braur, 2008)). Individuos con edades diferentes deben tener diferentes capacidades de reproducción y sobrevivencia. Por lo tanto, es importante dividir una población dentro de diferentes grupos por edad, para obtener una mejor descripción sobre la dinámica de la población.

Nosotros presentamos un nuevo modelo de crecimiento poblacional estructurada por edad para simular la dinámica de una cierta especie de pájaros. El ciclo de vida de una especie está compuesta por estadios (edad o tamaño) (Stone, 1997). Los estadios son genéticamente estados determinados por los que todos los

individuos de una especie pasan a través del tiempo. El ciclo de vida, en tiempo ecológico, es una “constante”, mientras la tasa a la cual los individuos se reproducen, crecen y mueren, es una variable específica del medio ambiente en espacio y tiempo (Ruyong, 1983). La especie de pájaros tiene un ciclo de vida menos complicado que cualquier otro animal (Noon and Sauer, 1992). Por lo tanto, algunas características sobre su evolución son más fáciles de representar en nuestro modelo.

Modelos matemáticos de poblaciones con estructura espacial, estructura de edad, u otras estructuras de individuos, variando sus propiedades continuamente han sido desarrollados por muchos investigadores (Webb, 2008). Sin embargo, estos modelos son complejos matemáticamente, y su aplicabilidad científica depende sobre entradas paramétricas extensivas. Más aun, la descripción matemática de muchos procesos biológicos requiere elaborar formulaciones matemáticas basadas en ecuaciones diferenciales e integrales, y una validación científica intensa. Para usar un número discreto de clases de edad y una estructura celular difusa en un modelo de crecimiento poblacional es solamente un técnica conveniente para aproximar este modelo.

En este capítulo, nosotros construimos un modelo celular difuso para simular el crecimiento de una población de una especie de pájaros estructurada por edad. Un sistema de inferencia difusa tipo-2 por intervalo evalúa el efecto causado por el medio ambiente sobre la población y determina cuantos individuos de una clase

de edad mueren, se mueven a la siguiente clase de edad, cuantos nuevos individuos nacerán de los miembros de la clase de edad reproductiva. Nuestro modelo provee un marco de trabajo para predecir la población futura de una especie pájaros en cada estadio.

## VIII.2 Estructura del modelo.

La coexistencia de una población esta considerablemente ligada a un fenómeno de espacio auto organizado, en el cual la conexión de la dinámica no lineal y la dispersión de los individuos forman estructuras definidas por densidad de población variable (Bascompt, 2009). Por lo tanto, el concepto espacio está integrado en nuestro modelo de crecimiento población estructurado en edad usando una estructura celular.

Sea  $N_{i,j}(t+1)$  la densidad de población local en la célula  $C(i, j)$  al tiempo  $t+1$

$$N_{i,j}(t+1) = \underbrace{\beta N_{i,j}(t)}_{\text{natality}} - \underbrace{\lambda N_{i,j}(t)}_{\text{mortality}} - \underbrace{\sigma N_{i,j}(t)}_{\text{emigration}} + \underbrace{\prod_r N_{i,j}(t)}_{\text{immigration}}, \quad (68)$$

donde las constantes  $\beta$  y  $\lambda$  corresponden a las tasas de natalidad y mortalidad respectivamente y  $\sigma$  es la tasa de emigración, la cual determina la densidad de la población que emigra hacia las células vecinas desde una célula  $C(i, j)$ , de acuerdo a una regla local. La vecindad de la célula  $C(i, j)$  en términos de un radio  $r$  es representada por

$$\prod_r C_{i,j} = \left\{ C_{k,j} \left| \begin{array}{l} \max\{|k-1|, |l-j|\} \leq r \\ 1 \leq k \leq M; 1 \leq l \leq N \end{array} \right. \right\}, \quad (69)$$

donde  $r$  es un numero entero positivo y  $(k,l)$  es la coordenada de otra célula, donde la magnitud de la diferencia entre  $(i,k)$  y  $(j,l)$  no excede el valor de  $r$ . Por lo tanto la población que inmigra de cualquier célula vecina  $C_{k,l}$  hacia la célula  $C_{i,j}$  al tiempo  $t$  esta expresada como

$$\prod_r N_{i,j}(t). \quad (70)$$

Asumiendo que la población inicial  $N_0$  es distribuida sobre el espacio celular, nosotros obtenemos que la población total al tiempo  $t+1$  está expresada por

$$N_T(t+1) = \sum_i \sum_j N_{i,j}(t). \quad (71)$$

Los parámetros demográficos de muchas poblaciones varían con la edad de los individuos. Una población de pájaros estructurada en edad es considerada en nuestro modelo. Por lo tanto la población total de individuos al tiempo  $t+1$  es dada por la densidad de la población de cada clase de edad  $k$ , localizada en cada célula  $C(i,j)$  al tiempo  $t$

$$N_T(t+1) = \sum_i \sum_j \sum_k N_{i,j}^k(t), \quad (72)$$

donde el límite de  $k$  es la edad cronológica de la especie considerada, por supuesto,  $k$  es un numero finito. Para determinar cuántos individuos de una clase de edad específica mueren, nacen y sobreviven durante cada unidad de tiempo, cuantos individuos se mueven hacia la siguiente clase de edad, y cuantos

individuos emigran hacia las otras células, es necesario definir  $\sum_k N_{i,j}^k(t)$  en términos de los estadios de vida del pájaro

La población de pájaros tiene tres estadios: polluelos  $H$ , juveniles  $J$  y adultos  $A$ . Un polluelo es un individuo joven que todavía es atendido por sus padres para alimentarse. El periodo de ser un polluelo varía considerablemente entre diferentes especies. Nosotros consideramos una especie donde los polluelos estén con sus padres durante una unidad de tiempo completa. Cuando los polluelos están listos para dejar a sus padres, ellos llegan a ser juveniles. Los juveniles aun no están listos para reproducirse. Los juveniles quienes sobreviven una unidad de tiempo completa llegan a ser adultos. Los adultos están listos para dejar huevos y aumentar el número de polluelos. El ciclo de vida del pájaro antes mencionado puede ser expresado redefiniendo la ecuación (68) para modela el crecimiento de la población como una agregación de clases de edad

$$N_T(t+1) = \sum_i \sum_j \underbrace{H_{i,j}(t)}_{\text{chicks}} + \underbrace{J_{i,j}(t)}_{\text{juveniles}} + \underbrace{A_{i,j}(t)}_{\text{adults}}. \quad (73)$$

El número de polluelos del siguiente año serán los polluelos nacidos del número de adultos de ese año

$$H_{i,j}(t+1) = \underbrace{\beta_A A_{i,j}(t)}_{\text{new chicks}}, \quad (74)$$

donde  $\beta_A$  es la tasa de natalidad de la población adulta. Los polluelos sobrevivientes de ese año llegan a ser los juveniles del siguiente año.

$$J_{i,j}(t+1) = \underbrace{H_{i,j}(t) - \lambda_H H_{i,j}(t)}_{\text{survivor chicks}}, \quad (75)$$

donde  $\lambda_H$  es la tasa de mortalidad de la población polluelos. Los pájaros adultos del siguiente año serán la suma de los pájaros adultos sobrevivientes, más los pájaros juveniles que sobrevivientes, menos los pájaros adultos que emigraron, mas los pájaros adultos que inmigraron de cualquier célula vecina  $C(k,l)$  hacia la célula  $C(i,j)$ , todos ellos del tiempo  $t$

$$A_{i,j}(t+1) = \left\{ \underbrace{J_{i,j}(t) - \lambda_J J_{i,j}(t)}_{\text{survivor juveniles}} \right\} + \left\{ \underbrace{A_{i,j}(t) - \lambda_A A_{i,j}(t)}_{\text{survivor adults}} \right\} - \left\{ \underbrace{\sigma_A A_{i,j}(t)}_{\text{emigrated adults}} \right\} + \underbrace{\prod_r N_{i,j}(t)}_{\text{immigrated adults}}, \quad (76)$$

donde  $\lambda_J$  es la tasa de mortalidad de la población juvenil,  $\lambda_A$  y  $\sigma_A$  son las tasas de mortalidad y emigración de la población adulta respectivamente.

En un sistema ecológico, los individuos de una población compiten para ocupar el mismo lugar en su hábitat. El hábitat es el espacio en donde un individuo vive, junto con los recursos bióticos y abióticos que hacen posible su supervivencia, tal como la temperatura, la humedad, el gradiente de altitud, el valor del pH, la comida, el espacio, etc. Los recursos afectan positivamente o negativamente a la densidad de la población. La población no mantiene el mismo crecimiento en cada punto de su espacio ecológico (Christians and Fencl, 1977). En algunos puntos la población muestra un crecimiento óptimo, pero en otros la población muestra un crecimiento subóptimo. Por lo antes dicho, las ecuaciones (74)-(76) son modificadas para redefinir las tasas de natalidad, mortalidad y emigración de cada

clase de edad, en términos de una función de dos parámetros: recursos  $R$  necesarios para que la población se desarrolle y la capacidad de carga  $K$  (número de individuos), ambos localizados en la célula  $C(i, j)$  al tiempo  $t$ , Sea

$$H_{i,j}(t+1) = \underbrace{\beta_A(R_{i,j}(t), K_{i,j}(t))A_{i,j}(t)}_{\text{new chicks}}, \quad (77)$$

$$J_{i,j}(t+1) = \underbrace{H_{i,j}(t) - \lambda_H(R_{i,j}(t), K_{i,j}(t))H_{i,j}(t)}_{\text{survivor chicks}}, \quad (78)$$

$$A_{i,j}(t+1) = \left\{ \underbrace{J_{i,j}(t) - \lambda_J(R_{i,j}(t), K_{i,j}(t))J_{i,j}(t)}_{\text{survivor juveniles}} \right\} + \left\{ \underbrace{A_{i,j}(t) - \lambda_A(R_{i,j}(t), K_{i,j}(t))A_{i,j}(t)}_{\text{survivor adults}} \right\} - \left\{ \underbrace{\sigma_A(R_{i,j}(t), K_{i,j}(t))A_{i,j}(t)}_{\text{emigrated adults}} \right\} + \underbrace{\prod_r N_{i,j}(t)}_{\text{immigrated adults}}. \quad (79)$$

### VIII.3 Sistema de inferencia difusa tipo-2 por intervalo.

La población de cada clase de edad depende en todo momento sobre el balance existente entre los parámetros  $R$  y  $K$ . Por lo tanto, es posible que el comportamiento de estos parámetros tenga un rango de posibilidades en su propio rango de incertidumbre, las cuales pueden ser representadas a través de la FOU de un conjunto difuso tipo-2 por intervalo (ver capítulo VII).

Nosotros diseñamos un sistema de inferencia difusa tipo-2 de Mandani usando T-norm (min) y S-norm(max), a través de la toolbox desarrollada por (Castro *et al.*

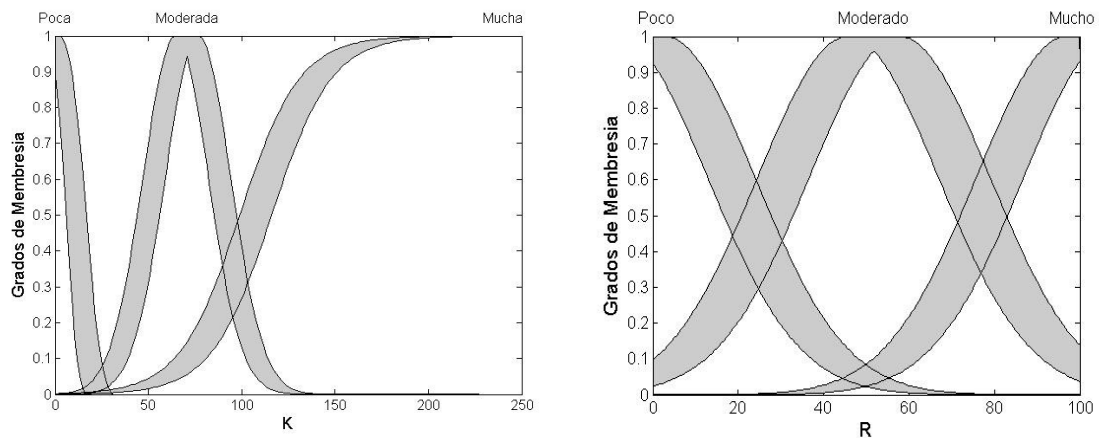
2007) bajo el ambiente de Matlab, para evaluar los coeficientes de cambio en la dinámica de la población, en donde las tasas de nacimiento, mortalidad y emigración dependen de la variabilidad de los recursos del medio ambiente  $R_{i,j}$  y de la capacidad de carga  $K_{i,j}$  que soporten.

Usamos la notación de conjuntos difusos tipo-2 por intervalo para definir a  $R$  y  $K$ ,

$$\tilde{R} = \{(x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_P(x), \bar{\mu}_P(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)), (\underline{\mu}_M(x), \bar{\mu}_M(x))] \subseteq [0, 1]\}$$
(80)

$$\tilde{K} = \{(x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_P(x), \bar{\mu}_P(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)), (\underline{\mu}_M(x), \bar{\mu}_M(x))] \subseteq [0, 1]\}$$
(81)

donde  $P = poco$ ,  $D = moderado$  y  $M = mucho$ . Los conjuntos difusos  $\tilde{R}$  y  $\tilde{K}$  son las variables de entrada del sistema de inferencia difusa y son caracterizadas por tres funciones de membresía: poca, moderada y mucha (ver Figura 29). Hipotéticamente, nosotros definimos el dominio de los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo (80) y (81).



**Figura 29.** Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo  $\tilde{R}$  (recursos) y  $\tilde{K}$  (población).

El dominio de la variable de entrada  $\tilde{R}$  está definido por el intervalo [0-100], y representa el porcentaje de recursos disponibles en la célula  $C(i, j)$  al tiempo  $t$ . El dominio de la variable de entrada  $\tilde{K}$  está definido por el intervalo [0-250], y representa el número de individuos localizados en la célula  $C(i, j)$  al tiempo  $t$ , sustentados por los recursos disponibles en la célula  $C(i, j)$  al tiempo  $t$ . Nosotros suponemos que la máxima cantidad de pájaros que una célula puede tener es 250. En las simulaciones, la cantidad de pájaros distribuidos inicialmente sobre el espacio celular podría ser más pequeña que 50. Esta condición permite que la población localizada en la célula  $C(i, j)$  no exceda la máxima cantidad de pájaros que una célula puede tener durante el intervalo de tiempo simulado.

No hay un criterio para escoger las funciones de membresía apropiadas para caracterizar los conjuntos difusos (Zadeh, 1975). Sin embargo, nosotros usamos

las funciones de membrecía más apropiadas para definir  $\tilde{R}$  y  $\tilde{K}$ . El tamaño del intervalo de los conjuntos difusos  $\tilde{R}$  and  $\tilde{K}$  es establecido arbitrariamente sin considerar algunos patrones de referencia. En el capítulo VII, se demostró que los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo estabilizan la densidad de la población sobre niveles de equilibrio altos durante un intervalo de tiempo más largo que un sistema los conjuntos difusos tipo-1.

En el sistema de inferencia, ANR (tasa de natalidad de la población adulta), AMR (tasa de mortalidad de la población adulta), JMR (tasa de mortalidad de la población juvenil), CMR (tasa de mortalidad de la población chicos), AER (tasa de emigración de la población adulta) y RCR (tasa de consumo de recursos) son definidos como variables de salida. ANR, AMR, JMR, CMR, AER y RCR son conjuntos difusos tipo-2 por intervalos caracterizados por cinco funciones de membrecía: muy bajo, bajo, medio, alto, muy alto (ver Figuras 30 y 31). Estas son expresadas usando la notación de conjuntos difusos tipo-2 por intervalos de la siguiente forma

$$\begin{aligned} \tilde{ANR} = \{ (x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \bar{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \bar{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)) \\ (\underline{\mu}_A(x), \bar{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \bar{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1] \} \end{aligned} \quad (82)$$

$$\begin{aligned} \tilde{AMR} = \{ (x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \bar{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \bar{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)) \\ (\underline{\mu}_A(x), \bar{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \bar{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1] \} \end{aligned}$$

(83)

$$\begin{aligned} \tilde{JMR} = \{ (x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \bar{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \bar{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)) \\ (\underline{\mu}_A(x), \bar{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \bar{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1] \} \end{aligned}$$

(84)

$$\begin{aligned} \tilde{CMR} = \{ (x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \bar{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \bar{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)) \\ (\underline{\mu}_A(x), \bar{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \bar{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1] \} \end{aligned}$$

(85)

$$\begin{aligned} \tilde{AER} = \{ (x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \bar{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \bar{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)) \\ (\underline{\mu}_A(x), \bar{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \bar{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1] \} \end{aligned}$$

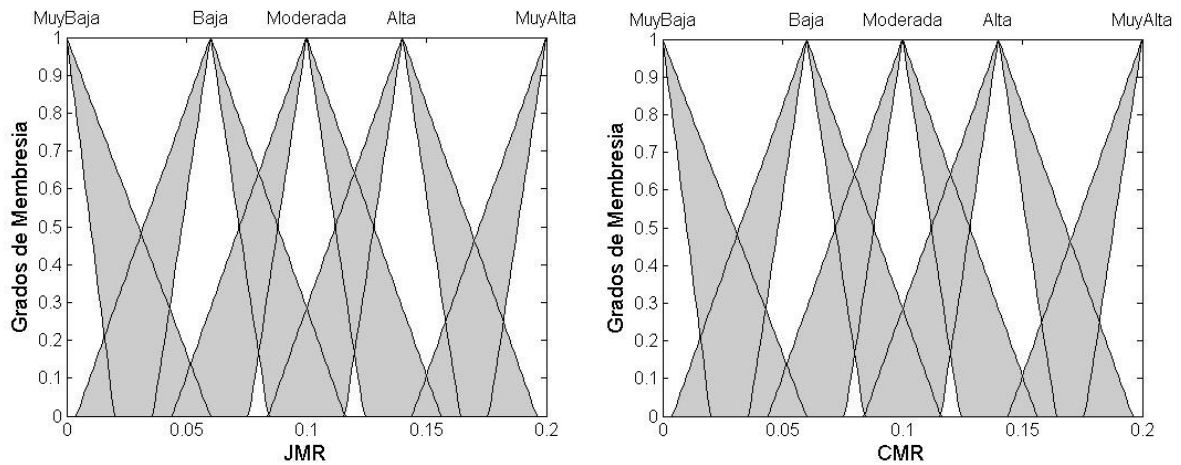
(86)

$$\begin{aligned} \tilde{RCR} = \{ (x, u, 1) \mid \forall x \in X, \forall u \in [(\underline{\mu}_{MB}(x), \bar{\mu}_{MB}(x)), (\underline{\mu}_B(x), \bar{\mu}_B(x)), (\underline{\mu}_D(x), \bar{\mu}_D(x)) \\ (\underline{\mu}_A(x), \bar{\mu}_A(x)), (\underline{\mu}_{MA}(x), \bar{\mu}_{MA}(x))] \subseteq [0, 1] \} \end{aligned}$$

(87)

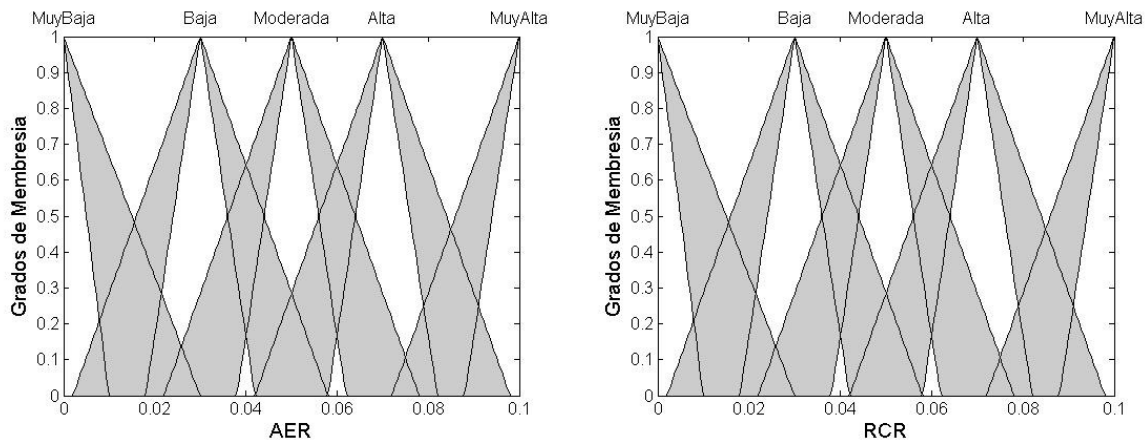


**Figure 30** Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo  $\widetilde{ANR}$  (tasa de natalidad de la población adulta) y  $\widetilde{AMR}$  (tasa de mortalidad de la población adulta).



**Figure 31.** Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo  $\widetilde{JMR}$  (tasa de mortalidad de la población juvenil) y  $\widetilde{CMR}$  (tasa de mortalidad de la población chica).

Nosotros definimos hipotéticamente el dominio de las variables de salida bajo la interpretación del ciclo de vida del pájaro. Los dominios de las variables de salida AMR, JMR y CMR son iguales (Figuras 30 y 31). Sin embargo, la diferencia está en la definición de las reglas, en donde asumimos que la tasa de sobrevivencia de los pájaros adultos es más alta que la tasa de sobrevivencia de los pájaros juveniles, y la tasa de sobrevivencia de los pájaros juveniles es más alta que la tasa de sobrevivencia de los pájaros polluelos (ver reglas difusas). El dominio de la variable de salida ANR es más alto que los dominios de las variables de salida AMR, JMR y CMR. Nosotros asumimos que solamente los pájaros adultos pueden reproducirse y en gran cantidad (Figuras 30 y 31). Además, las tasas de mortalidad de los pájaros juveniles y los pájaros polluelos deben ser más pequeños que la tasa de mortalidad de los pájaros adultos, porque los pájaros polluelos deben sobrevivir dos unidades de tiempo antes de que ellos lleguen a ser pájaros adultos. La baja tasa de mortalidad de los pájaros polluelos es establecida porque los polluelos son alimentados por sus padres durante una unidad de tiempo, lo cual implica que haya una gran sobrevivencia de los pájaros polluelos. Sin embargo, los pájaros juveniles sobreviven en cantidades más grandes que los pájaros que mueren, porque ellos tienen una gran resistencia física.



**Figure 32.** Funciones de membresía caracterizando a los conjuntos difusos tipo-2 por intervalo  $\widetilde{AER}$  (tasa de emigración de la población adulta) y  $\widetilde{RCR}$  (tasa de consumo de recursos).

Los dominios de las variables de salida de AER y RCR son más pequeños que los dominios de las otras variables de salida (Figura 32). En el caso de AER asumimos que los pájaros adultos tienen la misma posibilidad de emigrar que cualquier otra especie que no es pájaro. Su rango de valores es muy pequeño porque asumimos que la emigración es la decisión final que los pájaros tomarían después de consumir todos sus recursos. RCR fue incluida como una variable de salida para simular el consumo de recursos por la población local en cada célula  $C(i, j)$ . El dominio de la variable de salida RCR es muy importante porque este determina la velocidad de crecimiento y decrecimiento de la población. Su dominio

está asociado a la relación entre el número de pájaros y el porcentaje de recursos consumidos.

Las reglas son derivada de la interpretación sobre el crecimiento poblacional establecido por las leyes básicas de la Ecología (Haeming, 2008) Además, la interpretación derivada del ciclo de vida del pájaro es tomada en cuenta para determinar las implicaciones de las reglas difusas (Schaefer and Wilson, 2002). Esta interpretación es la siguiente: en algunas especies de pájaros, los juveniles tiene una tasa de sobrevivencia más baja que la de los pájaros polluelos, porque sus padres no toman cuidado de ellos de la misma manera que toman cuidado por los pájaros polluelos. Los pájaros juveniles no tienen establecido su territorio y no han aprendido a sobrevivir como los pájaros adultos. Sin embargo, nosotros suponemos que los pájaros juveniles son más fuertes para sobrevivir sin ayuda de sus padres. Por lo tanto, los pájaros juveniles tendrán una tasa de sobrevivencia más alta que los pájaros polluelos. Los pájaros juveniles no están listos para reproducirse, y los que sobreviven una unidad de tiempo llegan a ser pájaros adultos. Los pájaros adultos tienen una tasa de sobrevivencia relativamente alta y por supuesto pueden dejar huevos, por lo tanto los pájaros polluelos incrementan su densidad. El comportamiento antes mencionado es representado por 9 reglas difusas:

- 1) SI  $\tilde{K}$  es poco y  $\tilde{R}$  es poco ENTONCES:  $\widetilde{ANR}$  es muy Bajo,  $\widetilde{AMR}$  es moderado,  $\widetilde{JMR}$  es alto,  $\widetilde{CMR}$  es muy alto,  $\widetilde{AER}$  es muy alto y  $\widetilde{RCR}$  es muy Bajo.

- 2) SI  $\tilde{K}$  es poco y  $\tilde{R}$  es moderado ENTONCES:  $\overline{ANR}$  es moderado,  $\overline{AMR}$  es bajo,  $\overline{JMR}$  es moderado,  $\overline{CMR}$  es alto,  $\overline{AER}$  es moderado y  $\overline{RCR}$  es bajo.
- 3) SI  $\tilde{K}$  es poco y  $\tilde{R}$  es mucho ENTONCES:  $\overline{ANR}$  es muy alto,  $\overline{AMR}$  es muy bajo,  $\overline{JMR}$  es bajo,  $\overline{CMR}$  es moderado,  $\overline{AER}$  es muy bajo y  $\overline{RCR}$  es moderado.
- 4) SI  $\tilde{K}$  es moderado y  $\tilde{R}$  es poco ENTONCES:  $\overline{ANR}$  es bajo,  $\overline{AMR}$  es alto,  $\overline{JMR}$  es muy alto,  $\overline{CMR}$  es muy alto,  $\overline{AER}$  es alto y  $\overline{RCR}$  es bajo.
- 5) SI  $\tilde{K}$  es moderado y  $\tilde{R}$  es moderado ENTONCES:  $\overline{ANR}$  es moderado,  $\overline{AMR}$  es moderado,  $\overline{JMR}$  es moderado,  $\overline{CMR}$  es moderado,  $\overline{AER}$  es moderado y  $\overline{RCR}$  es moderado.
- 6) SI  $\tilde{K}$  es moderado y  $\tilde{R}$  es mucho ENTONCES:  $\overline{ANR}$  es alto,  $\overline{AMR}$  es bajo,  $\overline{JMR}$  es bajo,  $\overline{CMR}$  es moderado,  $\overline{AER}$  es bajo y  $\overline{RCR}$  es alto.
- 7) SI  $\tilde{K}$  es mucho y  $\tilde{R}$  es poco ENTONCES:  $\overline{ANR}$  es muy bajo,  $\overline{AMR}$  es muy alto,  $\overline{JMR}$  es muy alto,  $\overline{CMR}$  es muy alto,  $\overline{AER}$  es muy alto y  $\overline{RCR}$  es moderado.
- 8) SI  $\tilde{K}$  es mucho y  $\tilde{R}$  es moderado ENTONCES:  $\overline{ANR}$  es bajo,  $\overline{AMR}$  es moderado,  $\overline{JMR}$  es alto,  $\overline{CMR}$  es muy alto,  $\overline{AER}$  es alto y  $\overline{RCR}$  es alto
- 9) SI  $\tilde{K}$  es mucho y  $\tilde{R}$  es mucho ENTONCES:  $\overline{ANR}$  es moderado,  $\overline{AMR}$  es bajo,  $\overline{JMR}$  es moderado,  $\overline{CMR}$  es alto,  $\overline{AER}$  es moderado y  $\overline{RCR}$  es muy alto.

Las hipótesis y consecuencias representadas por las reglas difusas son presentadas en una tabla de valores solamente con la idea de simplificar mejor el entendimiento de estas (Tabla X).

**Tabla X.** Combinación formada por los estados de las variables de entrada y las variables de salida. \*Los estados tomados por las variables de salida JMR y CMR de acuerdo al ciclo de vida de los pájaros. Mode es una abreviación de Moderado.

Variables de entrada		Variables de salida				
		$\beta_A$	$\lambda_A$	$\lambda_j$	$\lambda_C$	$\sigma_A$
<b>K</b>	<b>R</b>	<b>ANR</b>	<b>AMR</b>	<b>JMR*</b>	<b>CMR*</b>	<b>AER</b>
<b>Poco</b>	Poco	Muy Bajo	Mode	Alto	Muy Alto	Muy Alto
<b>Poco</b>	Mode	Mode	Bajo	Mode	Alto	Mode
<b>Poco</b>	Mucho	Muy Alto	Muy Bajo	Bajo	Mode	Muy Bajo
<b>Mode</b>	Poco	Bajo	Alto	Muy Alto	Muy Alto	Alto
<b>Mode</b>	Mode	Mode	Mode	Mode	Mode	Mode
<b>Mode</b>	Mucho	Alto	Bajo	Bajo	Mode	Bajo
<b>Mucho</b>	Poco	Muy Bajo	Muy Alto	Muy Alto	Muy Alto	Muy Alto
<b>Mucho</b>	Mode	Bajo	Mode	Alto	Muy Alto	Alto
<b>Mucho</b>	Mucho	Mode	Bajo	Mode	Alto	Mode

#### VIII.4 Resultados.

Se desarrollo un programa de simulación para estudiar el comportamiento del modelo propuesto (73) y (77)-(79). La simulación se ejecuta teniendo en cada iteración los parámetros  $R_{i,j}$  y  $K_{i,j}$ . Los resultados de las simulaciones son presentados como promedios de 20 ejecuciones. Estos están clasificados en 4

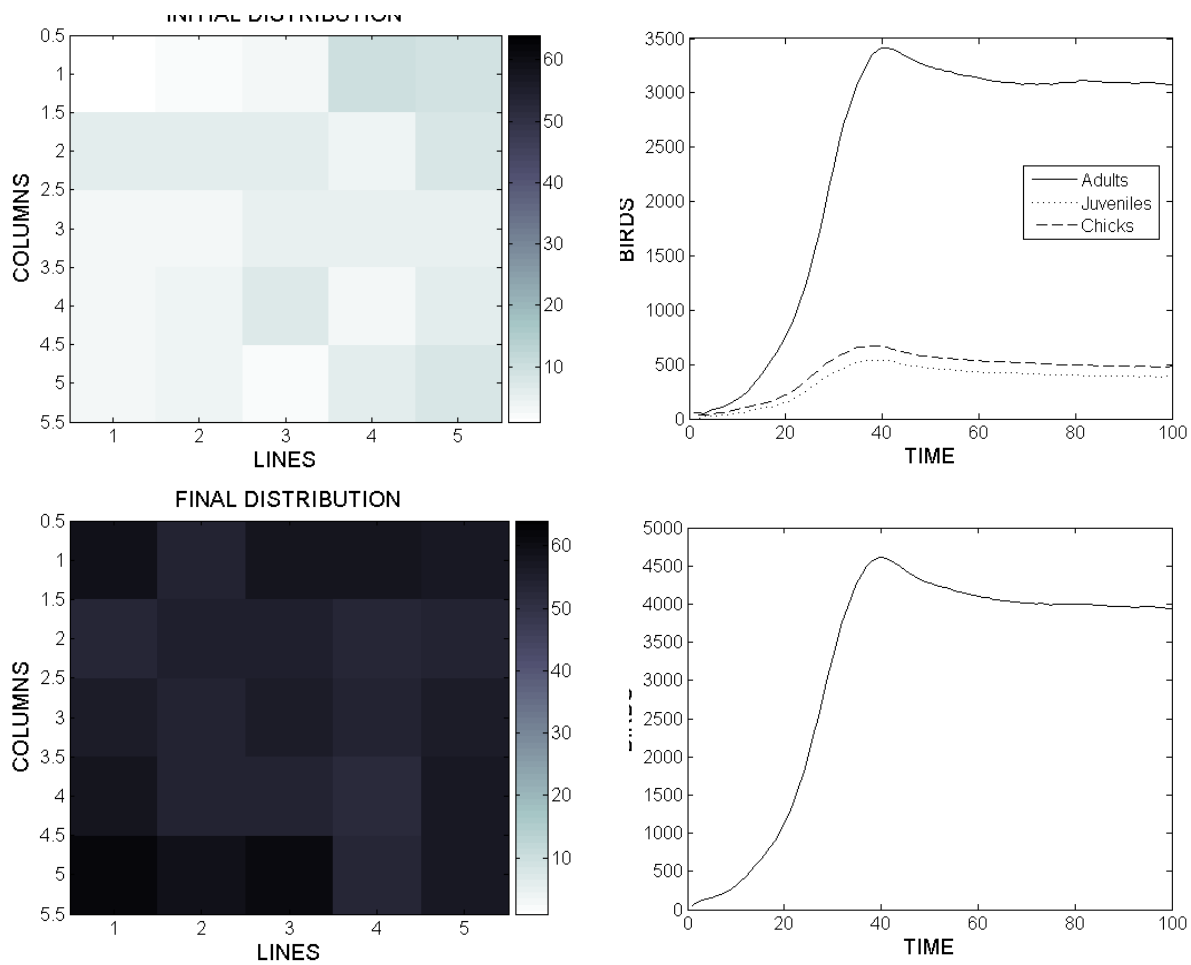
casos de estudio. Cada caso es asociado a un grupo de condiciones iniciales, bajo las cuales una simulación inicia su ejecución (Tabla XI).

**Tabla XI.** Condiciones iniciales clasificadas en cuatro casos de estudio. Ran y Uni significan aleatoria y uniforme respectivamente.

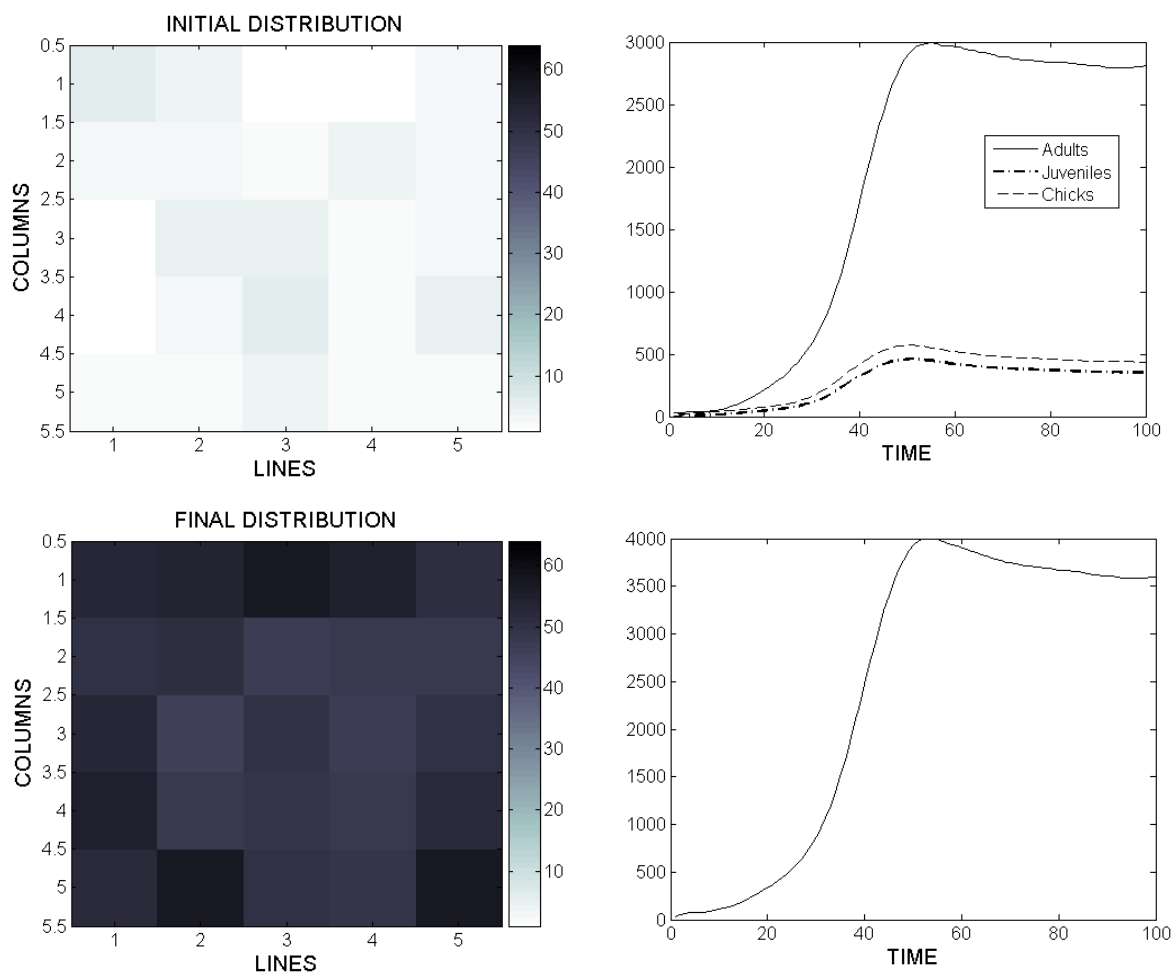
<b>CASO</b>	<b>A</b>		<b>B</b>		<b>C</b>		<b>D</b>	
Recursos	Uni	Uni	Ran	Ran	Ran	Ran	Uni	Uni
Población	Ran	Ran	Ran	Ran	Uni	Uni	Uni	Uni
Tamaño	Mucho	Poco	Mucho	Poco	Mucho	Poco	Mucho	Poco

En la Tabla XI, cuando la distribución es uniforme (Uni), cada célula tiene la misma cantidad inicial de recursos, esta cantidad es la máxima que una célula puede tener, 100. Cuando los recursos son distribuidos aleatoriamente (Ran), cada célula tiene una cantidad de recursos entre 0 y 100. En la misma Tabla XI, la población de los pájaros puede ser distribuida uniformemente o aleatoriamente. Un número entre 5 y 10 es seleccionado aleatoriamente, el cual representa el número de células en donde la población inicial es distribuida.

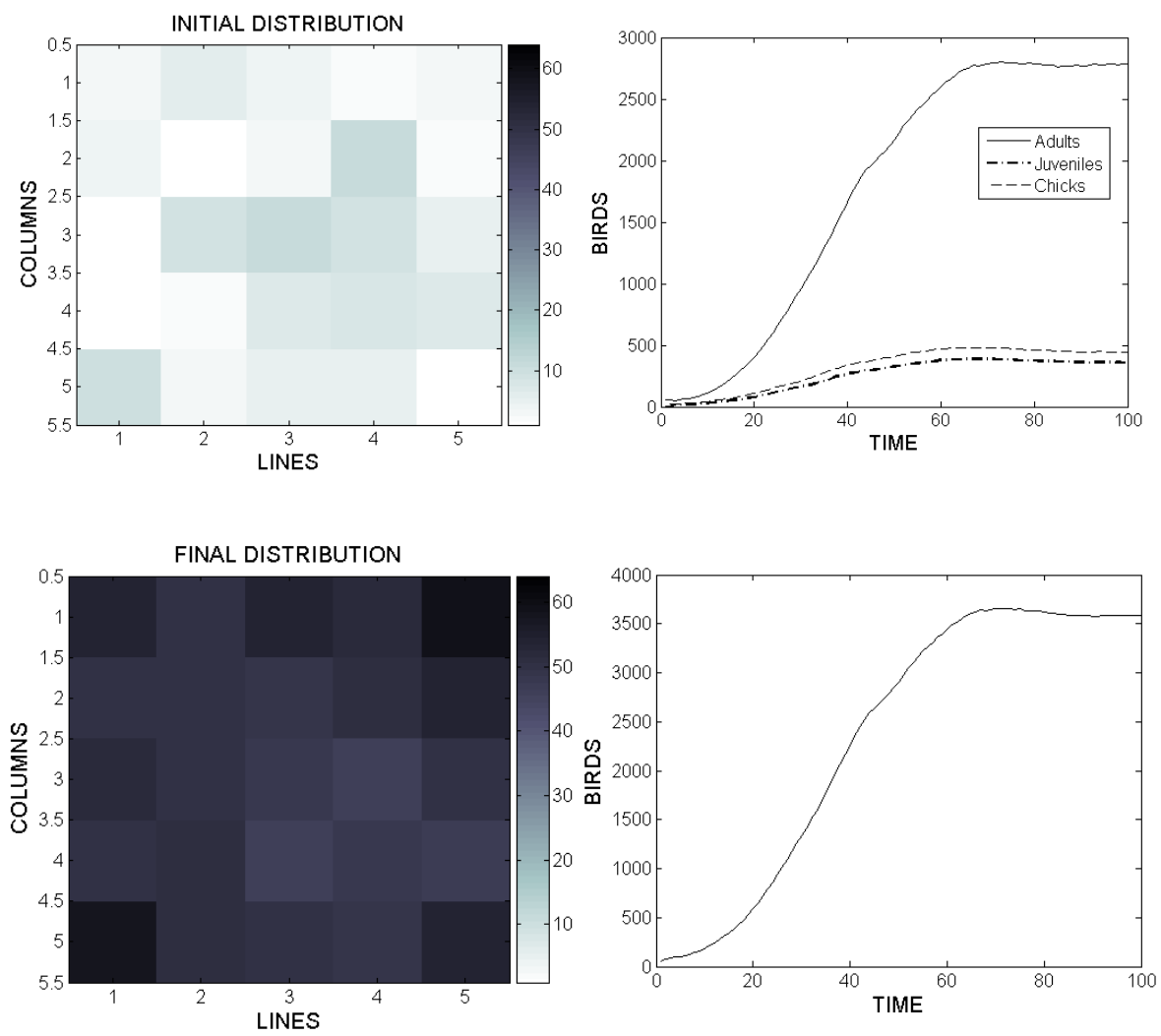
Varias simulaciones fueron ejecutadas usando cada uno de los cuatro casos de estudio presentados en la Tabla XI. La evolución de la dinámica espacial de la población es presentada por las Figuras 33-40.



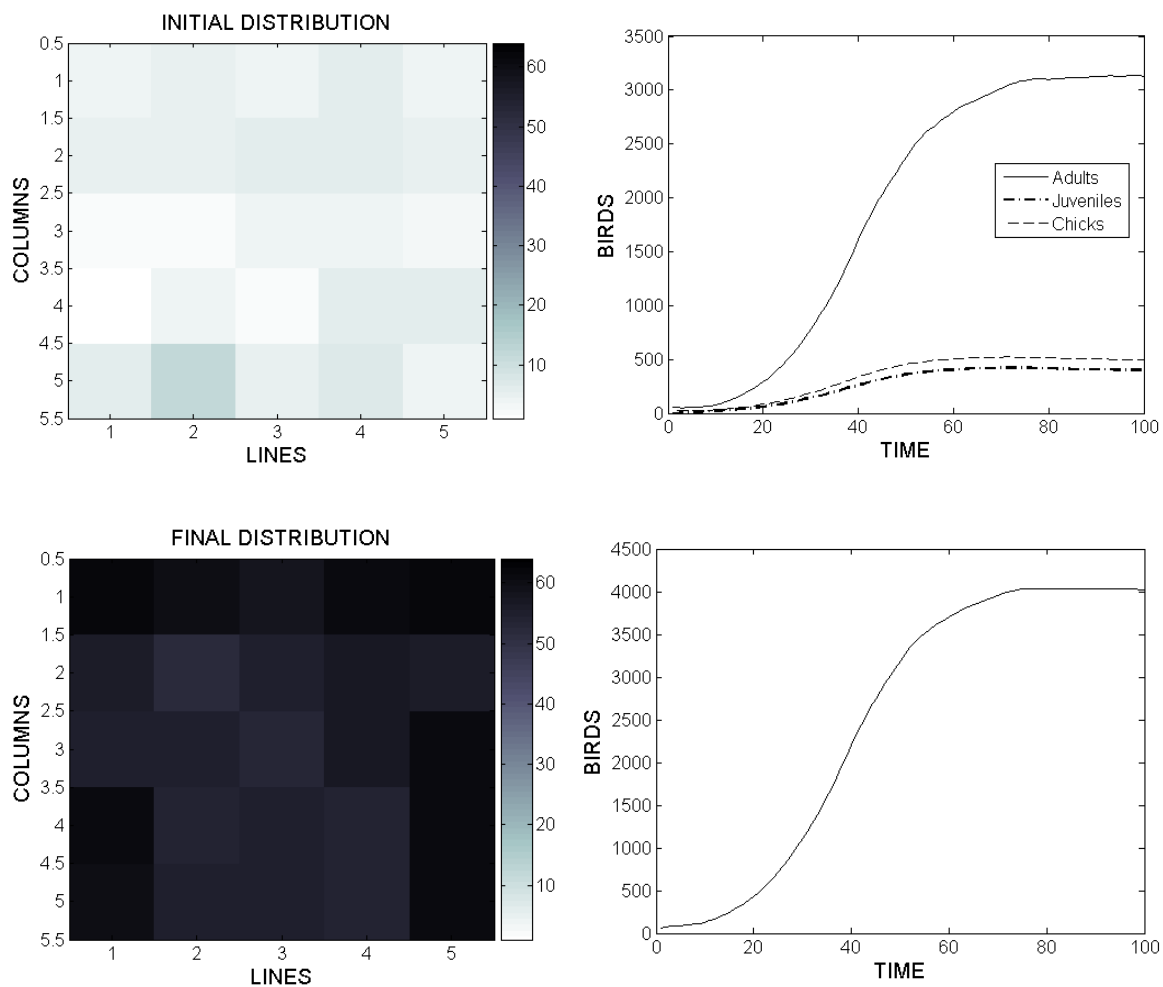
**Figura 33.** Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO A con muchos individuos en el tamaño inicial de la población.



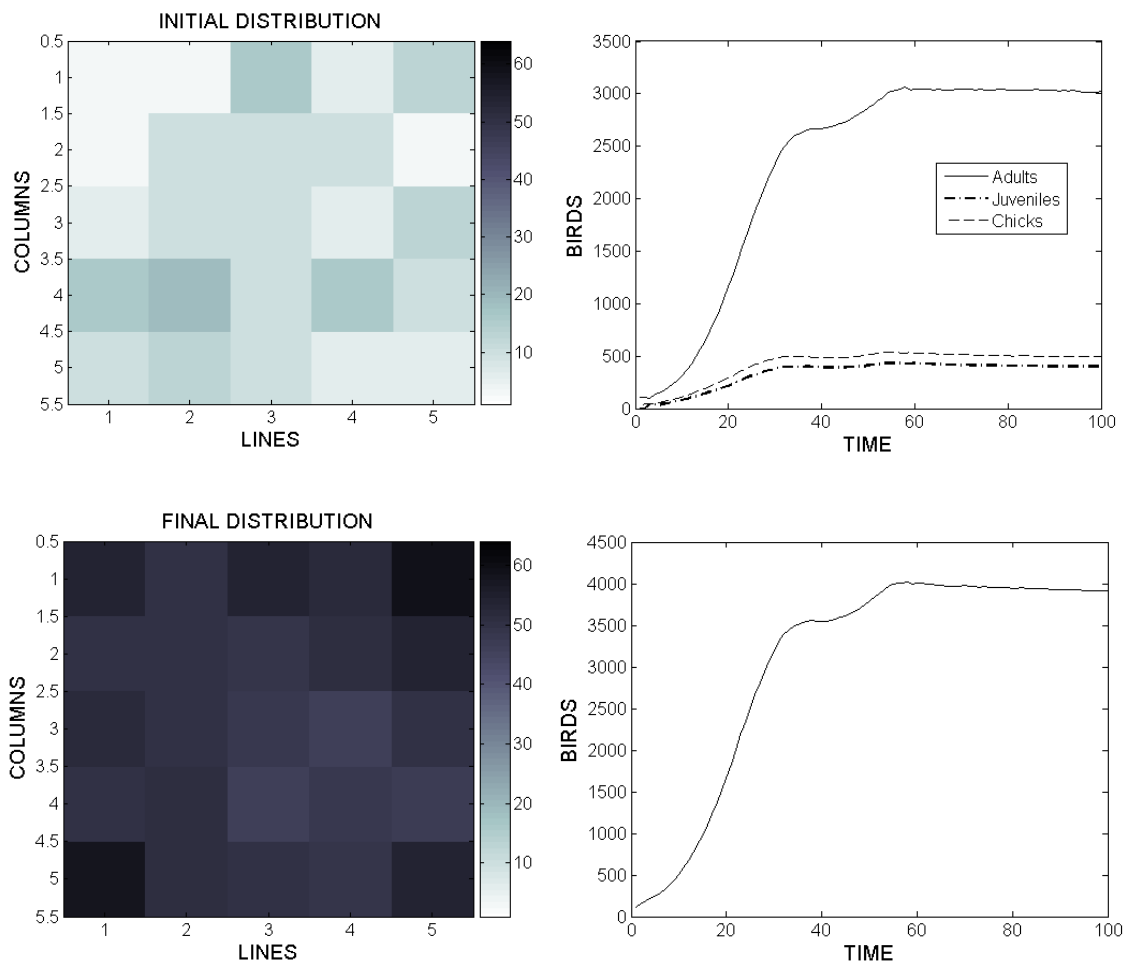
**Figura 34.** Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO A con pocos individuos en el tamaño inicial de la población.



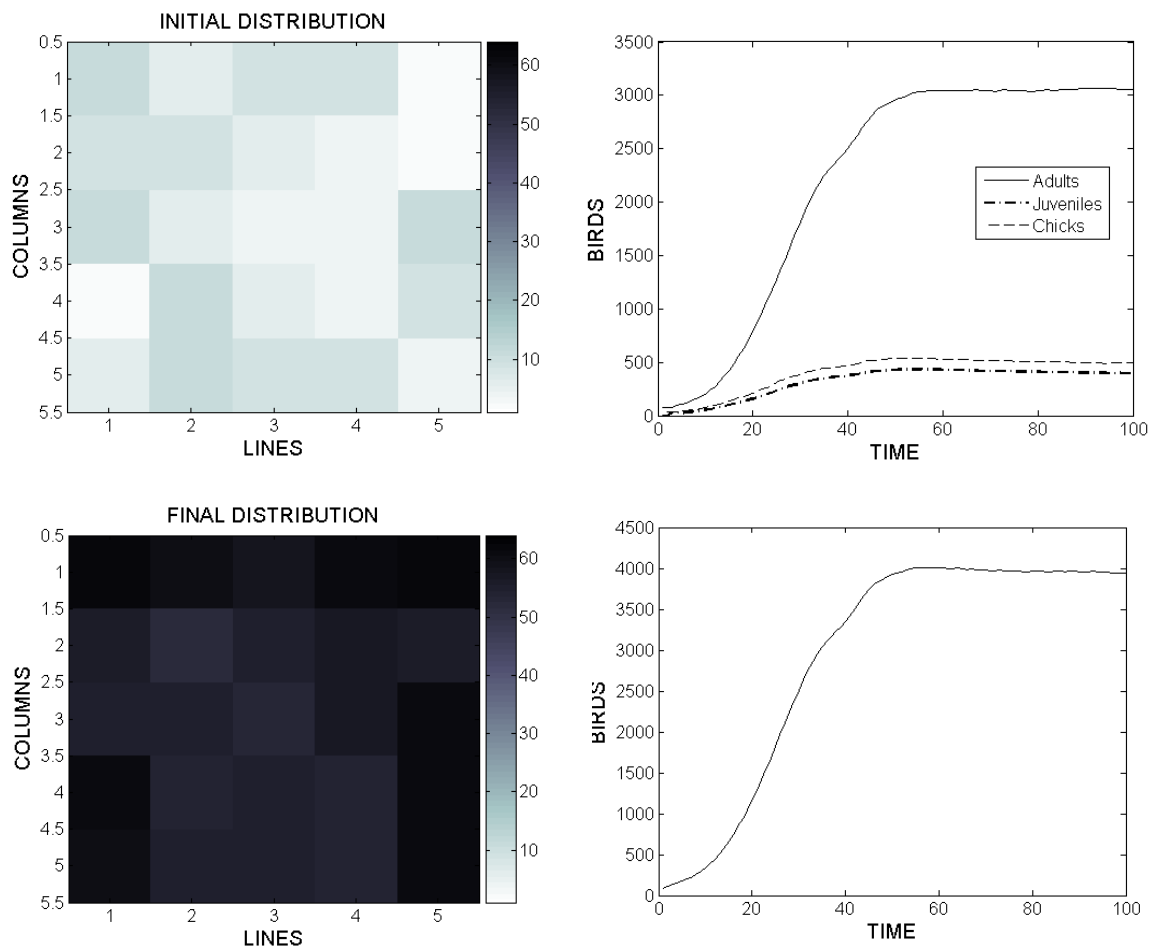
**Figura 35.** Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO B con muchos individuos en el tamaño inicial de la población.



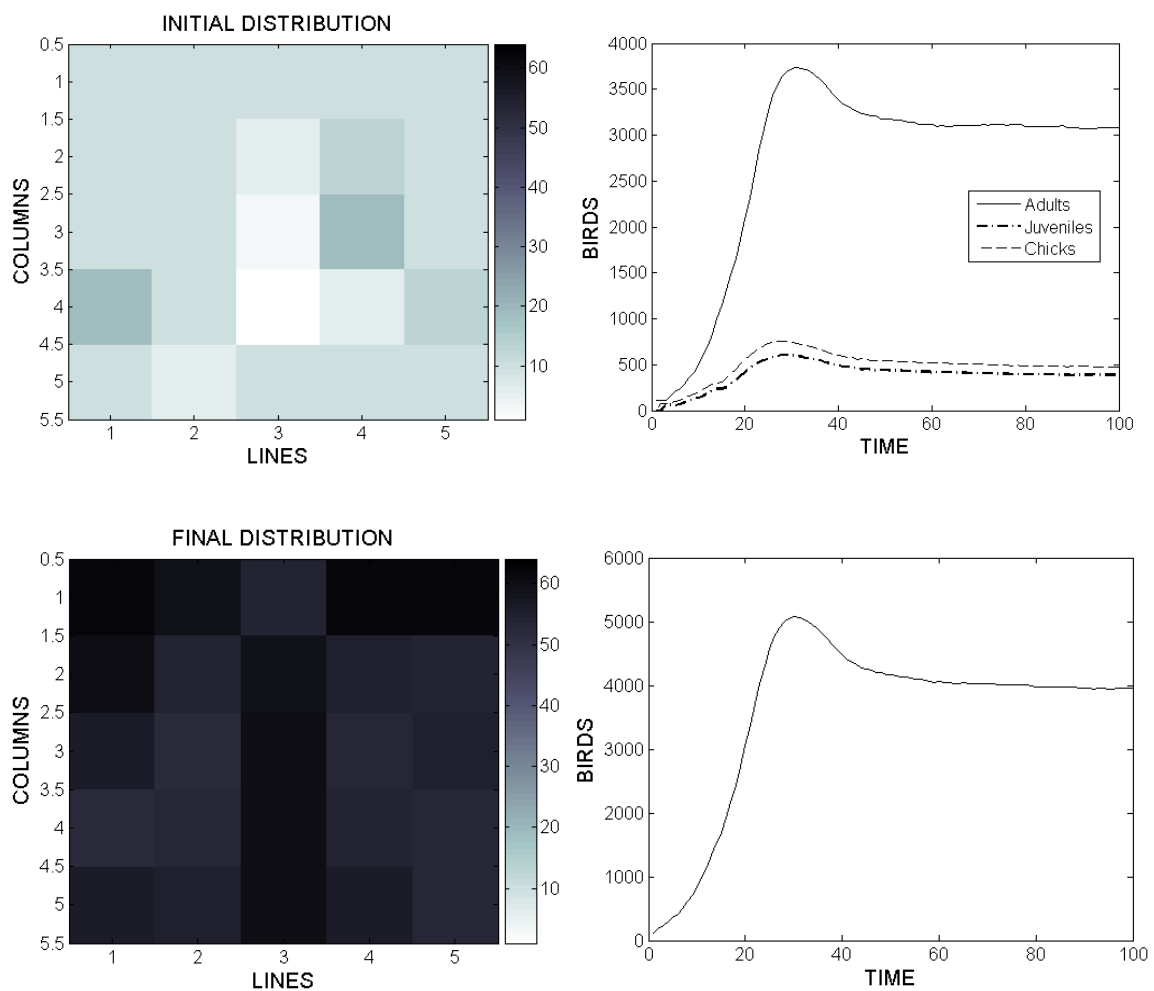
**Figura 36.** Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO B con pocos individuos en el tamaño inicial de la población.



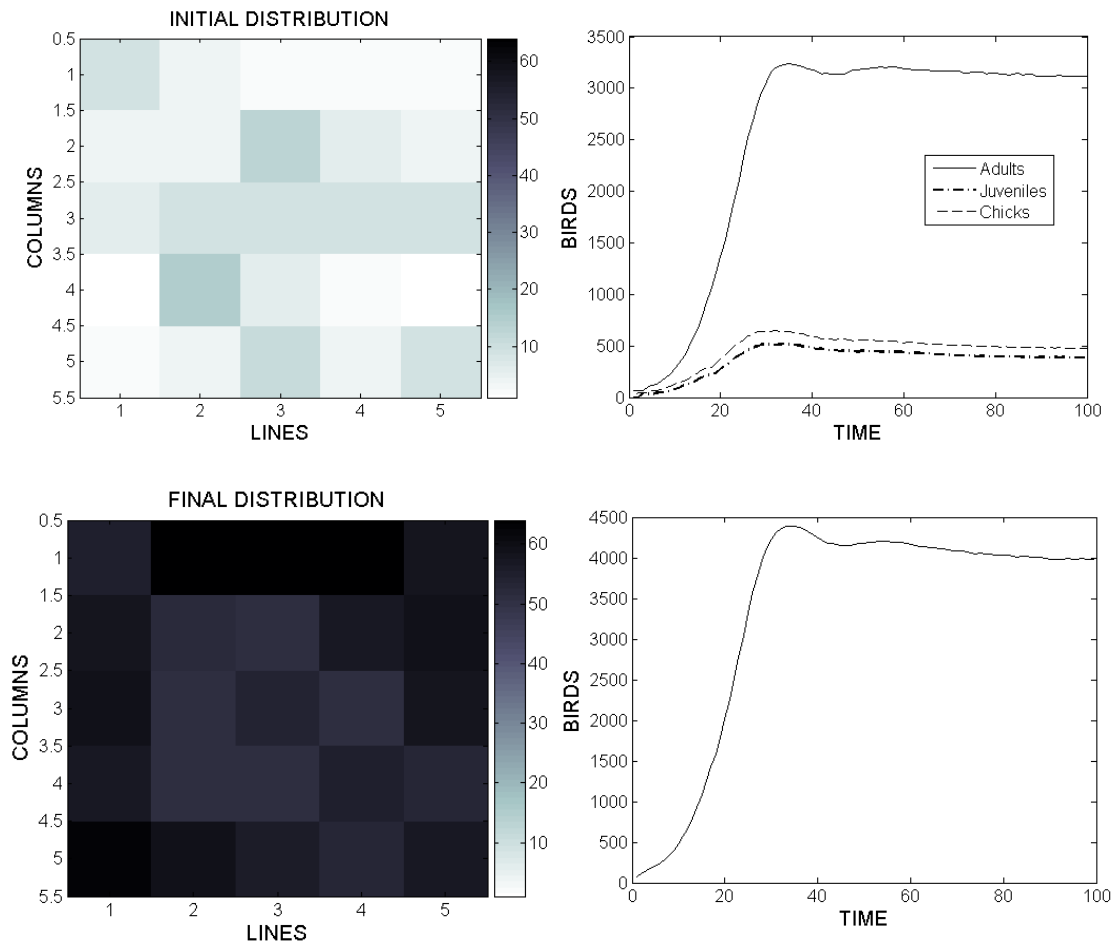
**Figura 37.** Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO C con muchos individuos en el tamaño inicial de la población.



**Figura 38.** Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO C con pocos individuos en el tamaño inicial de la población.



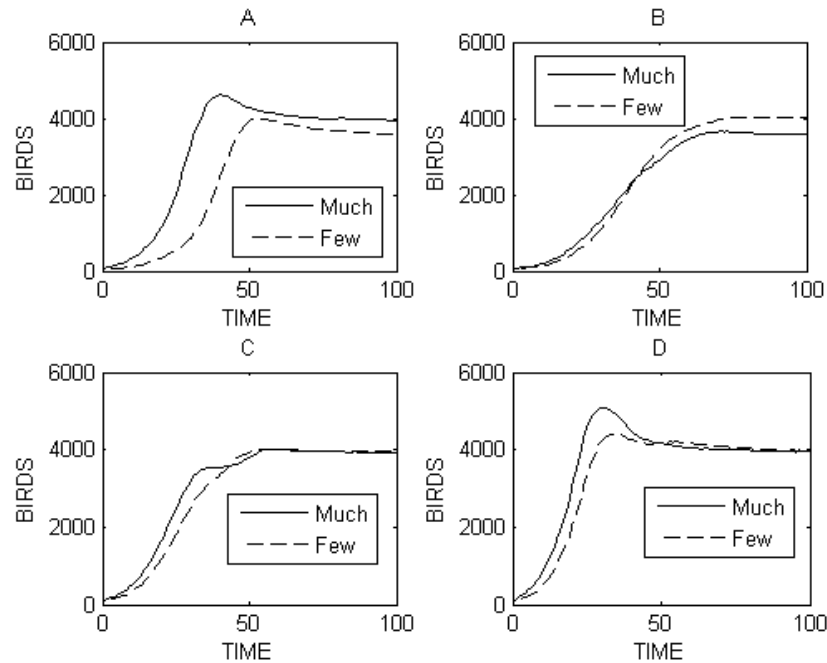
**Figura 39.** Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO D con muchos individuos en el tamaño inicial de la población.



**Figura 40.** Población de pájaros por clase de edad y su totalidad. Las condiciones iniciales corresponden al CASO D con pocos individuos en el tamaño inicial de la población.

El modelo (73), (77)-(79) tiene tres posibles comportamientos básicos: crecimiento logístico, decae a cero o llega a ser constante. La tercera situación es estructuralmente inestable. Cualquier cambio en los coeficientes del modelo provocara que el comportamiento del modelo sea logístico o decaiga a cero. En la Figura 41 los resultados de las simulaciones son presentados en un marco

comparativo, en donde solamente la densidad total de la población de pájaros generada por cada caso de estudio es mostrada.



**Figura 41.** Densidad total de pájaros generada por el modelo (73) y (77)-(79) usando los cuatro casos de estudio.

Para los casos A y D en Figura 41, inicialmente no hay competencia por los recursos porque la simulación inicio con una distribución uniforme de recursos, por lo tanto la probabilidad de encuentros entre los individuos de la población creció, y una alta tasa de reproducción fue generada. El crecimiento de la población generada por el modelo propuesto usando el caso D alcanza su nivel estable local más rápido que usando el caso A, después de que esto sucede la población decrece por la disminución de los recursos.

Para los casos B y D en Figura 41, los resultados muestran que el número inicial de los individuos determina el tiempo que la población toma en alcanzar su nivel estable antes de llegar a su extinción. Sin embargo, una distribución inicial heterogénea de los recursos (caso B) determina que el crecimiento de la población sea más lenta que usando el caso C, porque los individuos toman tiempo en buscar los recursos, y estos probablemente no estén cerca de donde ellos están. Por lo tanto esta situación causa una baja reproducción, una alta mortalidad y una muy alta emigración. Sin embargo, este comportamiento no necesariamente debe ser cierto, la distribución heterogénea de los recursos puede determinar otra configuración sobre el espacio celular, donde probablemente la población esté más cerca o más lejos de los recursos. Esta situación causa diferentes curvas de crecimiento. La Tabla XII muestra intervalos de tiempo promedio en donde la densidad de la población es estable antes de que esta comience a disminuir.

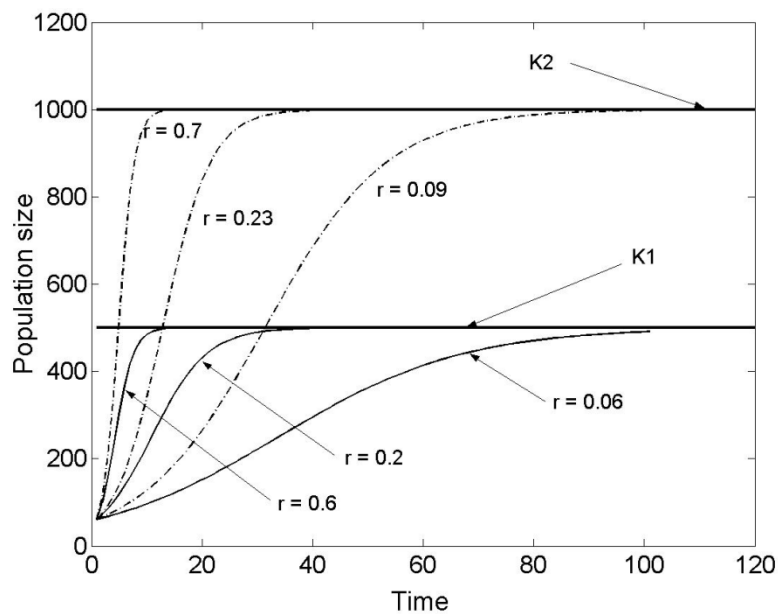
**Tabla XII.** Intervalos de tiempo promedio en donde el crecimiento de la población de pájaros es estable.

CASO	A		B		C		D	
	Mucho	Poco	Mucho	Poco	Mucho	Poco	Mucho	Poco
Tamaño	Mucho	Poco	Mucho	Poco	Mucho	Poco	Mucho	Poco
Tiempo	40-100	50-100	70-100	70-100	50-100	55-100	30-100	35-100

Los resultados de la simulación muestran que el modelo propuesto en este capítulo predice el crecimiento de la población mejor que cualquier otro modelo básico, por ejemplo usando el modelo de Verlhust:

$$N(t) = \frac{KN_0 e^{rt}}{K - N_0(e^{rt} - 1)} \quad (88)$$

Varias simulaciones fueron ejecutadas usando el modelo (88) para generar el crecimiento de una población bajo diferentes valores para  $r$  (tasa de crecimiento) and  $K$  (capacidad de carga) (Figure 42).



**Figura 42.** Población generada usando el modelo (88) bajo diferentes valores para  $r$  (tasa de crecimiento) and  $K$  (capacidad de carga)

En la Figura 42, se puede observar como la población alcanza la capacidad de carga para cualquier valor de  $r$ , y aun cuando la capacidad de carga cambia, la población alcanza su límite  $K$  con cualquier valor de  $r$ , lo cual significa que no hay influencia del medio ambiente. Es decir, las condiciones del medio ambiente siempre son óptimas y la población solamente requiere de tiempo para llegar a su límite  $K$ . Sin embargo, en la naturaleza de las poblaciones, el medio ambiente puede solamente soportar un número limitado de individuos antes de que la escases de recursos limite la sobrevivencia de la población.

Stone (1997) diseñó un modelo lineal simple de crecimiento poblacional estructurado por edad. Él encontró varios posibles efectos no lineales. Él concluyó que los efectos aleatorios podrían ser considerados. Sin embargo, su modelo continúa trabajando con coeficientes constantes y sin emigración de individuos. Sus resultados muestran curvas de crecimiento similar a las mostradas en la Figura 42.

Toda población muestra un importante rango de tolerancia hacia los recursos del medio ambiente que limitan su desarrollo, por ejemplo: la luz, la temperatura, la salinidad, la disponibilidad de agua, el espacio, etc. Renshaw (1991) concluyó que virtualmente todos los modelos útiles ecológicamente involucran variabilidad del medio ambiente. Nosotros hemos propuesto varios métodos para modelar el crecimiento poblacional, los cuales hemos presentado en los capítulos VI, VII y

VIII. Todos ellos son ejemplos de las conclusiones de [Renshaw \(1991\)](#). Las predicciones hechas por nuestros modelos son buenas cuando la interpretación derivada de las leyes de la ecología y el ciclo de vida de la especie considerada. Este tipo de modelación puede ser usado para predecir como los cambios en el medio ambiente afectan a las poblaciones. También pueden ser usados para ayudar a determinar cual información es mas critica y conocer que cosas necesitan ser cambiadas. Esto es otro camino importante para las matemáticas. Por otro lado, nosotros podemos usar cualquiera de nuestros modelos para diferentes especies. Para esto, es necesario entender el ciclo de vida de la especie considerada. Modelos más complejos pueden ser construidos, considerando más estadios de vida y definiendo los recursos del medio ambiente usando varias variables de entrada en el sistema de inferencia difusa.

## Capítulo IX

---

### Modelo celular difuso depredador-presa aplicado al control de plagas.

---

#### IX.1 Introducción.

El control de plagas es la regulación y el manejo de algunas especies llamada plagas, normalmente son especies que afectan a la ecología y a la economía. El control de plagas es importante para mantener la calidad del producto y su valor en el mercado.

En la actualidad, existen dos procedimientos típicos para el control de plagas. El primero de ellos es el control químico que usa insecticidas que son altamente efectivos. Sin embargo existe el riesgo de contaminar el producto con sustancias dañinas para la salud humana. El segundo es el control biológico, el cual consiste del uso de insectos benéficos para las plantas, como el depredador natural. El producto que es obtenido usando control biológico tiene un valor más alto en el mercado.

Uno de los primeros modelos tipo depredador-presa fue propuesto por [Lotka \(1925\)](#) y [Voterra \(1926\)](#). Este modelo está basado sobre ecuaciones diferenciales,

y actualmente, los modelos tipo depredador-presa, son modificaciones o extensiones de estas ecuaciones. En el presente trabajo, nosotros formulamos un modelo celular difuso tipo depredador-presa para estudiar el control de plagas en un cultivo de pimientos, el cual es definido usando las ecuaciones diferenciales que caracterizan el modelo Lotka-Volterra, pero expresado en términos de una estructura celular difusa más términos de emigración e inmigración para los depredadores.

En el presente estudio, el objetivo es mantener el rendimiento del cultivo de pimientos sobre un nivel de equilibrio bioeconómicamente conveniente, combinando el número de presas y depredadores en la dinámica de la población. El nivel de equilibrio es definido como la densidad de pimientos aceptable después del daño causado por la plaga durante su producción.

Nuestro interés es obtener una caracterización del modelo celular difuso tipo depredador-presa usando sistemas de inferencia difusa tipo-1 para evaluar los parámetros definidos en el modelo como coeficientes de cambio. Esta caracterización nos permite evaluar la eficiencia de la depredación producida por el cálculo de la introducción de enemigos naturales (*Orius* especie) para atacar especies dañinas (*Frankliniella* especie).

## IX.2 Estructura del modelo.

Los modelos matemáticos que describen la relación entre presas y depredadores son usados para estudiar la interacción entre las dos especies cuando una de ellas depende de la otra para alimentarse y para sobrevivir. La dinámica entre presas y depredadores son aéreas prominentes de estudio en Ecología (Edelstein-Keshet, 1987; Murray, 1990). El modelo de Lotka (1925) y Volterra (1926) es el modelo tipo depredador-presa más conocido y es expresado como un sistema de ecuaciones diferenciales:

$$\begin{cases} \frac{dH}{dt} = rH - aHP \\ \frac{dP}{dt} = bHP - mP \end{cases}, \quad (89)$$

donde  $H$  y  $P$  representan el número de presas y depredadores respectivamente, al tiempo  $t$ , y  $r$  = tasa de reproducción de presas en la ausencia de depredadores,  $a$  = tasa de depredación,  $b$  = tasa de reproducción de depredadores,  $m$  = tasa de mortalidad de depredadores en la ausencia de presas. Las constantes  $a, b, r$  y  $m$  son llamadas “coeficientes de cambio” en el modelo clásico tipo depredador-presa (89). El modelo (89) considera que en la ausencia de depredadores el número de presas crece exponencialmente y también que en la ausencia de presas, el número de depredadores decrece exponencialmente. Los términos  $(-aHP)$  y  $(bHP)$  describen los encuentros presa-depredador, los cuales son favorables para depredadores y fatales para presas. Se asume que el cambio en la densidad de la población es principalmente provocada por la diferencia de dos términos

relacionados con los nacimientos y las muertes de los individuos, y que ambos términos son proporcionales a la densidad de la población (Malthus, 1798) y a la cantidad de los recursos disponibles (Verlhust, 1932).

En general, el comportamiento del modelo es un poco irrealista porque no presenta estabilidad asintótica. Sin embargo, numerosas modificaciones de este modelo existen, las cuales los hacen más realista y son usadas hoy en día en el análisis de la dinámica de poblaciones (Xiaoyue, 2009). Una representación del modelo (89) como un modelo determinista es expresada de la siguiente forma

$$\begin{cases} H(t + \Delta t) = H(t) + (r - aP(t))H(t) \\ P(t + \Delta t) = P(t) + (bH(t) - m)P(t) \end{cases} \quad (90)$$

En los modelos (89) y (90) es frecuente asumir que todos los individuos de la población interactúan con la misma probabilidad independientemente de la abundancia, frecuencia o posición-espacio de individuos de un espacio particular. Esta asunción puede ser más o menos justificada para casos concretos en poblaciones de animales, pero esta es totalmente injustificada en poblaciones de plantas debido al proceso de competencia (Zavala *et al.* 2006). Modelos espaciales han sido propuestos, y podrían ser los avances más significativos recientemente en Ecología para entender el papel del proceso local dentro de organizaciones espacio-temporal (Zavala *et al.* 2006).

Nosotros introducimos una representación espacio-temporal dentro de las ecuaciones (90) usando una estructura celular. Sea  $C$  una simple célula, entonces  $C(i, j)$  es la célula centrada en la coordenada  $(i, j)$ , donde  $1 \leq i \leq M$  y  $1 \leq j \leq N$ . Cada célula es un elemento fundamental para el cambio de la densidad de la población en el tiempo  $t$ , razón por la cual la contribución de todas las células determina el cambio de la densidad total de la población en la dinámica del sistema. Por lo tanto, modificando la expresión (90) de acuerdo a la definición de la estructura celular, se obtiene

$$\begin{cases} H_{ij}(t + \Delta t) = H_{ij}(t) + (r - aP_{ij}(t))H_{ij}(t) \\ P_{ij}(t + \Delta t) = P_{ij}(t) + (bH_{ij}(t) - m)P_{ij}(t) \end{cases} \quad (91)$$

Nosotros asumimos que la población no mantiene el mismo crecimiento en cada punto de su espacio ecológico, lo cual ha sido demostrado por (Christiansen and Fenchel, 1997). En algunos puntos la población muestra un crecimiento óptimo, pero en otros la población muestra un crecimiento subóptimo. Por lo antes dicho, el modelo (91) es modificado para redefinir los coeficientes de cambio, en términos de una función de dos parámetros: las presas  $h$  y los depredadores  $p$ , ambos localizados en la célula  $C(i, j)$  al tiempo  $t$ ,

$$\begin{cases} H_{i,j}(t + \Delta t) = H_{i,j}(t) + \left( r(h_{i,j}(t), p_{i,j}(t)) - a(h_{i,j}(t), p_{i,j}(t))P_{i,j}(t) \right) H_{i,j}(t) \\ P_{i,j}(t + \Delta t) = P_{i,j}(t) + \left( b(h_{i,j}(t), p_{i,j}(t))H_{i,j}(t) - m(h_{i,j}(t), p_{i,j}(t)) \right) P_{i,j}(t) \end{cases}, \quad (92)$$

Por otro lado, las presas y depredadores buscan por condiciones óptimas del medio ambiente, y cuando todas estas condiciones no son las óptimas, las presas y los depredadores siempre trataran de estar localizadas dentro del medio ambiente donde cada una de estas condiciones estén dentro de los límites tolerables que permitan su desarrollo normal.

Sea  $\prod_{\alpha} C(i, j)$  la vecindad de la célula  $C(i, j)$  en términos de un radio  $\alpha$

$$\prod_{\alpha} C(i, j) = \left\{ C(k, l) \mid \begin{array}{l} \max\{|k - i|, |l - j|\} \leq \alpha \\ 1 \leq k \leq M; 1 \leq l \leq N \end{array} \right\}, \quad (93)$$

donde  $\alpha$  es un numero entero positivo y  $(k, l)$  es la coordenada de otra célula donde la magnitud de la diferencia entre  $(i, k)$  y  $(j, l)$  no exceda el valor de  $\alpha$ . La población que emigra hacia las células vecinas desde la célula  $C(i, j)$  es determinada por un factor que es directamente proporcional al tamaño de la población. Consideramos que en nuestro modelo los depredadores emigraran para encontrar presas y las presas siempre tendrán recursos ilimitados para sobrevivir. Por lo tanto, retomamos la ecuación (92) para definir la emigración considerando que solamente los depredadores pueden emigrar

$$\begin{aligned} H_{i,j}(t + \Delta t) &= H_{i,j}(t) + \underbrace{r \left( h_{i,j}(t), p_{i,j}(t) \right) H_{i,j}(t)}_{\text{natality}} - \underbrace{a \left( h_{i,j}(t), p_{i,j}(t) \right) P_{i,j}(t) H_{i,j}(t)}_{\text{mortality by predation}} \\ P_{i,j}(t + \Delta t) &= P_{i,j}(t) + \underbrace{b \left( h_{i,j}(t), p_{i,j}(t) \right) H_{i,j}(t) P_{i,j}(t)}_{\text{reproduction by predation}} - \underbrace{m \left( h_{i,j}(t), p_{i,j}(t) \right) P_{i,j}(t)}_{\text{mortality}} \\ &\quad - \underbrace{\beta \left( h_{i,j}(t), p_{i,j}(t) \right) P_{i,j}(t)}_{\text{emigration}} + \underbrace{\prod_{\alpha}^P C(k, l, t)}_{\text{inmigration}} \end{aligned} \quad (94)$$

donde  $H_{ij}(0) > 0$ ,  $P_{ij}(0) > 0$ ,  $\beta(\cdot)$  es la función de emigración de los depredadores y  $\Pi_{\alpha}^P(k, l, t)$  son los depredadores que inmigran desde cualquier célula vecina  $C(k, l)$  de la célula  $C(i, j)$  hacia la célula  $C(i, j)$ .

La población de cada clase de edad depende en todo momento sobre el balance existente entre los parámetros  $h$  y  $p$ . Por lo tanto, es posible que el comportamiento de estos parámetros tenga un rango de posibilidades, las cuales pueden ser representadas a través de conjuntos difuso tipo-1.

### IX.3 Caso de estudio

Trabajos sobre el control de plagas en cultivos se han hecho con ayuda de los modelos tipo depredador-presa (Mills and Getz, 1996). Por ejemplo Gamez *et al.* (2002) analizaron desde el punto de vista matemático las condiciones suficientes para la existencia de un atractor global, para las soluciones posibles de un sistema diferencial tipo depredador-presa sobre dos cultivos, pimiento y tomate. Estos cultivos son generalmente afectados por tres grupos de plagas de gran severidad económica: “heliotis of the tomato”, “white fly” and “trips western of the flowers”. Depredadores para el control biológico de estas plagas son las especies *Orius* and *Macrolophus* (Gamez *et al.* 2002). Además, ellos hicieron ajustes con el modelo que propusieron y analizaron la bondad del ajuste por medio de coeficientes estadísticos.

Nosotros tomamos como caso de estudio, el control de la plaga *Frankliniella occidentalis* comúnmente denominada “trips western of the flowers” usando el depredador *Orius*. Nosotros asumimos que la interacción entre depredadores y presas es gobernada por los coeficientes de cambio obtenidos por **Morales and Buranr (1985)**:  $r = 0.012$ ,  $a = 0.0003$ ,  $b = 0.2$  y  $m = 0.01$ . Para cualquier caso de estudio los valores de los coeficientes de cambio deben tener una correlación derivada de un análisis estadístico.

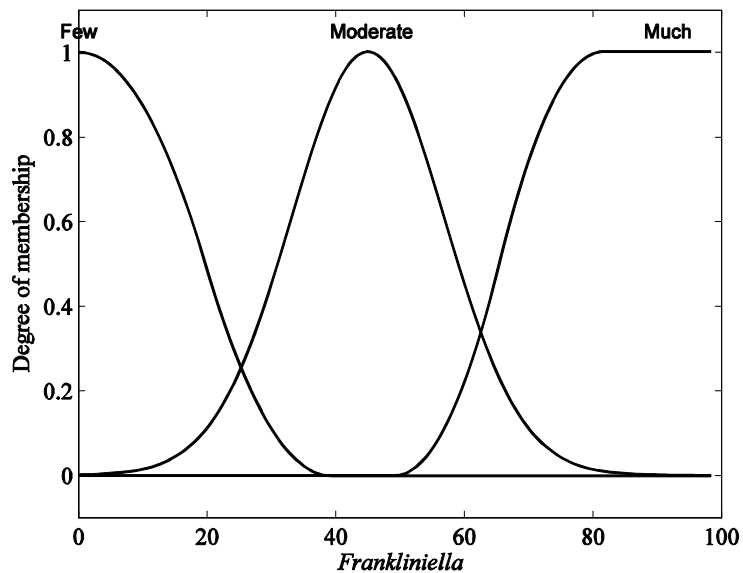
#### IX.4 Sistema de inferencia difusa tipo-1

En este capítulo, diseñamos un sistema de inferencia difusa tipo-1 de Mandani usando T-norm (min) y S-norm(max), y el método de centro de áreas para la defusificación, a través de la toolbox bajo el ambiente de Matlab, para evaluar los coeficientes de cambio en la dinámica de la población, en donde estos dependen de la variabilidad de los parámetros  $h_{i,j}$  y  $p_{i,j}$ . Usamos la notación de conjuntos difusos tipo-1 para definir a  $h$  y  $p$ ,

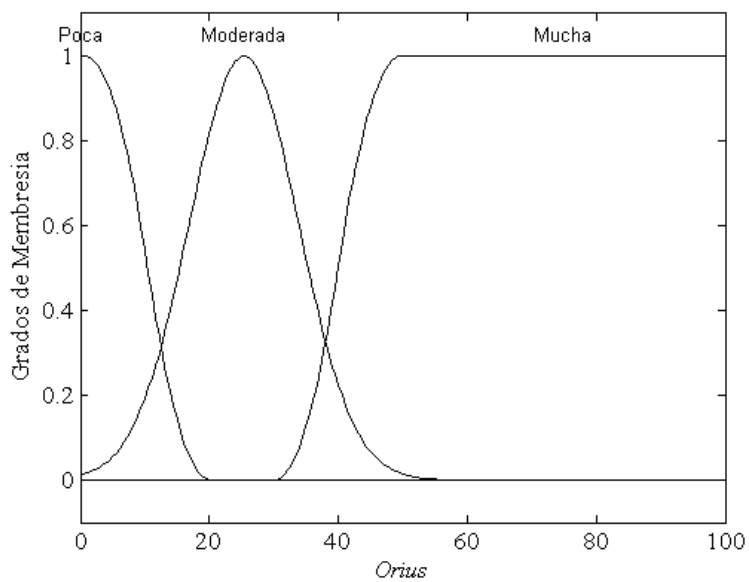
$$h = \left\{ \left( x, \left( \mu_{poca}(x), \mu_{moderada}(x), \mu_{mucha}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (95)$$

$$p = \left\{ \left( x, \left( \mu_{poca}(x), \mu_{moderada}(x), \mu_{mucha}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (96)$$

Los conjuntos difusos  $h$  (*Frankliniella*) y  $p$  (*Orius*) son las variables de entrada del sistema de inferencia difusa y son caracterizadas por tres funciones de membresía: poca, moderada y mucha (ver Figuras 43 y 44). Hipotéticamente, nosotros definimos el dominio de los conjuntos difusos tipo-1 *Frankliniella* y *Orius*.



**Figura 43.** Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1  $h$  (*Frankliniella*).



**Figura 44.** Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1  $p$  (*Orius*).

En el sistema de inferencia, OMR (tasa de mortalidad de la especie *Orius*), FMR (tasa de mortalidad de la especie *Frankliniella*), ONR (tasa de natalidad de la especie *Orius*), FNR (tasa de natalidad de la especie *Frankliniella*) y OER (tasa de emigración de *Orius*) son definidos como variables de salida. OMR, FMR, ONR, FNR y OER son conjuntos difusos tipo-1 caracterizados por cinco funciones de membresía: muy bajo, bajo, medio, alto, muy alto (Ver Figuras 45-50). Al igual que las variables de entrada, nosotros definimos hipotéticamente el dominio de los conjuntos difusos tipo-1 (97)–(101).

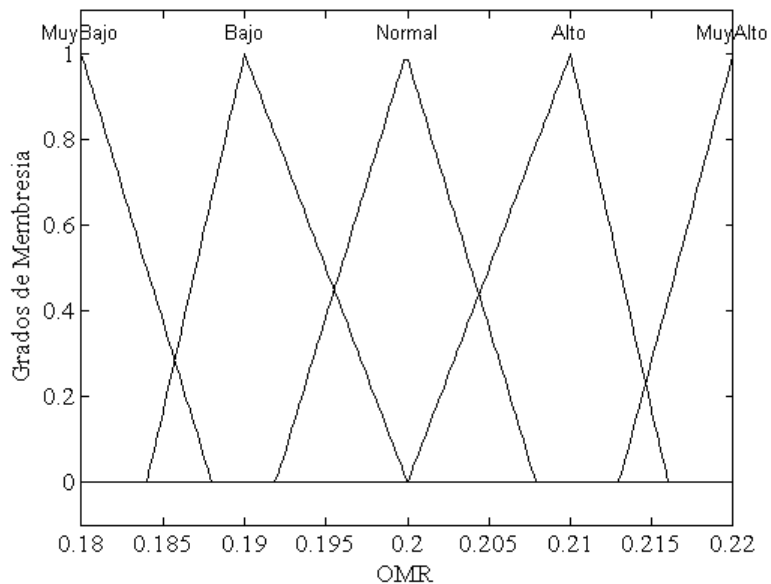
$$OMR = \left\{ \left( x, \left( \mu_{muy\ poco}(x), \mu_{poco}(x), \mu_{medio}(x), \mu_{alto}(x), \mu_{muy\ alto}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (97)$$

$$FMR = \left\{ \left( x, \left( \mu_{muy\ poco}(x), \mu_{poco}(x), \mu_{medio}(x), \mu_{alto}(x), \mu_{muy\ alto}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (98)$$

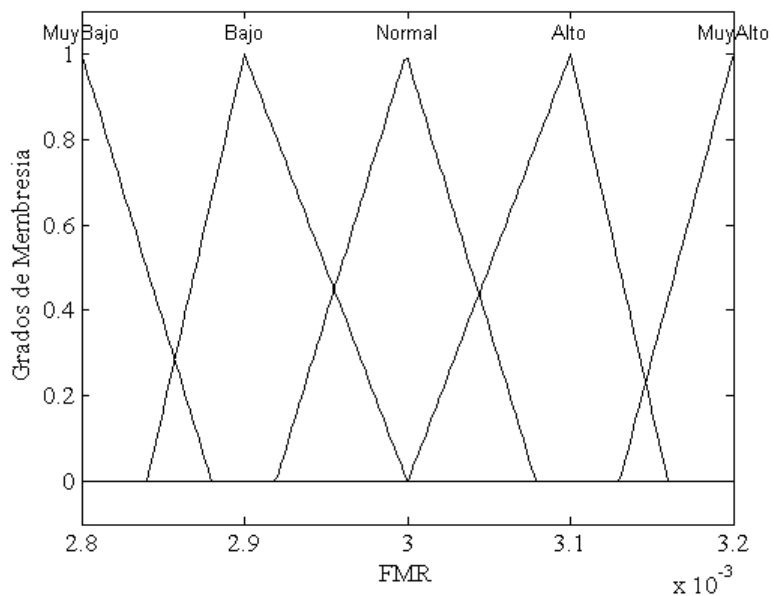
$$ONR = \left\{ \left( x, \left( \mu_{muy\ poco}(x), \mu_{poco}(x), \mu_{medio}(x), \mu_{alto}(x), \mu_{muy\ alto}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (99)$$

$$FNR = \left\{ \left( x, \left( \mu_{muy\ poco}(x), \mu_{poco}(x), \mu_{medio}(x), \mu_{alto}(x), \mu_{muy\ alto}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (100)$$

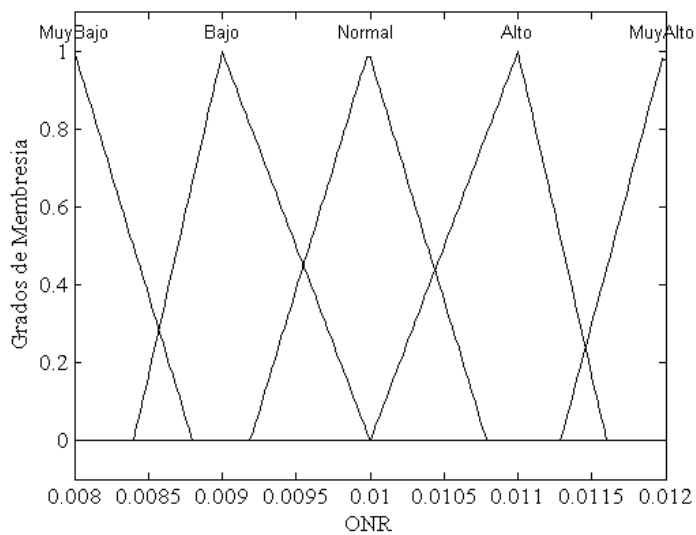
$$OER = \left\{ \left( x, \left( \mu_{muy\ poco}(x), \mu_{poco}(x), \mu_{medio}(x), \mu_{alto}(x), \mu_{muy\ alto}(x) \right) \right) \mid x \in X \right\} \quad (101)$$



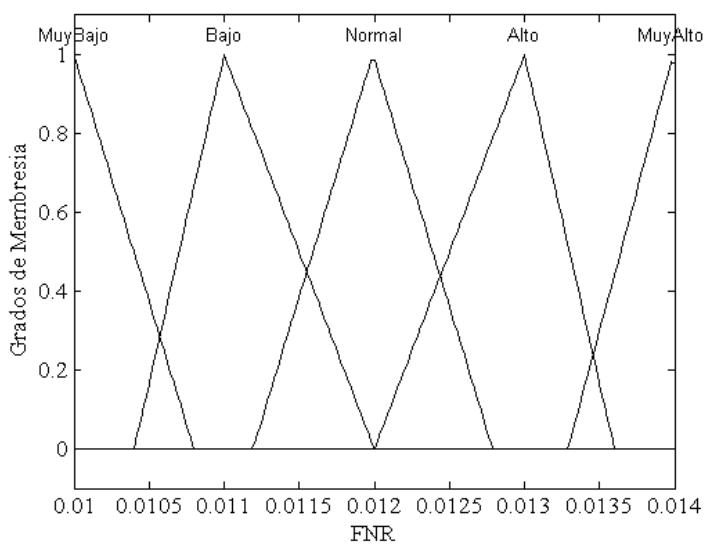
**Figura 45.** Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 OMR (tasa de mortalidad de la especie *Orius*).



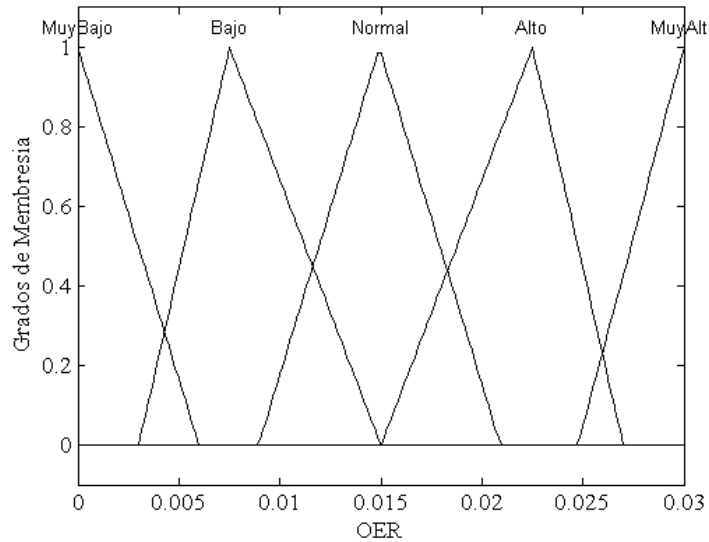
**Figura 46.** Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 FMR (tasa de mortalidad de la especie *Frankliniella*).



**Figura 47.** Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 ONR (tasa de natalidad de la especie *Orius*).



**Figura 48.** Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 FNR (tasa de natalidad de la especie *Frankliniella*).



**Figura 49.** Funciones de membresía caracterizando al conjunto difuso tipo-1 OER (tasa de emigración de la especie *Orius*).

El conjunto de reglas difusas fueron derivadas de la interpretación sobre el ciclo de vida de ambas especies y son expresadas como sigue,

1. Si (*Frankliniella* es Poco) y (*Orius* es Poco) entonces (OMR es MuyAlto)(FMR es MuyBajo)(ONR es MuyBajo)(FNR es MuyAlto)(OER es Normal)
2. Si (*Frankliniella* es Poco) y (*Orius* es Moderado) entonces (OMR es MuyAlto)(FMR es Bajo)(ONR es muyBajo)(FNR es Alto)(OER es Alto)
3. Si (*Frankliniella* es Poco) y (*Orius* es Mucho) entonces (OMR es MuyAlto)(FMR es Normal)(ONR es MuyBajo)(FNR es Normal)(OER es VeryAlto)
4. Si (*Frankliniella* es Moderado) y (*Orius* es Poco) entonces (OMR es Alto)(FMR es Bajo)(ONR es Bajo)(FNR es Alto)(OER es Bajo)

5. Si (*Frankliniella* es Moderado) y (*Orius* es Moderado) entonces (OMR es Normal)(FMR es Normal)(ONR es Normal)(FNR es Normal)(OER es Normal)
6. Si (*Frankliniella* es Moderado) y (*Orius* es Mucho) entonces (OMR es Bajo)(FMR es Alto)(ONR es Alto)(FNR es Bajo)(OER es Alto)
7. Si (*Frankliniella* es Mucho) y (*Orius* es Poco) entonces (OMR es Normal)(FMR es Alto)(ONR es MuyAlto)(FNR es Bajo)(OER es MuyBajo)
8. Si (*Frankliniella* es Mucho) y (*Orius* es Moderado) entonces (OMR es Bajo)(FMR es MuyAlto)(ONR es Normal)(FNR es MuyBajo)(OER es Bajo)
9. Si (*Frankliniella* es Mucho) y (*Orius* es Mucho) entonces (OMR es MuyBajo)(FMR es MuyAlto)(ONR es MuyBajo)(FNR es MuyBajo)(OER es Normal)

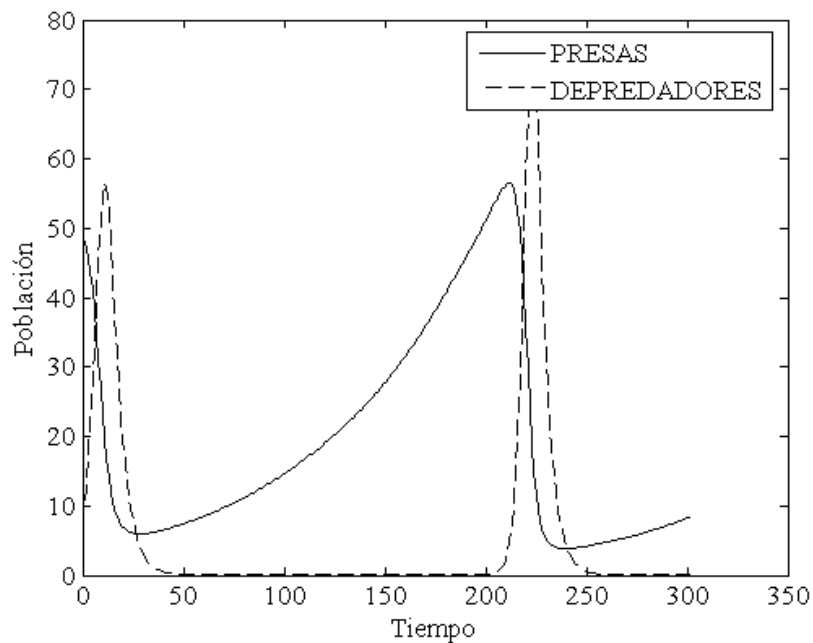
donde  $FNR = r$ ,  $FMR = a$ ,  $OMR = b$ ,  $ONR = m$ ,  $OER = \beta$ .

## **IX.5 Resultados de la simulación.**

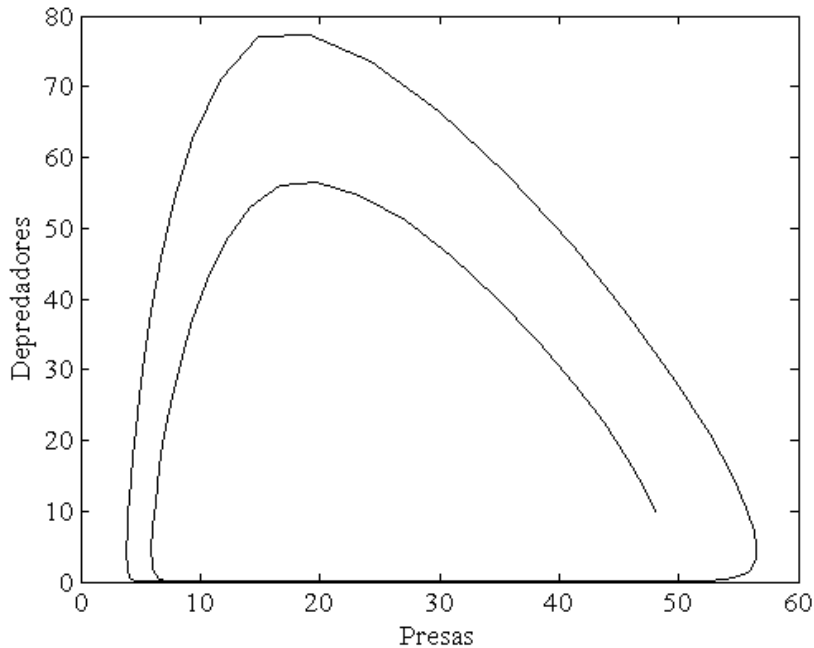
En el presente trabajo nosotros hemos utilizado los datos experimentales publicados por [Gamez et al. \(2002\)](#) para mostrar la aplicabilidad del modelo propuesto. El área de 2000 m<sup>2</sup> comprendida por el cultivo de pimientos es representado por células. Cada célula representa 20 m<sup>2</sup> del área total. Si consideramos que en 1 m<sup>2</sup> hay dos plantas de pimientos, entonces en una célula hay 40 plantas de pimiento, por lo tanto, 2000 m<sup>2</sup> contienen 4000 plantas de pimientos. El objetivo es estudiar el daño del pimiento causado por la plaga (*Frankliniella* especie) usando el modelo (94) y los datos experimentales de

Gamez *et al.* (2002), bajo las hipótesis de que la interacción entre *Orius-Frankliniella* es gobernada por los coeficientes de cambio mostrados en la sección IX.3.

El modelo (94) describe la dinámica del sistema biológico en el cual dos especies interactúan, el depredador y la presa. La Figura 50 muestra el cambio en las densidades de las presas y los depredadores, mientras que la Figura 51 muestra las líneas cerradas formadas por las densidades de presas y depredadores, las cuales demuestran que el modelo (94) no tienen estabilidad asintótica al igual que el modelo de Lotka-Volterra (89), este modelo no converge a un atractor.



**Figure 50.** Densidades de presas y depredadores generadas por el modelo (94).



**Figura 51.** Líneas cerradas formadas por las densidades de presas y depredadores generadas por el modelo (94).

Sin embargo, en la naturaleza, las poblaciones tienen a la regulación o la estabilización asintótica (Gotelli 1998). Para estudios sobre el control de plagas no es necesario conocer la interacción entre presa y depredador indefinidamente, porque el cultivo tiene un intervalo de tiempo donde los recursos crecen hasta su cosecha. El periodo de crecimiento en un ciclo de producción de pimientos es de 4 a 7 meses (Cruz-Huerta *et al.* 2009). Por lo tanto, en el presente estudio, se ha considerado solamente un intervalo de 1 a 30 semanas para generar la interacción entre las especie *Orius* and *Frankliniella* usando el modelo (95). Aunque este modelo no tiene estabilidad asintótica, la interacción entre presas y depredadores determinara el daño sobre la planta producido por la densidad de

presas en cada célula. Se espera que el daño sobre el cultivo tienda a la estabilidad asintótica, la cual podría ser sobre un equilibrio bioeconómicamente adecuado. (Cruz-Huerta *et al.* 2009). Este equilibrio es definido como la producción del cultivo aceptable después del daño generado por la plaga durante el tiempo de su producción. Hipotéticamente se ha considerado que el daño causado por una presa sobre una planta es de  $1 \times 10^{-6}$  % en una semana.

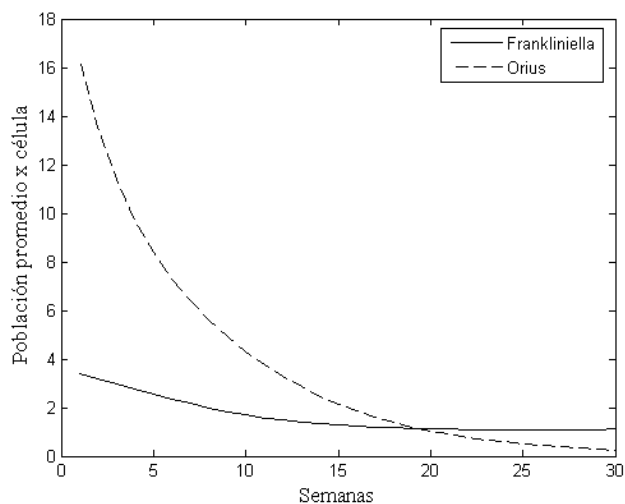
Los resultados son clasificados en 4 casos de estudio, en cada caso el número inicial de presas es distribuido sobre una región del área total del cultivo para simular el área contaminada por la plaga (Tablas XIII, XIV, XV y XVI), y el número inicial de depredadores es distribuido sobre el área total. Las trayectorias presentadas en todas las graficas son los promedios obtenidos por 20 simulaciones.

**Tabla XIII.** Daño sobre el cultivo de plantas de pimientos causado por la plaga, considerando el área contaminada del 10% del área total al inicio de la producción.

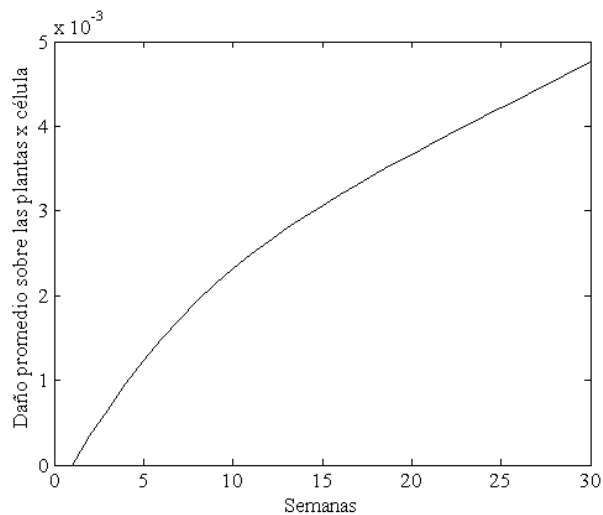
<i>Orius</i> / <i>Frankliniella</i>	20 x Cell	30 x Cell	40 x Cell	50 x Cell	60 x Cell	70 x Cell
[0-20] x Cell	0.00216	0.00222	0.00191	0.00136	0.00135	0.00106
[10-20] x Cell	0.00342	0.00294	0.00254	0.00217	0.00184	0.00155
[30-40] x Cell	0.00474	0.00384	0.00323	0.00279	0.00242	0.00207

Solamente se presentaran las graficas de las dos combinaciones más representativas por cada Tabla, para mostrar como la interacción entre presas y depredadores determina el crecimiento asintótico del daño causado por la plaga sobre las plantas.

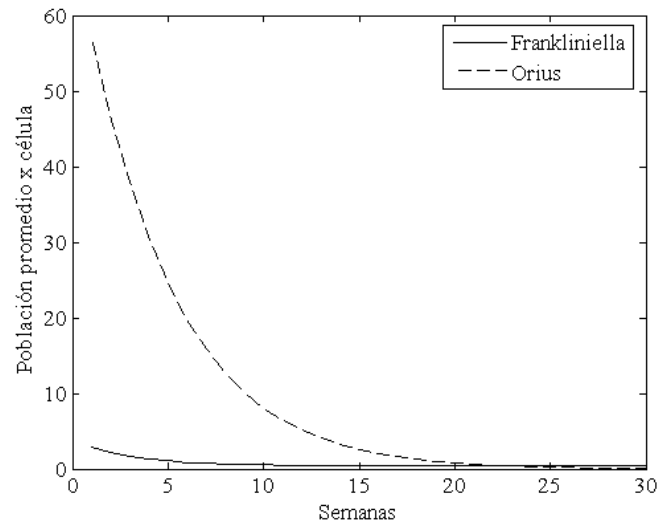
Las Figuras 52 y 54 muestran la interacción entre presas y depredadores generada por el modelo (94) usando el número inicial de presas y depredadores mostrados en Tabla XIII. Así mismo, las Figuras 53 y 55 muestran el daño causado por las plaga sobre las plantas mediante la interacción entre presas y depredadores mostrada por las Figuras 52 y 54 respectivamente.



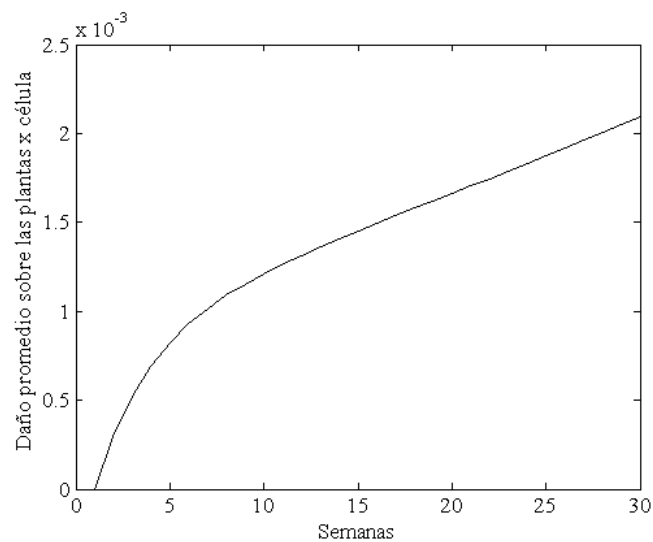
**Figura 52.** Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 20 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 10% del área total (ver Tabla XIII).



**Figura 53.** Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 10% del área total, 20 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula (ver Tabla XIII).



**Figura 54.** Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 70 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 10% del área total (ver Tabla XIII).

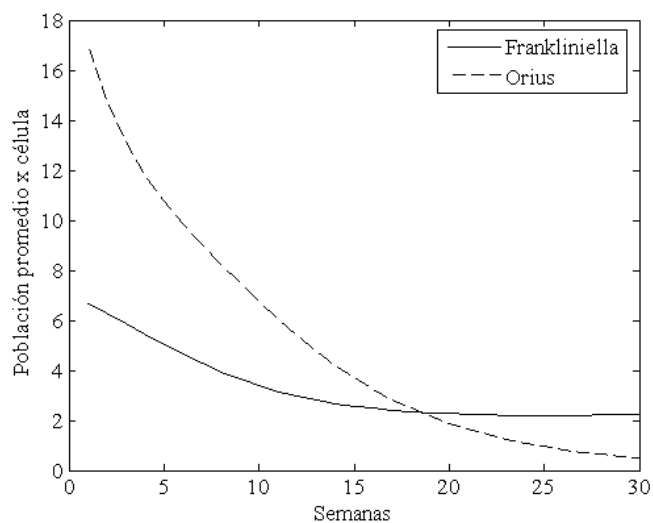


**Figura 55.** Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 10% del área total, 70 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula (ver Tabla XIII).

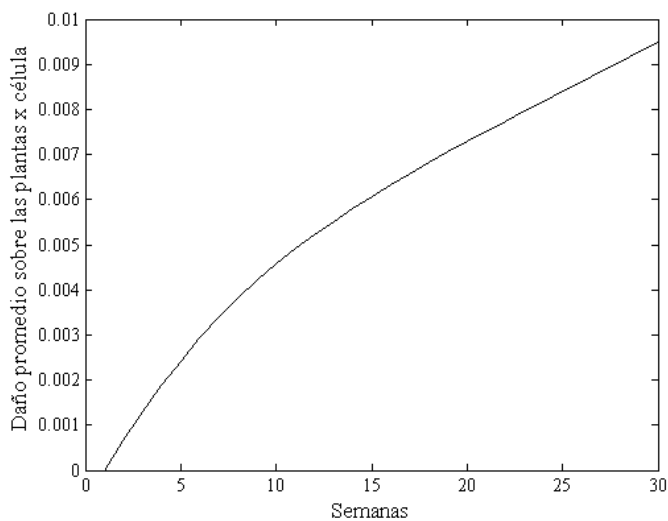
**Tabla XIV.** Daño sobre el cultivo de plantas de pimientos causado por la plaga, considerando el área contaminada del 20% del área total al inicio de la producción.

<i>Orius</i> <i>Frankliniella</i>	20 x Cell	30 x Cell	40 x Cell	50 x Cell	60 x Cell	70 x Cell
[0-20] x Cell	0.00515	0.00446	0.00355	0.00272	0.00222	0.00241
[10-20] x Cell	0.00696	0.00619	0.00491	0.00427	0.00373	0.00322
[30-40] x Cell	0.00948	0.00774	0.00642	0.00551	0.00479	0.00421

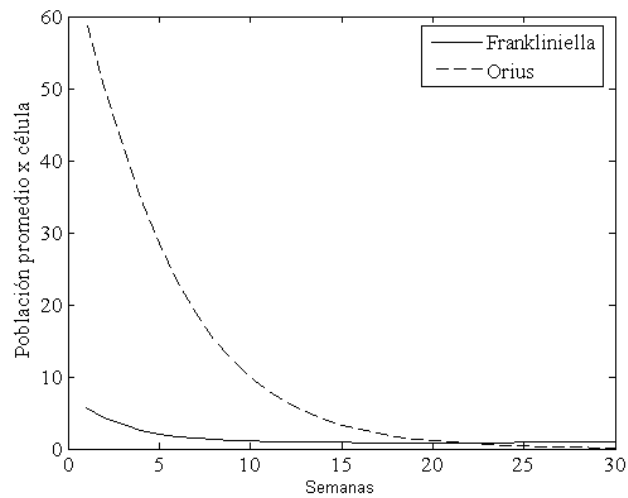
Las Figuras 56 y 58 muestran la interacción entre presas y depredadores generada por el modelo (94) usando el número inicial de presas y depredadores mostrados en Tabla XIV. Así mismo, las Figuras 57 y 59 muestran el daño causado por las plaga sobre las plantas mediante la interacción entre presas y depredadores mostrada por las Figuras 56 y 58 respectivamente.



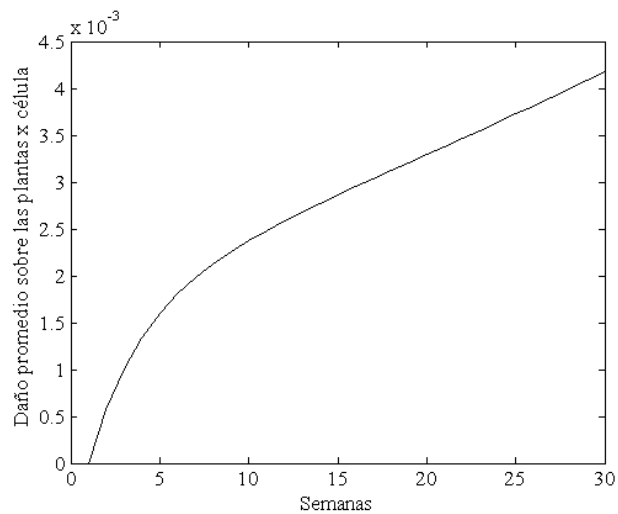
**Figura 56.** Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 20 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 20% del área total (ver Tabla XIV).



**Figura 57.** Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 20% del área total, 20 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula (ver Tabla XIV).



**Figura 58.** Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 70 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 20% del área total (ver Tabla XIV).

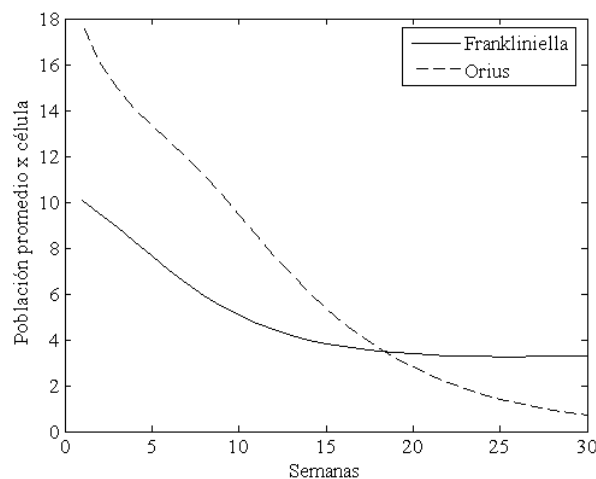


**Figura 59.** Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 20% del área total, 70 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula (ver Tabla XIV).

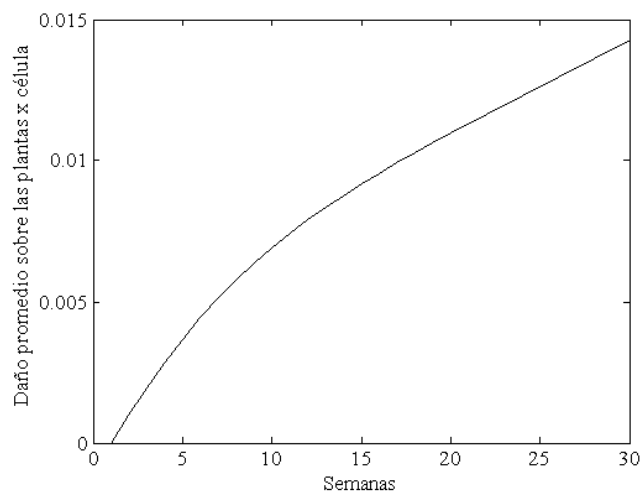
**Tabla XV.** Daño sobre el cultivo de plantas de pimientos causado por la plaga, considerando el área contaminada del 30% del área total al inicio de la producción.

<i>Orius</i> <i>Frankliniella</i>	20 x Cell	30 x Cell	40 x Cell	50 x Cell	60 x Cell	70 x Cell
[0-20] x Cell	0.00777	0.00679	0.00526	0.00446	0.00361	0.00359
[10-20] x Cell	0.01053	0.00912	0.00738	0.00619	0.00557	0.00482
[30-40] x Cell	0.01427	0.01165	0.00965	0.00828	0.00720	0.00631

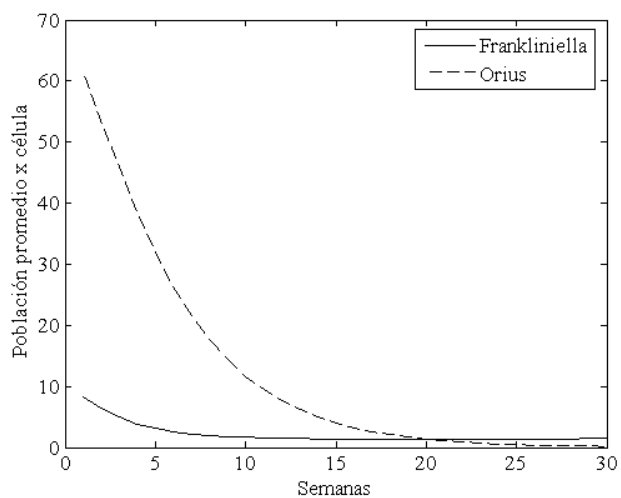
Las Figuras 60 y 62 muestran la interacción entre presas y depredadores generada por el modelo (94) usando el número inicial de presas y depredadores mostrados en Tabla XV. Así mismo, las Figuras 61 y 63 muestran el daño causado por las plaga sobre las plantas mediante la interacción entre presas y depredadores mostrada por las Figuras 60 y 62 respectivamente.



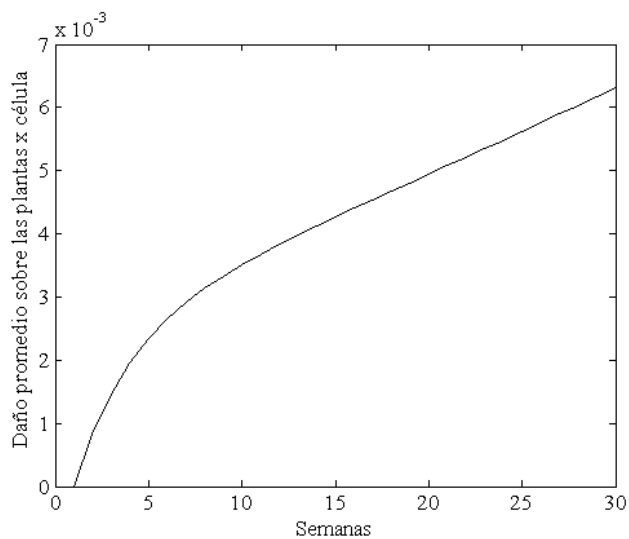
**Figura 60.** Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 20 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 30% del área total (ver Tabla XV).



**Figura 61.** Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 30% del área total, 20 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula (ver Tabla XV).



**Figura 62.** Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 70 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 30% del área total (ver Tabla XV).

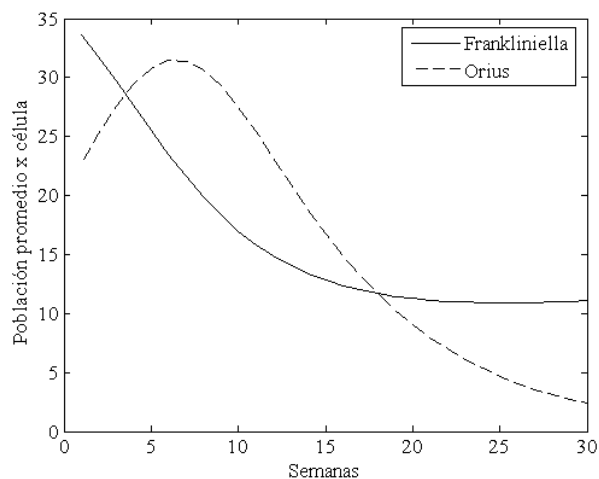


**Figura 63.** Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 30% del área total, 70 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula (ver Tabla XV).

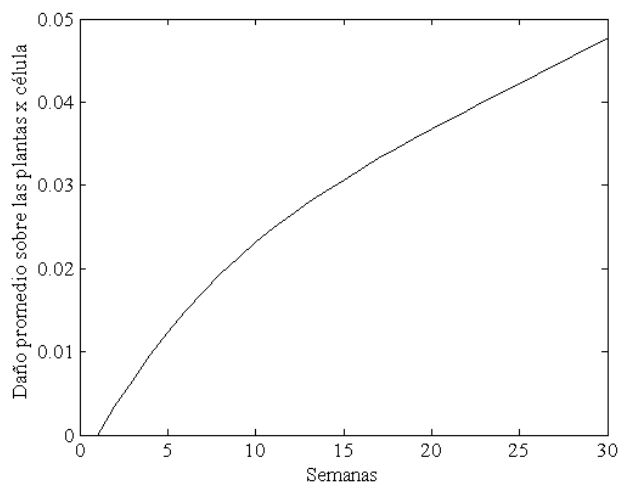
**Tabla XVI.** Daño sobre el cultivo de plantas de pimientos causado por la plaga, considerando el área contaminada del 100% del área total al inicio de la producción.

<i>Orius</i> <i>Frankliniella</i>	20 x Cell	30 x Cell	40 x Cell	50 x Cell	60 x Cell	70 x Cell
[0-20] x Cell	0.0240	0.0214	0.0183	0.0141	0.0111	0.0121
[10-20] x Cell	0.0354	0.0299	0.0254	0.0218	0.0185	0.0160
[30-40] x Cell	0.0478	0.0389	0.0324	0.0278	0.0243	0.0212

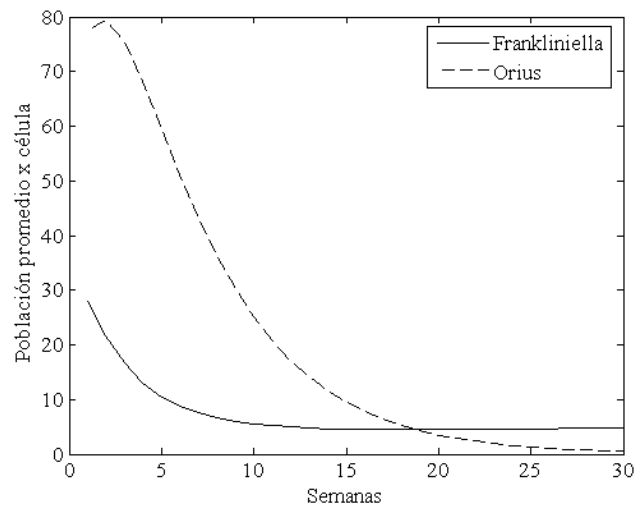
Las Figuras 64 y 66 muestran la interacción entre presas y depredadores generada por el modelo (94) usando el número inicial de presas y depredadores mostrados en Tabla XVI. Así mismo, las Figuras 65 y 67 muestran el daño causado por las plaga sobre las plantas mediante la interacción entre presas y depredadores mostrada por las Figuras 64 y 66 respectivamente.



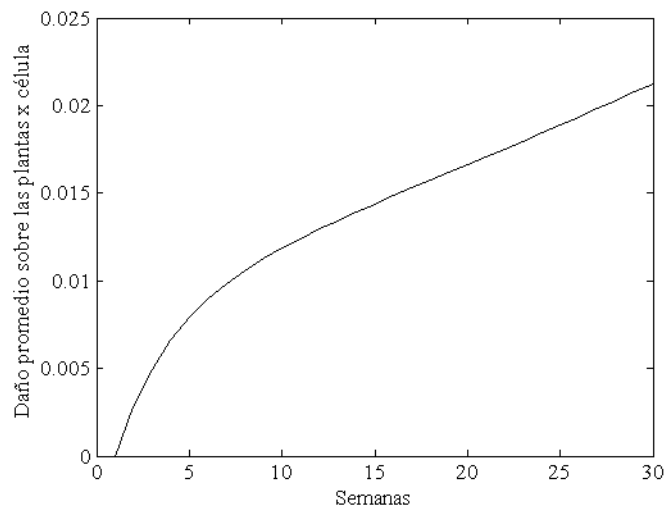
**Figura 64.** Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 20 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 100% del área total (ver Tabla XVI).



**Figura 65.** Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 100% del área total, 20 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula (ver Tabla XVI).



**Figura 66.** Densidad de presas y depredadores generada por el modelo (94) usando la combinación inicial de 70 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula. Las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 100% del área total (ver Tabla XVI).



**Figura 67.** Daño causado por las plaga sobre las plantas. En la simulación, las presas fueron inicialmente distribuidas sobre el 100% del área total, 70 *Orius* por célula and entre 30 y 40 *Frankliniella* por célula (ver Tabla XVI).

Dentro de ciertos límites, el incremento en la densidad de la población de presas decrementa el rendimiento de las plantas. (Batal and Smittle, 1981; Stoffella and Bryan, 1998; Decoteau and Graham, 1994; Cebula, 1995; Lorenzo and Castilla, 1995). Cruz-Huerta *et al.* (2009) hicieron un estudio sobre el rendimiento de un cultivo de pimientos combinando la densidad de la población de presas y depredadores por m<sup>2</sup>. Sus resultados mostraron que el rendimiento total del cultivo es de 6.27 pimientos por planta. De acuerdo a estos resultados, nosotros presentamos el rendimiento total del cultivo asociado al área inicialmente afectada considerando que el rendimiento de una planta es de 8 pimientos (Tablas XIII – XVI). Podríamos tener un rendimiento total de 32000 pimientos si el cultivo no tuviera plagas durante las 30 semanas de su producción. Sin embargo, en el presente estudio hemos considerado un cultivo de pimientos con plaga.

**Tabla XVII.** Cultivo cosechado de acuerdo al área afectada por la plaga.

Área (%)	<i>Orius</i>	<i>Frankliniella</i>	Área Afectada (%)	Rendimiento (%)
10	20	[30-40]	18.96	81.04
10	70	[30-40]	8.28	91.72
20	20	[30-40]	37.92	62.08
20	70	[30-40]	16.84	83.16
30	20	[30-40]	58.80	41.2
30	70	[30-40]	25.24	74.76
100	70	[30-40]	84.80	15.2

La agricultura requiere producir cultivos con alto valor comercial y económicamente redituables. Por lo tanto su objetivo es maximizar el rendimiento de estos, lo cual implica que este rendimiento debe estar sobre un nivel de equilibrio bioeconómicamente conveniente. En el presente caso de estudio se podría determinar el procedimiento adecuado para el control de plagas sobre el rendimiento deseado de la Tabla XVII. Por ejemplo, si se desea tener un rendimiento arriba del 80% entonces es necesario distribuir de 20 a 70 depredadores en la primera semana para atacar las presas dispersas sobre el cultivo cuando el área contaminada es menor al 10% del área total (ver Tabla XVII). Para un 20% del área total afectada por plaga, es necesario distribuir más de 70 depredadores por célula para atacar a la plaga, en la primera semana.

En resumen, los resultados muestran que el modelo propuesto trabaja como una herramienta para el control de plagas. Este calcula la introducción de enemigos naturales (depredadores) para atacar a las plagas (presas). La combinación entre el número de presas y depredadores establece el nivel de recursos sobre un equilibrio bioeconómicamente redituable. Por lo tanto los cultivos podrían ser protegidos de las plagas usando métodos como el control biológico para maximizar su rendimiento.

## Conclusiones

En este trabajo nosotros presentamos diferentes tipos de modelos poblacionales, los cuales dividimos dentro de cuatro diferentes clases de acuerdo su estructura. En todos estos modelos, la heterogeneidad espacial del medio ambiente determina diferentes estados de los recursos, lo cual implica que las tasas de natalidad, mortalidad y emigración en las poblaciones varíen en el tiempo y en el espacio. La estimación del tamaño de la población está basada sobre la disponibilidad de los recursos y la distribución de los individuos. Estos parámetros fueron seleccionados como los más importantes factores afectando la dinámica de la población, sin embargo, los recursos podrían ser separados, definidos y evaluados como conjuntos difusos independientes. Esta condición en los modelos poblacionales genera una nueva manera de simular sus dinámicas, pues a través de los sistemas de inferencia difusa es posible evaluar los efectos que el medio ambiente produce sobre las fluctuaciones en el tamaño de las poblaciones (Capítulos VI y VII).

A diferencia de muchos otros modelos poblacionales, como ya lo demostramos en todos los capítulos anteriores, nuestros modelos tienen una mayor versatilidad sobre la estimación del tamaño de la población y la generación de sus fluctuaciones. Por su estructura, estos podrían ser aplicados a diferentes poblaciones, con el objetivo de continuar estudiando sus dinámicas. Además, en el caso de los modelos de poblaciones estructuradas, podrían construirse modelos

más complejos considerando más estadios de vida (Capítulo VIII). Sin embargo, para este caso, la interpretación del ciclo de vida de la especie considerada debe ser la más cercana a su comportamiento real.

En general, los resultados muestran que la estructura celular difusa en los modelos poblacionales permiten visualizar la evolución de la dinámica espacial de las poblaciones y analizar las estrategias de las especies en respuesta a los cambios del medio ambiente, tal y como lo demostraron [Wolfram \(2002\)](#) y [Cipra \(2002\)](#). Nuestros modelos permitieron no solamente estimar el porcentaje de ocupación sobre el espacio celular sino también observar los patrones de ocupación. Esta condición, determino construir el modelo celular difuso tipo depredador-presa, el cual fue aplicado al estudio del control de plagas, en donde la caracterización que se desarrollo permitió evaluar la eficiencia de la depredación producida por el cálculo de la introducción de enemigos naturales para atacar especies dañinas, dentro de un caso de estudio (Capitulo IX). Los resultados nos muestran como los cultivos podrían ser protegidos de las plagas usando métodos como el control biológico para maximizar su rendimiento. Lo cual contribuye al desarrollo de herramientas no dañinas para este tipo de estudios.

El objetivo de este trabajo fue contribuir con el estudio sobre las fluctuaciones en el tamaño de las poblaciones, introduciendo nuevos modelos matemáticos basados en autómatas celulares difusos para simular la dinámica de diferentes poblaciones. Nuestros modelos pueden ser considerados como un conjunto o una

herramienta de modelación generalizada para estudiar la dinámica las poblaciones. Sin embargo, esta herramienta debe considerar modelos estructurados avanzados que contienen también demoras en el tiempo, por ejemplo la demora conectada con recursos limitados o términos de segundo orden conectados con movimientos estocásticos de individuos generados por mutación, etc.

## Referencias

- Allee W.C. 1931. *Animal Aggregations*, University of Chicago Press, Chicago.
- Bascompte J. y Sole R. 2005. Margalef y el espacio o porqué los ecosistemas no bailan sobre la punta de una aguja. *Ecosistemas* **1**.
- Bascompte J. 2009. Ecological Systems: in Meyers R.A. (ed.), *Encyclopedia of Complexity and System Science*, Springer.
- Batal K.M. y Smittle D.A. 1981. Response of bell pepper to irrigation, nitrogen, and plant-population. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* **106**:259-262.
- Berryman A.A. 1999. *Principles of population dynamics and their application*. Thornes, Cheltenham.
- Berryman, A.A. 1999. *Principles of population dynamics and their application*. Thornes, Cheltenham.
- Castro-Rodríguez J.R., Castillo O., Melin P., Martínez L.G., Escobar S. y Camacho I. 2007. Building Fuzzy Inference Systems with the Interval Type-2 Fuzzy Logic Toolbox, IFSA.
- Castro-Rodriguez J.C. 2006. Tutorial Type-2 Fuzzy Logic Theory and Applications, IEEE Computational Intelligence Society Mexico Chapter, "3<sup>rd</sup> International Seminar on Computational Intelligence 2006".
- Castro-Rodríguez J.R., Castillo O. y Melin P. 2007. An interval type-2 fuzzy logic toolbox for control applications, FUZZ-IEEE.
- Castro-Rodriguez J.R., Castillo O., Melin P. y Rodriguez-Diaz A. Building Fuzzy Inference Systems with a New Interval Type-2 Fuzzy Logic Toolbox: In *Transactions on Computational Science*. Book Chapter, **4750**:104-114, 2008, Springer-Verlag.
- Cebula S. 1995. Otimization of plant and shoot spacing in greenhouse production of sweet pepper. *Acta Hort.* **412**:321-329.

- Christiansen F.B. y Fenchel T.M. 1977. Theories of populations in biological communities, Springer, Berlin.
- Cipra B. 2002. *What's happening in the Mathematical Sciences*, vols. 3 y 5, American Mathematical Society, EU, 1996.
- Clifford A.R. (2002). Fuzzy automata and life Complexity. Wiley Periodicals, Inc., Vol.7, No.3.
- Cruz-Huerta N., Sánchez del Castillo F., Ortiz-Cereceres J. y Mendoza-Castillo M. del C. 2009. High plant stand with early pruning on yield and harvest period in bell pepper. *Agricultura Técnica en México*, **35**(1):73-80.
- Crutchfield, J.P. and Mitchell, M. 1995. *The evolution of emergent computation*, Proceedings of the National Academy of Sciences, USA 92 (23): 10472-10476 pp.
- Decoteau D.R. y Graham H.A.H. 1994. Plant spatial arrangement affects growth, yield, and pod distribution of cayenne peppers. *Hortsci.* **29**:149-151.
- Di-Stefano B., Fuks H. y Lawniczak A.T. 2000. Application of fuzzy logic in calgca models as a way of dealing with imprecise and vague date. In *Electrical and Computer Engineering*, **1**:212–217, Canadian Conference.
- Dubois D. y Prade H. 1980. *Fuzzy Sets and Systems: Theory and Applications*, Academic Press, New York.
- Edelstein-Keshet L. 1987. *Mathematical Models in Biology*. McGraw-Hill, Inc.
- Gamez M., Carreno R., Andujar A.S., Barranco P. y Cabello T. 2000. Modelos matemáticos de depredador-presa en cultivos hortícolas en invernadero en el Sudeste de la Península Ibérica. *Biol. San. Veg. Plagas* **26**:665-672.
- Ginzburg L.R. 1986. The theory of population dynamics: 1. Back to first principles. *Journal of Theoretical Biology*, **122**:385–399.
- Gompertz B. 1825. On the nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new mode of determining the value of life contingencies, *Phil. Trans. R. Soc. Lond.* **115**:513-583.

- Gutowitz, H. 1991. *Cellular Automata, Theory and Experiment*, MIT Press.
- Haeming PD. 2008. Leyes de la Ecología Poblacional, *Ecology Info* **23**.
- John R.I. 1996. Type 2 fuzzy sets for community transport scheduling, in: Proceedings of the Fourth European Congress on Intelligent Techniques and Soft Computing EUFIT'96, **2**:1369–1372.
- John R.I. 1998. Type 2 fuzzy sets for knowledge representation and inferencing, Research Monograph 10, School of Computing Sciences, De Montfort University.
- Karnik N.N. y Mendel J.M. 1998. An Introduction to Type-2 Fuzzy Logic Systems, Univ. of Southern Calif., Los Angeles, CA.
- Karnik N.N. y Mendel J.M. 1999. Application of type-2 fuzzy logic system to forecasting of time-series, *Information Sciences*, **120**:89–111.
- Keytz N. y Flieger W. 1990. *World Population Growth and Ageing: Demo-graphic Trends in the Late Twentieth Century*, University of Chicago Press, Chicago.
- Konrad Zuse y Stanislaw Ulam [x].
- Li Yimin y Hua Jing, 2008. Type-2 fuzzy mathematical modeling and analysis of the dynamical behaviors of complex ecosystems, *Simulation Modelling Practice and Theory* **16**:1379–1391.
- Li Yimin y Sun Xihao, 2008. Modelling dynamic niche and community model by type-2 fuzzy set, *Ecological Modelling* **211**:375–382.
- Li J. y Brauer F. Continuous-time age-structured models in population dynamics and Epidemiology, in: Brauer F., van den Driessche P. and Wu J. (Eds.), *Mathematical Epidemiology*, Springer Berlin / Heidelberg, 2008, pp. 205-227.
- Liang Q. y Mendel J. 2000. Interval type-2 fuzzy logic systems: Theory and design, *IEEE Transactions Fuzzy Systems* **8**:535–550.

- Lorenzo P. y Castilla N. 1995. Bell pepper yield response to plant density and radiation in unheated plastic greenhouse. *Acta Hort.* **412**:330-334.
- Lotka AJ. 1925. Elements of physical biology. Baltimore: Williams & Wilkins Co.
- Morales J. y Buranr Jr V. 1985. Interactions between *Cycloneda sanhuine* and the brown citrus aphid: adult feeding and larval mortality. *Environ. Entomol.* **14**(4):520–522.
- Malthus T.R. 1798. *An Essay on the Principle of Population*. J. Johnson, London.
- Mamdani E.H. y Assilian S. 1975. An experiment in linguistic synthesis with a fuzzy logic controller, *International Journal of Man-Machine Studies*, **7**(1):1-13.
- Mamdani E.H. 1977. Applications of fuzzy logic to approximate reasoning using linguistic synthesis, *IEEE Transactions on Computers*, **26**(12):1182-1191.
- Mamdani E.H. 1976. Advances in the linguistic synthesis of fuzzy controllers, *International Journal of Man-Machine Studies*, **8**:669-678.
- Mandelas E.A., Hatzichristos T. and Prastacos P. 2007. 10th agile international conference on geographic information science, 1–9 pp, Denmark, 2007. Aalborg University.
- Margara, L. 1995. *Cellular Automata and Chaos*, Ph.D. Thesis.
- Mendel J. 2001. *Uncertain Rule-Based Fuzzy Logic Systems: Introduction and New Directions*. NJ: Prentice-Hall.
- Mizumoto M. y Tanaka K. 1976. Some Properties of Fuzzy Sets of Type-2, *Information and Control*, **31**:312-340.
- Molina-Becerra M. 2004. *Análisis de algunos modelos de dinámica de poblaciones estructurados por edades con y sin difusión*. Phd, Universidad de Sevilla, España.

- Murray J. 1990. *Mathematical Biology*. Springer, Berlin.
- Neumann J. 1966. *The Theory of self-reproducing automata*, Univ. of Illinois Press, Urbana, IL.
- Noon B.R. y Sauer J.R. 1992. Population models for passerine birds: structure, parameterization, and analysis: in McCullough D.R. and Barret R.H. (Eds.), *Wildlife 2001: Populations*, Elsevier Applied Science, New York, 441–464.
- Renshaw E. 1991. *Modelling Biological Populations in Space and Time*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Ruyong, S. 1983. *Animal ecological principle*, Beijing Normal University.
- Salem S.A. (2204). Numerical simulations for the contraction flow using grid generation *Journal of applied mathematics and computing*, September, 383.
- Schaefer A.J. y Wilson C. 2002. The Fuzzy Structure of Populations. *Can. J. Zool*, **80**:2235–2241.
- Stoffella P.J. y Bryan H.H. 1998. Plant population influences growth and yields of bell pepper. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* **113**:835-839.
- Stone W.D. 1997. *Age-structured population models*.
- Sugeno M. y Kang G.T. 1988. Structure identification of fuzzy model, *Fuzzy Sets and Systems*, **28**:15-33.
- Sugeno M. 1985. *Industrial applications of fuzzy control*, Elsevier Science Pub. Co.
- Takagi T. y Sugeno M. 1985. Fuzzy identification of systems and its applications to modeling and control, *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, **15**:116-132.
- Tsukamoto Y. 1979. An approach to fuzzy reasoning method. In Madan M. Gupta, Rammohan K. Ragade, and Ronald R. Yager, editors, *Advances in fuzzy set theory and applications*, pages 137-149. North-Holland, Amsterdam.

- Tuchin P. 2001. Does population ecology have general laws? *Oikos*, **94**:17–26.
- Turksen I. 1986. Interval valued fuzzy sets based on normal forms, *Fuzzy Sets Syst.* **20**:191-210.
- Turksen I. 1989. Four methods of approximate reasoning with Interval-valued fuzzy sets, *Int. J. Approximate reasoning* **3**:121-142.
- Turksen I. 1994. Interval valued fuzzy sets and fuzzy measures, in: Proceedings of the First International Joint Conference of NAFIPS, 317-321.
- Turksen I. 1995. Type I and interval-valued type II fuzzy sets and logics, in: P. Wang (Ed.), *Advances in Fuzzy Theory and Technology*.
- Turksen I. y Tian Y. 1992. Interval-valued fuzzy sets representation on multiple antecedent fuzzy simplications and reasoning, *Fuzzy Sets Syst.* **52**:143-167.
- Verhulst P.F. 1838. Notice sur la loi que la population suit dans son accroissement. *Corr. Math. Phys*, **10**:113–121.
- Vladimir I. Gertsev, Vladlena V. Gertseva y Sean E. Matson. 2008. Population as an Oscillating System, *Ecological Modelling*, **210**:242-246.
- Volterra V. 1926a. Variazioni e fluttuazioni del numero d'individui in specie animali conviventi, *Mem. R. Accad. Naz. dei Lincei* **2**:31-113.
- Volterra V. 1926b. Fluctuations in the abundance of a species considered mathematically, *Nature* **118**:558-560.
- Wang L.-X. 1994. *Adaptive fuzzy systems and control: design and stability analysis*, Prentice Hall.
- Webb G.F. Population models structured by age, size, and spatial position: in Magal P. and Ruan S. (Eds.), *Structured Population Models in Biology and Epidemiology*, Lecture Notes in Mathematics, Mathematical Biosciences Subseries, vol. **1936**, Springer **2008**.

- Wolfram S. 1984. *Universality and Complexity in Cellular Automata*, Physica D10, 1-35 pp.
- Wolfram S. 1986. *Theory and Applications of Cellular Automata*, World Scientific, Singapore.
- Wolfram S. 2002. *A New Kind of Science*.
- Yager R.R. 1983. On the Implication Operator in Fuzzy logic, *Information Sciences*, **31**:141-164.
- Yager R.R. 1986. A Characterization of the Fuzzy Extension Principle, *J. Fuzzy Sets and Systems*, **18**:205-217.
- Yager R. 1980. On a general class of fuzzy connectives, *Fuzzy Sets and Systems*, **4**:235-242.
- Zadeh L.A. 1975. The Concept of a linguistic variable and its application to approximate Reasoning, *Information Sciences* **8**:199–249.
- Zadeh L.A. 1965. Fuzzy sets, *Information and Control*, **8**:338-353.
- Zadeh L.A. 1973. Outline of a new approach to the analysis of complex systems and decision processes, *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, **3**(1): 28-44.
- Zadeh L.A. 1975. The concept of a linguistic variable and its application to approximate reasoning. *Information Sciences*, **8**.
- Zadeh L.A. 1988. Fuzzy Logic, *Computer*, **1**(4):83-93.
- Zadeh L.A. 1989. Knowledge representation in fuzzy logic, *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, **1**:89-100.
- Zadeh L.A. 1996. Fuzzy logic = computing with words, *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, **2**:103–111.

Zavala M.A., Diaz-Sierra R., Purves D., Zea G.E. y Urbieto I.R. 2006. Modelos espacialmente explícitos. *Ecosistemas* **15**(3): 88-99.

Zun-Quan X. and Fang-Fang G. (2004) Fuzzy metric spaces Journal of applied mathematics and computing, September, 371, (2004).