Prólogo

El desarrollo de la Teoría de la Computación ha estado ligado estrechamente a la búsqueda de modelos que formalicen algunos procesos que se manifiestan en la Naturaleza y que pueden ser considerados como procedimientos *mecánicos* o de *cálculo*.

Un análisis detallado de la evolución en el tiempo de dichos procesos sugieren el uso de dos ingredientes básicos en cualquier modelo que pretenda describir rigurosamente la manera de calcular de la Naturaleza. Por una parte, una *estructura de datos* que proporcione los objetos sobre los que se trabaja; y, por otra, una serie de *operaciones* o transformaciones que actúen sobre dichos objetos. A partir de ahí surgirá de manera natural un *modelo de computación* a través del procesamiento de los datos por medio de las operaciones consideradas.

La *Computación Natural* es una disciplina que trata de modelizar mecanismos computacionales inspirándose en la forma en que la Naturaleza lleva a cabo ciertos procesos que podríamos denominar *evolutivos*. Contiene algunas áreas que se han desarrollado en una doble vertiente: teórica y práctica. Por ejemplo, las *redes neuronales* y los *algoritmos genéticos* están inspirados en la biología, han sido implementados en ordenadores electrónicos y su finalidad ha consistido, básicamente, en obtener nuevos algoritmos que mejoren el rendimiento de los algoritmos clásicos en dichos ordenadores.

La *Computación Molecular* es un área de la Computación Natural cuyo objetivo primordial es el uso de las moléculas orgánicas como soporte básico del dispositivo computacional, de tal manera que permita reemplazar los chips electrónicos de silicio por chips moleculares, a fin de superar las limitaciones de eficiencia inherentes a los ordenadores convencionales, para los que el paralelismo no puede considerarse como una alternativa real debido principalmente a los problemas que se derivan del diseño de arquitecturas con un número elevado de procesadores.

Desde hace algunas décadas, las moléculas de ADN han sido consideradas como candidatos idóneos para elaborar dispositivos computacionales. El direccionamiento y el principio de complementariedad de Watson-Crick permiten usar dichas moléculas como cadenas de un alfabeto que, además, son capaces de implementar realmente un paralelismo masivo al ser factible procesar de manera simultánea billones de moléculas en un pequeño tubo de ensayo. La *Computación Molecular basada en ADN* nació propiamente en noviembre de 1994 cuando L. Adleman realizó un experimento en el laboratorio que permitió resolver una instancia de un problema computacionalmente intratable, a través de la manipulación de moléculas de ADN.

Generalmente la computación ADN trata de implementar *in vitro* procesos que tienen lugar a nivel genético. Sin embargo, muchos procesos *in vivo* no pueden ser de momento simulados *in vitro*. Por ello, parece interesante usar la propia célula como entorno computacional básico de un nuevo modelo de Computación Natural.

La *Computación Celular con Membranas* nace del supuesto de que los procesos que tienen lugar en el interior de las células vivas pueden ser considerados como procesos de cálculo, como computaciones. Este modelo abre nuevas expectativas a la hora de atacar la *resolubilidad práctica* de problemas **NP**–completos. A diferencia de otros modelos, éste no ha sido aún implementado ni en medios electrónicos ni en medios bioquímicos.

La introducción de un nuevo modelo de computación no convencional obliga a revisar el concepto de *resolubilidad de un problema* en dicho modelo y hace necesario desarrollar una Teoría de la Complejidad que precise las medidas que cuantifiquen la cantidad de recursos utilizados en las computaciones del mismo.

El objetivo de este libro consiste en presentar una primera aproximación a una Teoría de la Complejidad en el modelo de Computación Celular con Membranas. Para ello nos hemos inspirado en unas ideas que Gh. Păun expuso a los autores y que fueron debatidas a principios de este año. Hemos de resaltar que éste es el primer texto que se publica sobre Teoría de la Complejidad en modelos de Computación Celular con Membranas.

El libro está estructurado en capítulos cuyo contenido pasamos a describir brevemente. En el primer capítulo se presenta una sucinta introducción histórica de la Computación Natural y de la Teoría de la Complejidad que, a nuestro juicio, justifican la necesidad de desarrollar una teoría específica de la Complejidad en P sistemas.

En el segundo capítulo se introducen los P sistemas básicos de transición con símbolos–objetos, a través de una descripción informal de su sintaxis y de su semántica. Además, se estudian las dos variantes de la Computación Celular con Membranas que van a ser utilizadas a lo largo del curso: los *P sistemas de transición con salida externa* y los *P sistemas de decisión*. De ambos modelos se presentan sendas formalizaciones.

En la literatura actualmente existente, suele ser usual establecer la universalidad de las diversas variantes del modelo de Computación Celular con Membranas a partir de ciertos resultados de la Teoría de Lenguajes Formales. Se prueba por primera vez la universalidad de los P sistemas de transición con salida externa a través de las máquinas de Turing. El capítulo tercero está dedicado al estudio de la simulación de máquinas de Turing deterministas mediante los P sistemas introducidos en el capítulo anterior. Concretamente se asocia a cada máquina de Turing determinista, TM, un P sistema con salida externa, Π_{TM}, que simula el funcionamiento de la máquina. El P sistema Π_{TM} es descrito de manera exhaustiva y se detalla de manera informal cómo se comporta a fin de simular la máquina TM. Conviene resaltar el hecho de que el P sistema trabaja en dos fases bien diferenciadas: la primera de ellas es no determinista y permite generar, en sus distintas computaciones, todos los posibles datos de entrada de la máquina de Turing; la segunda fase es determinista y simula paso a paso la computación de la máquina con el dato de entrada generado en la fase anterior.

El capítulo cuarto está dedicado a demostrar que el P sistema Π_{TM} diseñado en el capítulo anterior, simula realmente el comportamiento de la máquina de Turing TM. Hay que destacar en primer lugar la complejidad de la prueba de verificación, que es estructurada en cuatro etapas (de generación del dato de entrada, de simulación de un paso de transición, de chequeo del estado final y de producción de la salida). En segundo lugar resaltamos que la prueba de verificación proporciona indirectamente la cantidad de recursos que son necesarios para llevar a cabo la simulación, y que es, en cierto sentido, de tipo polinomial.

Las primeras clases de complejidad en P sistemas se introducen en el capítulo quinto. Se trata de unas clases asociadas a tipos de *P sistemas de aceptación* con o sin entrada. Como caso particular, se destaca la clase de complejidad en Computación Celular que corresponde a la clase **P** de los problemas tratables en modelos clásicos de computación, y se ilustra con la demostración de que el problema de la satisfactibilidad de la lógica proposicional pertenece a la clase citada.

El último capítulo del libro está dedicado al estudio de la conjetura $\mathbf{P} \stackrel{?}{=} \mathbf{NP}$ en el marco de la Computación Celular con Membranas. Es bien conocido un resultado de C. Zandron, C. Ferretti y G. Mauri que proporciona una condición *necesaria* para que se verifique $\mathbf{P} \neq \mathbf{NP}$, a través de la irresolubilidad en tiempo polinomial de problemas **NP**–completos en P sistemas que no admiten división de membranas. En este capítulo se obtiene una *caracterización* de la relación $\mathbf{P} \neq \mathbf{NP}$, en términos de irresolubilidad en tiempo polinomial de problemas **NP**–completos mediante familias de P sistemas de decisión deterministas (introducidos en el capítulo 2).

Desde luego, la caracterización presentada de la relación citada proporciona un atractivo adicional al estudio de la Computación Celular con Membranas al permitir atacar la conjetura $\mathbf{P} \stackrel{?}{=} \mathbf{NP}$ en un modelo de computación no convencional. No obstante, no podemos obviar las dificultades que aparecen cuando se trata de establecer la irresolubilidad de un problema en un modelo como el de los P sistemas que es no convencional y, además, no está soportado en un lenguaje de programación.

Confiamos en que este libro pueda servir de ayuda para analizar las dificultades que surgen cuando se trata de formalizar los procesos de verificación y de desarrollar una Teoría de la Complejidad (es decir, de la *computabilidad práctica*) en modelos de computación no convencionales. Estamos convencidos de que el aliciente por superar dichas dificultades estimulará a algunos lectores a adentrarse en el estudio e investigación de la Computación Celular con Membranas que tiene un pasado reciente, un presente prometedor, atractivo y, sobre todo, un futuro fascinante.

M.J. Pérez Jiménez
A. Romero Jiménez
F. Sancho Caparrini
Sevilla, Septiembre de 2002