La representación triangular canónica de las órbitas de Collatz

Miguel Cerdá Bennassar

Julio de 2026

Resumen

Se desarrolla la capa estructural de la familia de triángulos $T(a)$ asociada al problema $3x+1$. Cada triángulo queda íntegramente determinado por su elemento semilla —su *genoma*—, y la familia canónica de triángulos no redundantes está en biyección con $\mathbb{N}_0$ mediante la factorización única de $N+1$ en su parte $\{2,3\}$-ádica y su núcleo coprimo con 6. Sobre esta retícula se definen los *primeros* y *segundos reductores* de las filas: los primeros forman una sucesión regida por $x \mapsto 3x+1$ cuyos términos alternan de paridad y hermanan las filas de dos en dos; los segundos portan, como invariante, la firma $(a+1)3^m$ del propio genoma. Todo el contenido es estático: describe la retícula de la familia y las relaciones aritméticas entre sus celdas, sin apelar a ninguna dinámica sobre ella. La lectura dinámica —el *enlace* entre triángulos— se desarrolla en la segunda mitad del documento, donde se prueba que iterar el enlace equivale a recorrer una órbita de Collatz y se reduce la conjetura a la existencia de un funcional de rango bien fundado, nombrando con precisión el obstáculo que resta.

Índice

1. Alcance y convención **2**

2. La familia canónica y su genoma **2**

3. Cobertura de $\mathbb{N}_0$ **3**

4. Primeros reductores **3**
4.1. Hermanamiento de filas 4
4.2. Una coincidencia posicional aislada 4

5. Segundos reductores **5**

6. El avance en fila y el enlace **6**
6.1. El enlace es Collatz 7

7. El grafo de enlaces y la reducción **8**

8. Lo que se sabe del enlace y lo que no **9**
8.1. Cada fila enlaza; el segundo reductor cumple dos papeles 9
8.2. La longitud del descenso no lo es 9

9. El obstáculo **9**

Perspectiva **10**

Referencias **11**

A. Figuras **12**

1. Alcance y convención

Este documento establece la *representación*: la retícula de celdas de la familia $T(a)$, su cobertura de $\mathbb{N}_0$ y la aritmética de sus reductores. La capa dinámica —el enlace entre triángulos y su reducción— se desarrolla a partir de la Sección 6.

Adoptamos la indexación con la semilla en la fila 0. La fila n (con $n \geq 0$) posee $n+1$ celdas, en columnas $j = 1, \ldots, n+1$, dadas por

$$c_{n,j}^{(a)} \;=\; (a+1)\,2^{\,n-j+1}\,3^{\,j-1} - 1, \qquad 1 \leq j \leq n+1. \tag{1}$$

La *cabeza* (columna $j = 1$) y el *cierre* (columna $j = n+1$) de la fila n son

$$H_n^{(a)} = (a+1)\,2^{\,n} - 1, \qquad L_n^{(a)} = (a+1)\,3^{\,n} - 1.$$

El Apéndice A ilustra $T(18)$ (Figura 1). La fila 0 consta de la sola celda $c_{0,1}^{(a)} = a$, cabeza y cierre a la vez; se trata como cualquier otra fila, sin excepción.

2. La familia canónica y su genoma

Definición 1 (Genoma y familia canónica)**.** Llamamos *genoma* de $T(a)$ al entero $a+1$. El triángulo es *no redundante* (o *primitivo*) cuando su genoma es coprimo con 6:

$$\gcd(a+1, 6) = 1 \quad \Longleftrightarrow \quad a \equiv 0, 4 \pmod 6.$$

La *familia canónica* es $\mathcal{T} = \{\, T(a) : a \equiv 0, 4 \ (6) \,\}$, con $a \in \{0, 4, 6, 10, 12, 16, 18, 22, 24, \ldots\}$.

La equivalencia es inmediata: $a+1$ recorre $1, \ldots, 6 \pmod 6$ según a, y es coprimo con 6 exactamente en $a+1 \equiv 1, 5$, esto es $a \equiv 0, 4$.

Lema 1 (Descripción multiplicativa)**.** *El conjunto de celdas de $T(a)$ es*

$$\mathcal{C}(a) = \left\{\, (a+1)\,2^{\alpha}3^{\beta} - 1 \;:\; \alpha, \beta \in \mathbb{N}_0 \,\right\}.$$

Demostración. En (1), con $\alpha = n - j + 1$ y $\beta = j - 1$, el par (α, β) recorre $\mathbb{N}_0 \times \mathbb{N}_0$ cuando (n, j) recorre $\{n \geq 0,\ 1 \leq j \leq n+1\}$: dados $\alpha, \beta \geq 0$ basta tomar $j = \beta + 1$, $n = \alpha + \beta$. Sustituyendo se obtiene la forma indicada. □

Observación 1 (El genoma determina el triángulo). Por el Lema 1, en la coordenada $y = x+1$ cada celda es $a+1$ multiplicado por un monomio $2^{\alpha}3^{\beta}$. El factor $a+1$ es común a *todas* las celdas; los exponentes sólo codifican la posición. Así, todo el triángulo está determinado por su única entrada externa, la semilla a: no hay en $T(a)$ ningún dato que no derive de $a+1$.

3. Cobertura de $\mathbb{N}_0$

Teorema 1 (Cobertura como biyección)**.** *La aplicación que a cada $N \in \mathbb{N}_0$ asigna la terna (a, n, j) definida por*

$$N + 1 = 2^{\alpha}3^{\beta}(a + 1), \qquad \gcd(a + 1, 6) = 1, \qquad n = \alpha + \beta, \quad j = \beta + 1, \tag{2}$$

es una biyección entre $\mathbb{N}_0$ y el conjunto de todas las celdas de la familia canónica $\mathcal{T}$. En consecuencia

$$\bigsqcup_{a \equiv 0,4\,(6)} \mathcal{C}(a) = \mathbb{N}_0,$$

unión disjunta: cada entero pertenece a un único triángulo primitivo y a una única posición.

Demostración. Por el Lema 1, la totalidad de celdas de $\mathcal{T}$ es, con $m = a + 1$,

$$\big\{\, m\,2^{\alpha}3^{\beta} - 1 \;:\; m \geq 1,\ \gcd(m, 6) = 1,\ \alpha, \beta \in \mathbb{N}_0 \,\big\}.$$

Basta ver que la aplicación $\Phi : \mathbb{N}_0 \to \{(\alpha, \beta, m)\}$ dada por $\Phi(N) = (\alpha, \beta, m)$ con $N + 1 = 2^{\alpha}3^{\beta}m$ y $\gcd(m, 6) = 1$ es biyectiva; la celda asociada $m\,2^{\alpha}3^{\beta} - 1 = N$ recupera N.

Unicidad e inyectividad. Para $N \in \mathbb{N}_0$ se tiene $N + 1 \geq 1$, y el teorema fundamental de la aritmética da una única escritura $N + 1 = 2^{\alpha}3^{\beta}m$ con $\alpha = \nu_2(N + 1)$, $\beta = \nu_3(N + 1)$ y m coprimo con 6.

Sobreyectividad. Dada una terna admisible (α, β, m), el entero $N = 2^{\alpha}3^{\beta}m - 1 \in \mathbb{N}_0$ verifica $\Phi(N) = (\alpha, \beta, m)$.

Luego Φ es biyectiva, y con ella $N \mapsto (a, n, j)$, donde $a = m - 1$ es primitivo y $(n, j) = (\alpha + \beta,\ \beta + 1)$ localiza la celda (Lema 1). La disjunción es la inyectividad. □

Corolario 1 (No redundancia)**.** *La exigencia* $\gcd(a + 1, 6) = 1$ *selecciona un único representante por genoma primitivo. Si $b+1 = 2^{\alpha_0}3^{\beta_0}(a+1)$ con $(\alpha_0, \beta_0) \neq (0, 0)$, entonces $\mathcal{C}(b) \subseteq \mathcal{C}(a)$ con los exponentes desplazados en (α_0, β_0): $T(b)$ reproduce, encajados como cabeza o cola de filas de $T(a)$, segmentos ya presentes en $T(a)$.*

Demostración. La primera parte es la inyectividad del Teorema 1. Para la segunda, $c^{(b)}_{n,j} = (b + 1)2^{n-j+1}3^{j-1} - 1 = (a + 1)2^{\alpha_0+n-j+1}3^{\beta_0+j-1} - 1$, que por el Lema 1 es una celda de $T(a)$. □

Observación 2 (Ubicación de pares e impares). Si N es impar, $\alpha = \nu_2(N + 1) \geq 1$ y la celda no es cierre de su fila (columna $j \leq n$): los impares son las celdas interiores. Si N es par, $\alpha = 0$ y $j = n + 1$: la celda es el cierre de su fila. Módulo 6, las semillas ($n = 0$) son los pares $N \equiv 0, 4$, y los cierres con $n \geq 1$ son los pares $N \equiv 2$.

4. Primeros reductores

Definición 2 (Primer reductor)**.** El *primer reductor* de la fila n de $T(a)$ es la mitad de su cierre,

$$F^{(a)}_n = \frac{L^{(a)}_n}{2} = \frac{(a + 1)3^n - 1}{2} \qquad (n \geq 0).$$

Es siempre entero: $L^{(a)}_n + 1 = (a + 1)3^n$ es impar, luego $L^{(a)}_n$ es par.

Proposición 1 (Cadena diagonal y alternancia)**.** *Se cumple* $F_{n+1}^{(a)} = 3F_n^{(a)} + 1$ *para* $n \geq 0$*; por tanto los términos consecutivos de* $F_0^{(a)}, F_1^{(a)}, F_2^{(a)}, \ldots$ *alternan de paridad.*

Demostración. $3F_n^{(a)} + 1 = \dfrac{3((a+1)3^n - 1)}{2} + 1 = \dfrac{(a+1)3^{n+1} - 1}{2} = F_{n+1}^{(a)}$. La alternancia es inmediata: $3(\text{par}) + 1$ es impar y $3(\text{impar}) + 1$ es par. □

Observación 3 (La diagonal)*.* En $T(18)$ la cadena es $9, 28, 85, 256, 769, 2308, \ldots$, con paridad alterna (impar en n par, par en n impar). En $T(0)$ es $0, 1, 4, 13, 40, 121, \ldots$ (par en n par, impar en n impar). La paridad de la cadena queda fijada por la de su primer término $F_0^{(a)} = a/2$.

4.1. Hermanamiento de filas

Por la Proposición 1, la paridad alterna a lo largo de la diagonal. Cada primer reductor *par* F es la imagen $3(\cdot) + 1$ de su predecesor inmediato, que es *impar*. Estos dos términos consecutivos —uno par, uno impar— se ligan en una pareja.

Observación 4 (Hermanamiento)*.* Cada primer reductor par $F_n^{(a)}$ y su predecesor impar $F_{n-1}^{(a)}$ (con $F_n^{(a)} = 3F_{n-1}^{(a)} + 1$) desembocan, tras la reducción que define el segundo reductor (§5), en un *mismo* valor: el miembro par lo alcanza directamente y el miembro impar aplicando primero $x \mapsto 3x + 1$. Se dice que las dos filas *hermanan*. Los términos pares de la diagonal se sitúan en filas de índice de una paridad fija —la opuesta a la de $a/2$—, de modo que el índice absoluto donde arrancan las parejas depende del triángulo:

$$\text{en } T(18): \ (f_0, f_1), (f_2, f_3), (f_4, f_5), \ldots; \qquad \text{en } T(0): \ (f_1, f_2), (f_3, f_4), (f_5, f_6), \ldots$$

En ambos casos las filas se agrupan de dos en dos y cada pareja determina un único segundo reductor (véase la Figura 2 del Apéndice A). El hermanamiento es una propiedad estructural de la retícula, sin implicación directa sobre la terminación; su contenido dinámico —el doble papel del reductor compartido— se trata en la Observación 10.

4.2. Una coincidencia posicional aislada

Teorema 2 (Coincidencia con la propia fila)**.** *Se tiene* $F_n^{(a)} \in f_n$ *si y sólo si* (a, n) *es* $(0, 0)$ *o* $(0, 1)$*. En ambos casos* $F_n^{(a)}$ *es la cabeza de la fila:*

$$F_0^{(0)} = 0 = H_0^{(0)} \in f_0 = \{0\}, \qquad F_1^{(0)} = 1 = H_1^{(0)} \in f_1 = \{1, 2\}.$$

No hay ninguna otra coincidencia en la familia.

Demostración. Sea $s = a + 1 \geq 1$ con $\gcd(s, 6) = 1$. Que $F_n^{(a)}$ sea la celda $c_{n,j}^{(a)}$ equivale a $\dfrac{s\,3^n + 1}{2} = s\,2^{n-j+1}3^{j-1}$, es decir

$$s\,3^n + 1 = s\,2^{n-j+2}3^{j-1}. \tag{$*$}$$

Si $j \geq 2$, el lado derecho de ($*$) es divisible por 3; para $n \geq 1$ el izquierdo cumple $s\,3^n + 1 \equiv 1$ (mód 3), imposible, y para $n = 0$ la cota $1 \leq j \leq n+1 = 1$ excluye $j \geq 2$. Luego $j = 1$, y ($*$) se reduce a $s(2^{n+1} - 3^n) = 1$, que fuerza $s = 1$ (es decir $a = 0$) y $2^{n+1} - 3^n = 1$. Esto se cumple sólo para $n = 0$ y $n = 1$; para $n \geq 2$ se tiene $2^{n+1} - 3^n \leq -1$. Quedan $(a, n) = (0, 0), (0, 1)$, con $j = 1$ (la cabeza). □

Observación 5 (Lectura). Tratada la fila 0 sin excepción, la coincidencia se da en dos celdas, ambas en $T(0)$: la cabeza 0 de f_0 y la cabeza 1 de f_1. Es una igualdad posicional entre $L_n/2$ y la cabeza H_n de la misma fila; se enuncia y se deja, sin extraer de ella afirmación dinámica alguna.

En particular, esta unicidad implica que el único retorno inmediato de un cierre a una celda de su propia fila corresponde a la pareja (1,2) de la fila f_1 de T(0). No existe ninguna otra coincidencia de este tipo en toda la familia de triángulos.

5. Segundos reductores

Los segundos reductores son el valor común al que hermana cada pareja de filas. Se obtienen dividiendo el cierre por una potencia de 2 *fija* 2^d, cuyo exponente depende de la clase de a módulo 8.

Teorema 3 (Firma del genoma y recurrencia)**.** *Sea*

$$d = d(a) = \begin{cases} 3, & a \equiv 0, 2 \pmod 8, \\ 2, & a \equiv 4, 6 \pmod 8. \end{cases}$$

Existe una paridad $\pi = \pi(a) \in \{0, 1\}$ *tal que* $2^d \mid L_m^{(a)}$ *para todo* $m \equiv \pi \ (2)$*, y los* segundos reductores

$$S_k^{(a)} := \frac{L_{2k+\pi}^{(a)}}{2^d} \qquad (k \geq 0)$$

verifican

$$2^d \, S_k^{(a)} + 1 = (a+1)\, 3^{\,2k+\pi}, \tag{3}$$

y la recurrencia

$$S_{k+1}^{(a)} = 9\, S_k^{(a)} + 2^{\,3-d} \qquad \Big(\textit{esto es, } 9x+1 \textit{ si } d=3, \quad 9x+2 \textit{ si } d=2\Big). \tag{4}$$

En particular, la parte coprima con 3 *de* $2^d S_k^{(a)} + 1$ *es exactamente el genoma* $a+1$*.*

Demostración. Divisibilidad. $L_m^{(a)} + 1 = (a+1)3^{\,m}$, luego $2^d \mid L_m^{(a)}$ equivale a $(a+1)3^{\,m} \equiv 1 \pmod{2^d}$.

Si $a \equiv 0, 2$ (8) ($d = 3$): $a + 1 \equiv 1$ o 3 (mód 8). Como $3^2 \equiv 1$ (mód 8), se tiene $3^m \equiv 1$ (m par) o 3 (m impar). Para $a+1 \equiv 1$ la congruencia $(a+1)3^m \equiv 1$ se cumple con m par ($\pi = 0$); para $a + 1 \equiv 3$, con m impar ($\pi = 1$). Además $(a+1)3^m \equiv 1$ (mód 8) da $\nu_2(L_m^{(a)}) \geq 3$.

Si $a \equiv 4, 6$ (8) ($d = 2$): $a + 1 \equiv 5$ o 7 (mód 8), y $(a+1)3^m$ mód 8 no toma nunca el valor 1; en cambio $(a+1)3^m \equiv 1$ (mód 4) se cumple con una paridad fija de m ($\pi = 0$ si $a + 1 \equiv 1$ mód 4, $\pi = 1$ si $a + 1 \equiv 3$ mód 4), luego el divisor exacto es 2^2.

Firma. De $2^d S_k^{(a)} = L_{2k+\pi}^{(a)} = (a+1)3^{\,2k+\pi} - 1$ sigue (3); y $\gcd(a+1, 3) = 1$ da que $a+1$ es la parte coprima con 3.

Recurrencia. Por (3), $2^d S_{k+1}^{(a)} + 1 = (a+1)3^{\,2k+\pi+2} = 9\big((a+1)3^{\,2k+\pi}\big) = 9(2^d S_k^{(a)} + 1)$. Luego $2^d S_{k+1}^{(a)} = 9 \cdot 2^d S_k^{(a)} + 8$ y, dividiendo por 2^d, $S_{k+1}^{(a)} = 9 S_k^{(a)} + 2^{\,3-d}$. □

Ejemplo 1 (Las cuatro clases)**.**

clase a (8)	d	recurrencia	segundos reductores
$a \equiv 0:\ T(0)$	3	$9x+1$	1, 10, 91, 820, 7381, ...
$a \equiv 2:\ T(18)$	3	$9x+1$	7, 64, 577, 5194, 46747, ...
$a \equiv 4:\ T(4)$	2	$9x+2$	1, 11, 101, 911, 8201, ...
$a \equiv 6:\ T(6)$	2	$9x+2$	5, 47, 425, 3827, 34445, ...

(En $T(0)$ el término $S_0 = L_0/8 = 0$ es degenerado y se omite.) En cada caso $2^d S + 1$ tiene por núcleo coprimo con 3 el genoma $a+1$ ($= 1, 19, 5, 7$ respectivamente): por ejemplo $8 \cdot 7 + 1 = 57 = 19 \cdot 3$ y $4 \cdot 11 + 1 = 45 = 5 \cdot 3^2$.

El segundo reductor $S_k^{(a)}$ es el *candidato* a enlace de su pareja de filas, pero su papel real depende de la carga del cierre: coincide con el enlace cuando $\nu_2(L_{2k+\pi}^{(a)}) = d$ y es solo punto de paso cuando $\nu_2 > d$ (véase la Observación 10). Además, la recurrencia $S_{k+1}^{(a)} = 9S_k^{(a)} + 2^{\,3-d}$ hace *crecer* los reductores (factor 9); por sí sola no proporciona, pues, ningún funcional de rango decreciente.

Observación 6 (Los reductores como ADN del triángulo)*.* La firma (3) confirma la Observación 1 a un nivel más: aunque el genoma $a+1$ está presente en todas las celdas, es en los reductores donde se lee con mayor nitidez. Cada segundo reductor cumple $2^d S_k^{(a)} + 1 = (a+1)\,3^{\,2k+\pi}$: conserva el genoma intacto, acompañado únicamente por una potencia de 3 (de dos en dos desde π, según la clase de a módulo 8). En este sentido los reductores constituyen el *ADN* del triángulo: la misma información —el genoma— repetida y legible en cada nivel. No son un objeto nuevo, sino cierres del propio triángulo divididos por una potencia fija de 2; toda su aritmética —divisor 2^d y constante 2^{3-d} de la recurrencia— queda determinada por la clase de a módulo 8, y por tanto por la semilla.

6. El avance en fila y el enlace

Antes de definir la dinámica registramos un hecho interno a cada fila, que será su motor.

Lema 2 (Avance en fila)**.** *Para $1 \le j \le n$, el mapa $x \mapsto (3x+1)/2$ envía $c_{n,j}^{(a)}$ en $c_{n,j+1}^{(a)}$. En particular, aplicado a la última celda impar $c_{n,n}^{(a)}$, produce el cierre par $c_{n,n+1}^{(a)} = L_n^{(a)}$.*

Demostración. $3\,c_{n,j}^{(a)} + 1 = 3\big((a+1)2^{\,n-j+1}3^{\,j-1} - 1\big) + 1 = (a+1)2^{\,n-j+1}3^{\,j} - 2$, y al dividir por 2 se obtiene $(a+1)2^{\,n-j}3^{\,j} - 1 = c_{n,j+1}^{(a)}$. □

Así, dentro de una fila el mapa acelerado $x \mapsto (3x+1)/2$ recorre columnas de izquierda a derecha hasta el cierre par; esa es toda la dinámica *interna*. La dinámica *entre* triángulos es la que definimos ahora.

Definición 3 (Enlace de una fila)**.** Sea $f_n^{(a)}$ una fila con cierre $L_n^{(a)}$ (par), y $(a,n) \neq (0,0)$. Su *enlace* es el impar

$$\Lambda\big(f_n^{(a)}\big) \;=\; M := \frac{L_n^{(a)}}{2^{\,\nu_2(L_n^{(a)})}}.$$

Por la cobertura, M pertenece a una única celda $c_{n',j'}^{(b)}$ de un único triángulo primitivo $T(b)$; decimos que $f_n^{(a)}$ *enlaza* con la fila $f_{n'}^{(b)}$, en la que entra por la columna j'.

Proposición 2 (El enlace está bien definido, es determinista y total)**.** *Para toda fila* $f_n^{(a)}$ *con* $(a,n) \neq (0,0)$*:*

(i) $L_n^{(a)}$ *es par y positivo, luego* $M = L_n^{(a)}/2^{\nu_2(L_n^{(a)})}$ *es un impar bien definido;*

(ii) M *determina un único triángulo primitivo* $T(b)$ *y una única posición* (n', j')*;*

(iii) $b \equiv 0, 4\ (6)$*, es decir,* $T(b)$ *es de nuevo un triángulo de la familia.*

En consecuencia Λ *es una aplicación total y determinista sobre las filas de* $\mathcal{T}$ *(excluida la fila-semilla* f_0 *de* $T(0)$*), y* nunca se atasca*: el triángulo siguiente existe siempre.*

Demostración. (i) $L_n^{(a)} + 1 = (a+1)3^n$ es impar (producto de $a+1$, coprimo con 6, por una potencia de 3), luego $L_n^{(a)}$ es par; es positivo salvo en $(a,n) = (0,0)$. Dividir por 2^{ν_2} da un impar. (ii) Escribiendo $M + 1 = 2^\alpha 3^\beta (b+1)$ con $\gcd(b+1, 6) = 1$, la cobertura da (b, n', j') de forma única. (iii) $b+1$ coprimo con 6 equivale a $b \equiv 0, 4\ (6)$. □

Observación 7 (El enlace no siempre entra por la cabeza)*.* La columna de entrada $j' = \nu_3(M+1) + 1$ puede ser mayor que 1. Por ejemplo, en $T(18)$ la fila f_7 (cierre 41552) enlaza con $M = 2597$, que entra en $T(432)$ por la columna 2 de su fila 2; en cambio f_5 (cierre 4616) enlaza con $M = 577$, cabeza de f_1 de $T(288)$.

6.1. El enlace es Collatz

El enlace no es un objeto ad hoc: es exactamente un tramo de la dinámica clásica.

Proposición 3 (Equivalencia con el mapa de Collatz)**.** *Sea* $C(x) = (3x+1)/2^{\nu_2(3x+1)}$ *el mapa acelerado de Collatz [2, 3] sobre impares. Si* m *es un impar en la celda* $c_{n,j}^{(a)}$*, entonces*

$$\Lambda\big(\text{fila}(m)\big) = C^{\,(n+1-j)}(m),$$

esto es, el enlace de la fila de m *se obtiene aplicando* C *tantas veces como columnas restan hasta el cierre. Por tanto la órbita de* m *bajo iteración de* C *alcanza* 1 *si y sólo si la sucesión de enlaces a partir de* fila(m) *alcanza la fila* f_1 *de* $T(0)$*.*

Demostración. Por el Lema 2, C aplicado a una celda interior $c_{n,j}^{(a)}$ ($j < n$, de tipo I, con $\nu_2(3x+1) = 1$) da $c_{n,j+1}^{(a)}$: avanza una columna. Aplicado a la última celda impar $c_{n,n}^{(a)}$ (tipo II), $3x+1$ tiene $\nu_2 \geq 2$ y el resultado es $L_n^{(a)}/2^{\nu_2(L_n^{(a)})} = M$. Encadenando desde la columna j hasta la n se aplican $n+1-j$ veces C y se obtiene $M = \Lambda(\text{fila}(m))$. La equivalencia orbital sigue de que Λ es una composición de pasos C, y de que C alcanza 1 exactamente cuando la órbita de Collatz lo hace. □

Ejemplo 2 (La órbita de 27 por enlaces)**.** Iterando Λ desde 27:

$$\begin{aligned} 27 \to 31 \to 121 \to 91 \to 103 \to 175 \to 445 \to 167 \to 283 \\ \to 319 \to 911 \to 577 \to 433 \to 325 \to 61 \to 23 \to 5 \to 1, \end{aligned}$$

diecisiete enlaces hasta 1. La sucesión **no es monótona** ($27 \to 31 \to 121$ crece); el descenso, cuando ocurre, es global y no paso a paso.

7. El grafo de enlaces y la reducción

Definición 4 (Grafo de enlaces)**.** Sea G el grafo dirigido cuyos nodos son las filas de $\mathcal{T}$ (excluida f_0 de $T(0)$) y cuyas aristas son los enlaces $f \to \Lambda(f)$. La fila f_1 de $T(0)$ es un *punto fijo*: su cierre es $L_1^{(0)} = 2$ y $\Lambda(f_1^{(0)}) = 2/2 = 1$, que es la cabeza de $f_1^{(0)}$; corresponde al ciclo trivial $1 \to 2 \to 1$. En G el grado de salida es 1 —el enlace es una función—, mientras que el grado de entrada es variable y no se estudia aquí; un grado de entrada mayor que 1 es lo que permite que varias órbitas confluyan en una misma fila.

Observación 8 (Ciclos: lo que se excluye y lo que no)*.* Conviene ser exactos, pues aquí es fácil afirmar de más. Es cierto y elemental que *si* una trayectoria alcanza un cierre que es potencia pura de 2 —es decir, $L_n^{(a)} = 2^k$—, entonces su enlace es $M = 2^k/2^k = 1$, cabeza de $f_1^{(0)}$, y desemboca en el ciclo trivial $1 \to 2 \to 1$. Pero de esto **no** se sigue la inexistencia de ciclos entre triángulos distintos, por dos razones. Primera: el determinismo del enlace no excluye ciclos; una regla unívoca (grado de salida 1) puede tener ciclos —de hecho el propio ciclo trivial es un ciclo del enlace determinista—, de modo que "la regla es unívoca" no es un argumento de aciclicidad. Segunda: un hipotético ciclo no trivial nunca alcanzaría una potencia pura de 2 (permanecería entre valores que no lo son), de modo que el argumento anterior no lo toca. Así, lo que el marco excluye es la existencia de ciclos *dentro de una misma fila* (salvo el trivial); la *ausencia de ciclos entre triángulos* es exactamente la parte de la conjetura de Collatz relativa a los ciclos no triviales, y permanece abierta. En términos del enlace, que la arista de una fila regrese a esa misma fila —o, tras varios pasos, a una fila ya visitada— sería precisamente un ciclo no trivial, que este marco no descarta. Se conocen cotas inferiores sobre la longitud de un eventual ciclo no trivial [4, 6], así como verificaciones computacionales que respaldan la conjetura hasta cotas muy altas [8].

La reducción se enuncia entonces sin ambigüedad.

Teorema 4 (Reducción de Collatz a un rango bien fundado)**.** *Las tres afirmaciones siguientes son equivalentes:*

(C) *La conjetura de Collatz: toda órbita de C alcanza* 1*.*

(G) *Toda trayectoria de G termina en el punto fijo $f_1^{(0)}$.*

(R) *Existe una función de rango bien fundada ρ sobre los nodos de G, con valores en un orden bien fundado, tal que $\rho(\Lambda(f)) \prec \rho(f)$ para toda arista $f \to \Lambda(f)$ con $f \neq f_1^{(0)}$.*

Demostración. (C)⇔(G) es la Proposición 3: las trayectorias de G son las órbitas de C reagrupadas por filas, y $f_1^{(0)}$ corresponde a 1.

(R)⇒(G): si existe tal ρ, cada trayectoria produce una sucesión estrictamente decreciente $\rho(f) \succ \rho(\Lambda(f)) \succ \cdots$ en un orden bien fundado, que por definición no puede ser infinita; luego toda trayectoria termina, y por la Proposición 2 (no hay atasco) su único final posible es el punto fijo.

(G)⇒(R): si toda trayectoria termina en $f_1^{(0)}$, defínase $\rho(f) =$ número de enlaces desde f hasta $f_1^{(0)}$, con valores en $\mathbb{N}$ (orden usual, bien fundado). Este ρ es finito en cada nodo por hipótesis y decrece en una unidad por arista. Luego (R) se cumple. □

Observación 9 (Qué aporta y qué no)*.* El Teorema 4 no demuestra la conjetura: traslada su contenido a la existencia de ρ. Su valor es de *localización*: los tres primeros niveles del programa —triángulo determinado por su genoma, familia en biyección con $\mathbb{N}_0$, aritmética de

reductores— son estáticos y quedan demostrados en las secciones anteriores; el único eslabón abierto es la buena fundación de la cadena de enlaces. La equivalencia (G)⇔(R) es la observación estándar de que un grafo funcional sin trayectorias infinitas admite un rango; el peso reside, por tanto, en probar (G) directamente, que es la conjetura.

8. Lo que se sabe del enlace y lo que no

8.1. Cada fila enlaza; el segundo reductor cumple dos papeles

Cada fila de $T(a)$ posee su propio enlace $\Lambda(f_n) = L_n^{(a)}/2^{\nu_2(L_n^{(a)})}$: las aristas de G que parten de un triángulo son tantas como filas. Lo que la firma (Teorema 3) fija no es el número de salidas, sino el *nivel* d de los segundos reductores, constante en cada clase módulo 8; ese nivel coincide con el enlace en unas filas y no en otras, según la carga $\nu_2(L_n^{(a)})$ del cierre.

Observación 10 (Los dos papeles del segundo reductor). El segundo reductor $S_k^{(a)} = L_{2k+\pi}^{(a)}/2^d$ tiene nivel fijo d, mientras que el enlace real de esa fila es $L_{2k+\pi}^{(a)}/2^{\nu_2}$ con $\nu_2 = \nu_2(L_{2k+\pi}^{(a)})$. Por tanto:

- si $\nu_2 = d$ (fila de *carga mínima*), el reductor es impar y *coincide con el enlace*: es el impar que arranca el tramo del triángulo siguiente;
- si $\nu_2 > d$ (fila-*pozo*), el reductor es par y es un *punto de paso obligado* de las dos filas hermanas, mientras el enlace real prosigue por debajo, tras agotar la escalera 2^{ν_2}.

En ambos casos toda órbita que entra por la pareja (f_{2k}, f_{2k+1}) pasa por $S_k^{(a)}$; la carga ν_2 decide si además *sale* por él. La ley de la valuación (LTE) localiza cada caso: en $T(18)$ $(d = 3)$ la carga mínima se da en $n \equiv 1 \pmod 4$ (reductores-enlace $7, 577, 46747, \dots$) y los pozos en $n \equiv 3 \pmod 4$ (reductores-paso $64, 5194, \dots$, cada vez más profundos).

8.2. La longitud del descenso no lo es

El impar de enlace es $M = L_n^{(a)}/2^{\nu_2(L_n^{(a)})}$, y por tanto la *profundidad* de la reducción es

$$\nu_2\big(L_n^{(a)}\big) = \nu_2\big((a+1)3^n - 1\big).$$

Esta valuación es irregular: por el lema de la valuación (LTE), $\nu_2(3^t - 1)$ salta según la paridad y la 2-adicidad de t, y otro tanto ocurre con $(a+1)3^n - 1$. La combinatoria de *qué* puertas existen es conocida; *cuánto* se desciende por cada una —y por consiguiente en qué triángulo se cae— depende de esta valuación no controlada. Es el mismo ν_2 que gobierna cada paso de Collatz.

9. El obstáculo

Conviene nombrar el cuello con precisión, sin adornarlo.

Un descenso puntual que no encadena. Sobre los impares de tipo II ($w \equiv 1$ (4), los que cierran cada fila), el mapa $\varphi(w) = (3w+1)/4$ es un entero y cumple $\varphi(w) < w$. Podría

pensarse que esto da un rango decreciente. No lo da: $\varphi(w)$ **no** es en general de tipo II, ni siquiera impar. Por ejemplo, partiendo de $w = 577$ (tipo II):

$$577 \xrightarrow{\varphi} 433 \xrightarrow{\varphi} 325 \xrightarrow{\varphi} 244,$$

y 244 es par: la cadena abandona el dominio y φ no define un auto-mapa. El descenso puntual es real, pero no se compone en un funcional de rango.

La cobertura garantiza no-atasco, no terminación. La biyección con $\mathbb{N}_0$ asegura que el enlace siempre encuentra un triángulo siguiente (Proposición 2): la trayectoria nunca se detiene por falta de destino. Pero "la trayectoria siempre puede continuar" es lo contrario de "la trayectoria termina". La exhaustividad de la retícula es ortogonal a la buena fundación de la dinámica: la partición de $\mathbb{N}_0$ existiría igual aunque la conjetura fuese falsa.

La cadena de genomas no es evidentemente decreciente. Cada enlace transforma el genoma $a+1$ en otro, $b+1$ (el núcleo coprimo con 6 de $M+1$). La conjetura equivale a que la cadena $a+1 \to b+1 \to \cdots$ esté bien fundada hacia el 1 de $T(0)$. Pero estos valores no decrecen paso a paso: en la órbita de 27, los genomas de $27 \to 31 \to 121$ son $7 \to 1 \to 61$ (pues $28 = 2^2 \cdot 7$, $32 = 2^5$ y $122 = 2 \cdot 61$), que primero baja y luego sube con fuerza. No se conoce ninguna cantidad, construida a partir de ellos, que disminuya en cada enlace. *Ese* es el obstáculo, y es el mismo, vestido de triángulos, que resiste a la formulación clásica.

Nota de alcance

Este documento define la única dinámica de la familia —el enlace Λ—, prueba que es total, determinista, sin atascos y equivalente a Collatz, y reduce la conjetura a la existencia de un rango bien fundado sobre el grafo de enlaces (Teorema 4). Lo demostrado es la *reducción* y la *localización* del obstáculo; lo abierto es la buena fundación de la cadena de enlaces, que coincide con la conjetura de Collatz.

Perspectiva

La familia de triángulos $T(a)$ no pretende sustituir a la formulación clásica de Collatz [1, 5, 9], sino ofrecer una representación canónica de su aritmética. Su aportación principal consiste en separar dos niveles que a menudo aparecen mezclados: por un lado, la estructura estática de los enteros, organizada mediante la factorización de $N+1$ en su parte 2-ádica, su parte 3-ádica y su genoma coprimo con 6; por otro, la dinámica producida al enlazar una fila con la siguiente mediante la reducción por potencias de 2.

En el primer nivel, el modelo proporciona una partición disjunta de $\mathbb{N}_0$: cada entero ocupa una única celda de un único triángulo primitivo. Esta parte es puramente algebraica y queda cerrada por la factorización única. En el segundo nivel, el enlace entre filas reproduce exactamente los tramos de la dinámica acelerada de Collatz [7]. Por tanto, las órbitas no desaparecen ni se simplifican artificialmente: quedan reescritas como recorridos sobre una retícula triangular.

La utilidad del modelo reside en que localiza con precisión el obstáculo. La cobertura garantiza que todo enlace tiene destino; el determinismo garantiza que cada fila tiene una única salida; pero ninguna de estas dos propiedades implica por sí sola terminación. Lo que

falta, y lo que equivaldría al contenido profundo de la conjetura, es una función de rango bien fundada que decrezca en cada enlace no trivial. Si tal función llegara a hallarse, la conjetura quedaría demostrada de forma inmediata dentro de este mismo marco, sin ningún paso adicional.

Así, la representación triangular no demuestra la conjetura de Collatz. Su valor es otro: proporciona un lenguaje estructurado en el que la conjetura se traduce en una pregunta precisa sobre el grafo de enlaces. En ese sentido, el modelo $T(a)$ convierte el problema en una cuestión de buena fundación de una dinámica ya completamente definida.

Referencias

[1] L. Collatz, comunicación personal no publicada, Hamburgo, 1937. (Recogida en [9].)

[2] R. Terras, *A stopping time problem on the positive integers*, Acta Arithmetica **30** (1976), 241–252.

[3] C. J. Everett, *Iteration of the number-theoretic function* $f(2n) = n$, $f(2n+1) = 3n+2$, Advances in Mathematics **25** (1977), 42–45.

[4] R. E. Crandall, *On the "*$3x+1$*" problem*, Mathematics of Computation **32** (1978), 1281–1292.

[5] J. C. Lagarias, *The* $3x+1$ *problem and its generalizations*, American Mathematical Monthly **92** (1985), 3–23.

[6] S. Eliahou, *The* $3x+1$ *problem: new lower bounds on nontrivial cycle lengths*, Discrete Mathematics **118** (1993), 45–56.

[7] G. J. Wirsching, *The Dynamical System Generated by the* $3n+1$ *Function*, Lecture Notes in Mathematics **1681**, Springer, 1998.

[8] T. Oliveira e Silva, *Empirical verification of the* $3x+1$ *and related conjectures*, en [9], pp. 189–207.

[9] J. C. Lagarias (ed.), *The Ultimate Challenge: The* $3x+1$ *Problem*, American Mathematical Society, 2010.

A. Figuras

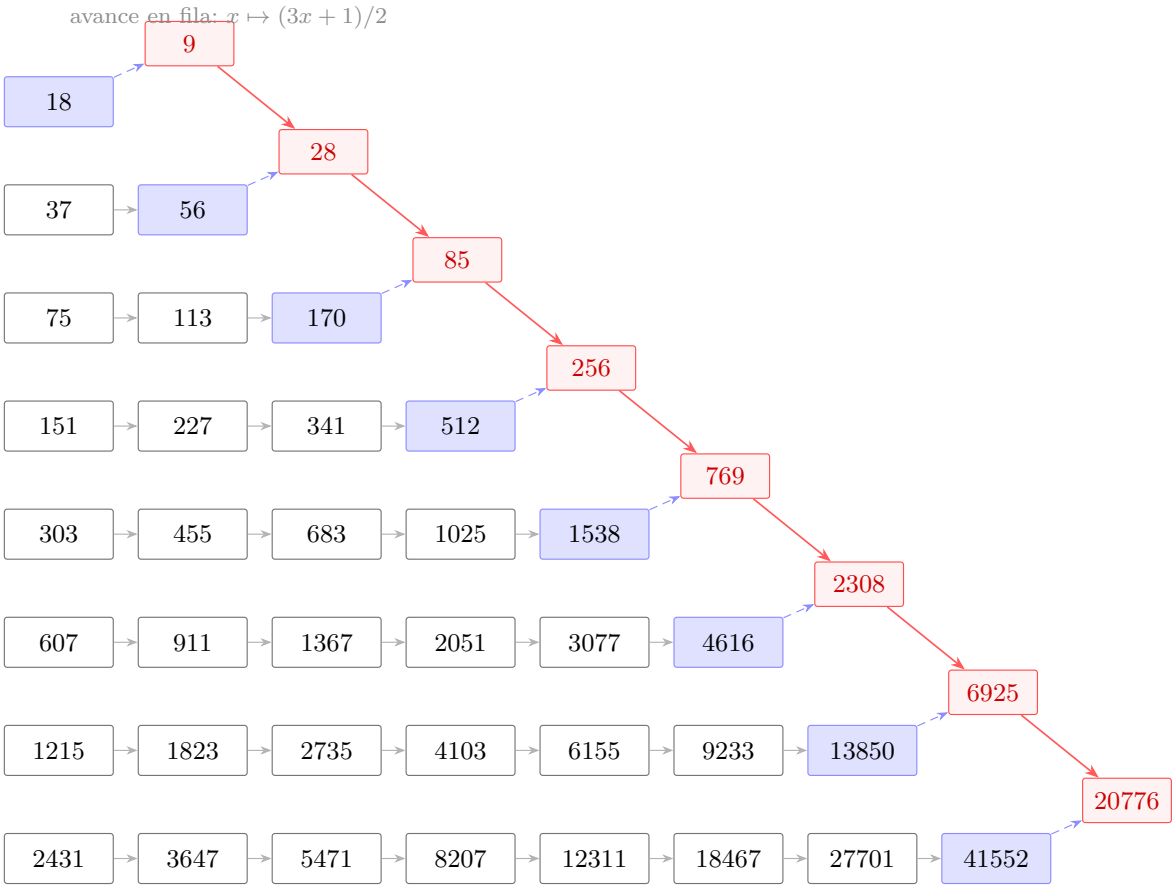

Figura 1: El triángulo $T(18)$ (filas 0–7). Cada fila avanza por $x \mapsto (3x+1)/2$ (flechas grises) y termina en su cierre L_n (azul). La diagonal roja reúne los primeros reductores $F_n = L_n/2$, ligados por $F_{n+1} = 3F_n + 1$; los conectores discontinuos indican la relación $L_n \to L_n/2$.

$T(18)$: cada *dos filas* comparten un mismo segundo reductor

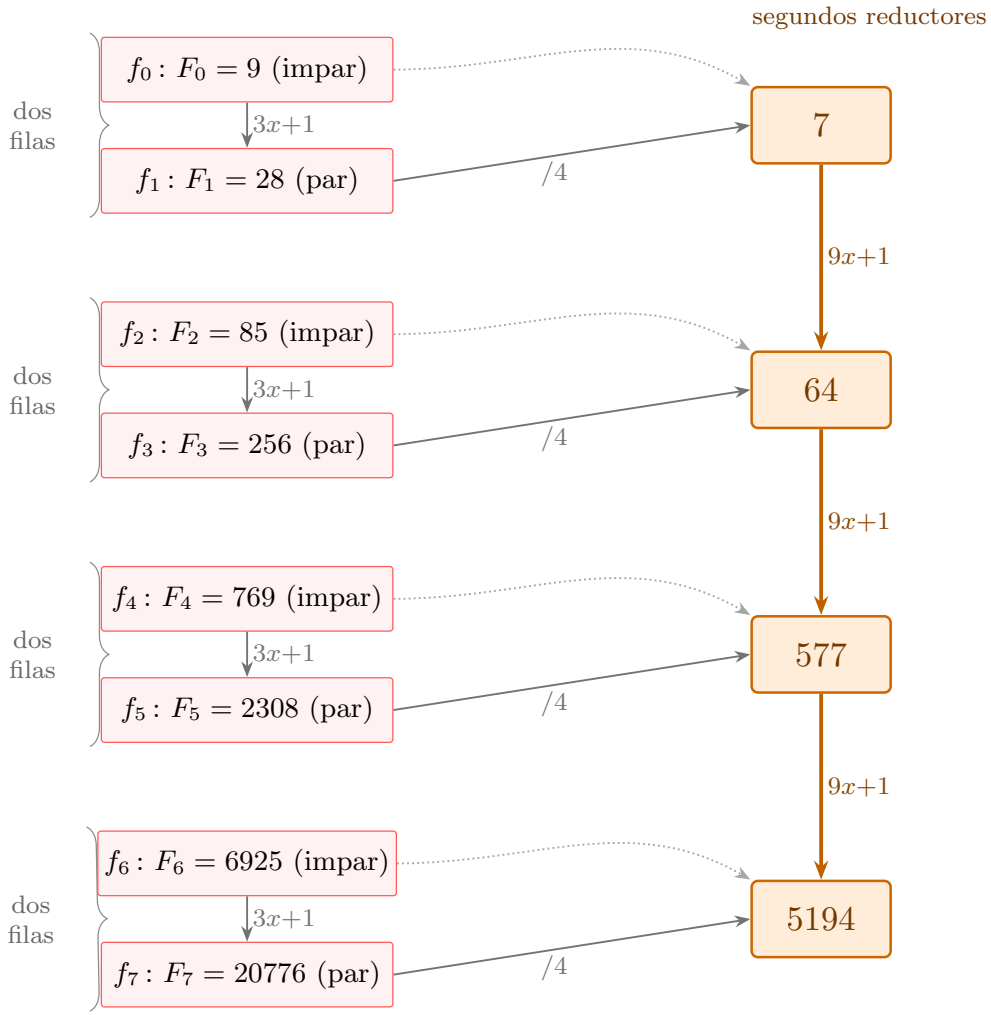

Figura 2: Hermanamiento en $T(18)$. Las filas se agrupan de dos en dos: en cada pareja (f_{2k}, f_{2k+1}) el primer reductor impar se transforma en el par por $x \mapsto 3x+1$, y éste produce por /4 el *mismo* segundo reductor (naranja). Así cada dos filas comparten un único segundo reductor, y éstos se encadenan por $x \mapsto 9x+1$.