

Se observa que la distribución se asemeja a la ley de potencia, por lo que se coincide con la mayoría de las redes reales. Esto hace sentido pues existe una gran cantidad de genes y estos solo se conectan a unas pocas enfermedades, además existen ciertas enfermedades relacionadas con muchas otras y muchos genes como el cáncer de colon.

2.2. Coeficiente de clustering local

Se calcula el coeficiente de clustering, correspondiente a 0.819, con una cantidad de 2651 triángulos y generando el siguiente gráfico.

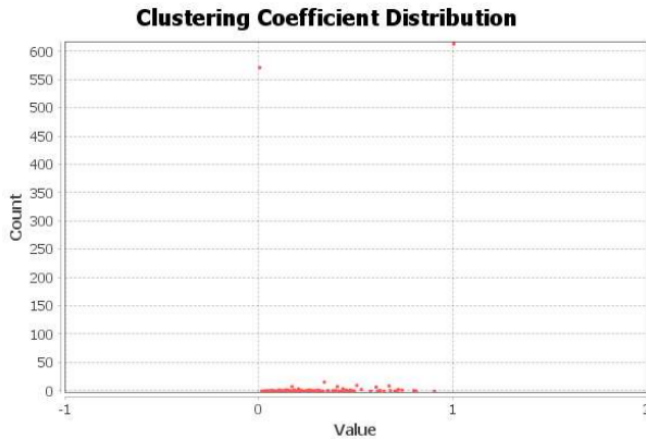


Figura 3: Gráfico de distribución del coeficiente de clustering.

Mostrando un parecido a una distribución normal bastante baja, con 2 outliers que tienen valores inmensamente mas altos de clustering en comparación a los otros. Por lo que cumple con ser libre de escala, algunos nodos tienen muchísimas conexiones pero en su mayoría el grado es bastante bajo.

2.3. Modularidad

Se aplica el algoritmo de Lovaina de detección de comunidades, obteniendo 23 comunidades y una modularidad de 0.855.

Se observa que la comunidad mas grande es de aproximadamente 145 nodos mientras que la mas pequeña corresponde a 11 nodos.

Se observan comunidades definidas al aplicar la partición con colores, se muestra primero una vista general de la red con los labels originales de cada enfermedad o gen.

Se observa que para la clase de enfermedades tipo cáncer la mayoría de estas quedaron conectadas en 3 grupos cercanos, mientras que solo 3 nodos quedaron alejados de estas.

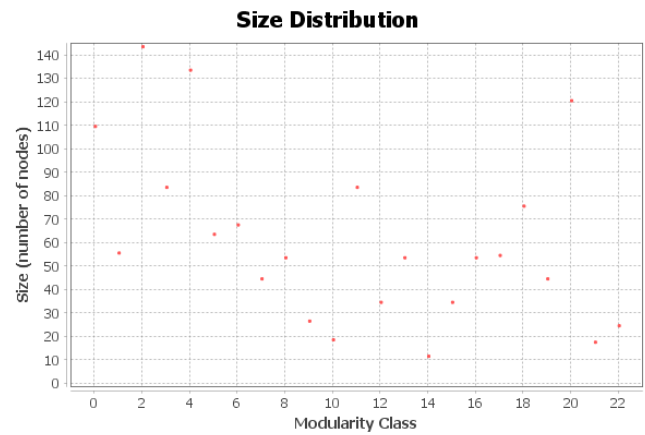


Figura 4: Tamaño para cada una de las comunidades generadas.

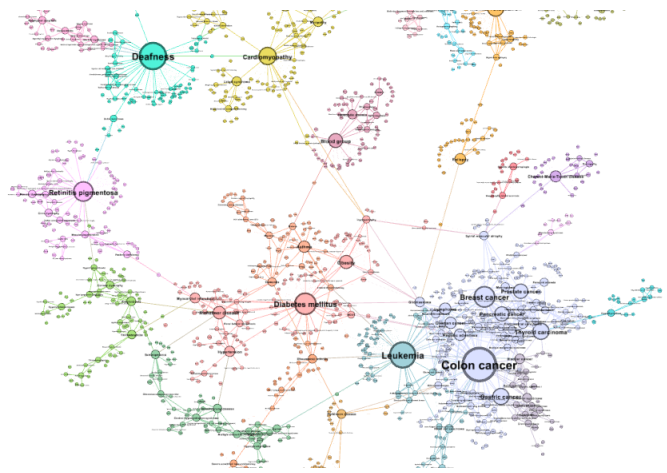


Figura 5: Red coloreada según las comunidades generadas, junto con el nombre de cada enfermedad o gen.



Figura 7: Nodos del tipo cáncer.

