zwq5wfipr

November 30, 2024

0.1 Proyecto final - Alisson García Mejía

Realizar las siguientes actividades usando la matriz de coactivación del conectoma del cerebro humano

[3]:
```
import scipy.io
```

[4]:
```
math_path = r"C:\Users\aliss\Downloads\proyecto␣
 ↪final_modelos\Coactivation_matrix.mat"
contents = scipy.io.loadmat(math_path)
contents
```

[4]:
```
{'__header__': b'MATLAB 5.0 MAT-file, Platform: GLNX86, Created on: Wed Dec 25
01:14:03 2013',
 '__version__': '1.0',
 '__globals__': [],
 'Coactivation_matrix': array([[0.        , 0.16071429, 0.11148649, …, 0.
, 0.05045872,
         0.1011236 ],
        [0.16071429, 0.        , 0.06825939, …, 0.        , 0.        ,
         0.06923077],
        [0.11148649, 0.06825939, 0.        , …, 0.03412969, 0.        ,
         0.        ],
        …,
        [0.        , 0.        , 0.03412969, …, 0.        , 0.        ,
         0.        ],
        [0.05045872, 0.        , 0.        , …, 0.        , 0.        ,
         0.09777778],
        [0.1011236 , 0.06923077, 0.        , …, 0.        , 0.09777778,
         0.        ]]),
 'Coord': array([[ 7.24363636, 37.01090909,  9.42545455],
        [ 7.98653199, 46.22222222, 15.60942761],
        [ 7.55725191, 33.83206107, 23.51145038],
        …,
        [-4.92385787, 15.31979695, 27.73604061],
        [-6.27312775, 34.70484581, -5.09251101],
        [-4.53874539, 46.53874539,  3.06273063]])}
```

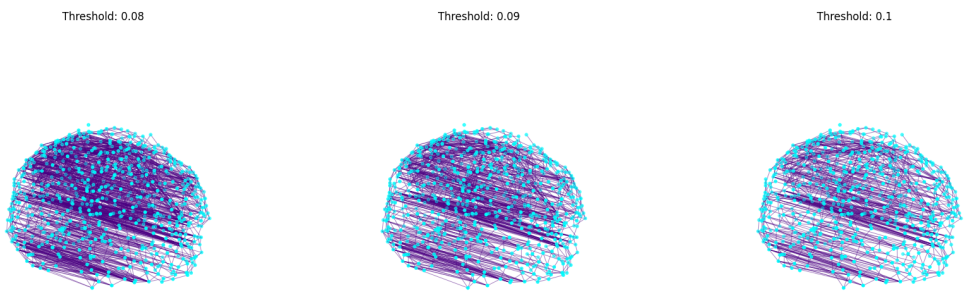
1. Definir grafos con la matriz estableciendo umbrales de coactivación de 0.08, 0.09 y 0.1 y

graficar cada grafo. Añadir las coordenadas tridimensionales (inlcuidas en el archivo.mat)

[7]:
```
coactivation_matrix = contents["Coactivation_matrix"]
coord = contents["Coord"]
coactivation_matrix.shape, coord.shape
```

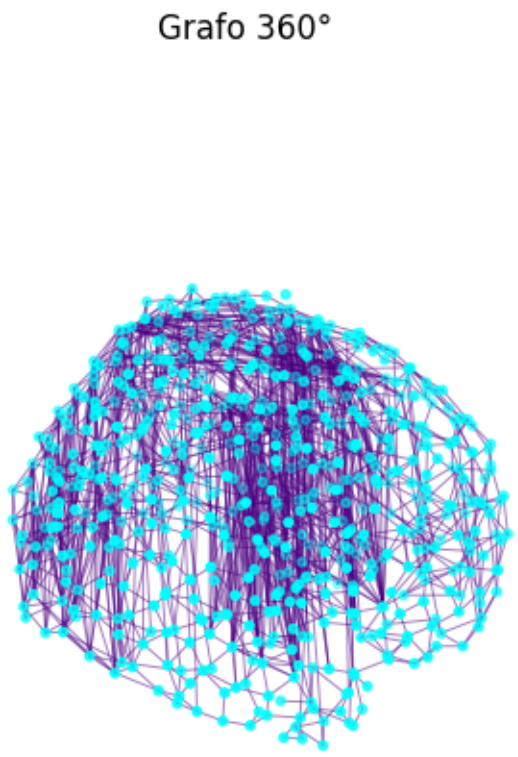
[7]:
```
((638, 638), (638, 3))
```

[8]:
```
import networkx as nx
import matplotlib.pyplot as plt
from mpl_toolkits.mplot3d import Axes3D
import numpy as np


def create_and_plot_graph(matrix, coords, threshold, ax):
    adjacency_matrix = (matrix>=threshold).astype(int)

    G = nx.from_numpy_array(adjacency_matrix)
    # Graficar en 3D
    ax.set_title(f"Threshold: {threshold}")
    ax.axis("off")
    for edge in G.edges():
        x_vals = [coords[edge[0], 0], coords[edge[1], 0]]
        y_vals = [coords[edge[0], 1], coords[edge[1], 1]]
        z_vals = [coords[edge[0], 2], coords[edge[1], 2]]
        ax.plot(x_vals, y_vals, z_vals, c='indigo', alpha=0.5, linewidth=0.7)

    ax.scatter(coords[:, 0], coords[:, 1], coords[:, 2], c='aqua', s=10)

fig = plt.figure(figsize=(18, 6))

thresholds = [0.08, 0.09, 0.1]

for i, threshold in enumerate(thresholds, 1):
    ax = fig.add_subplot(1, 3, i, projection='3d')
    create_and_plot_graph(coactivation_matrix, coord, threshold, ax)

plt.tight_layout()
plt.show()
```



2. Con uno de los grafos en el punto uno con umbral 0.09, generar una animación donde se haga girar 360° el grafo del cerebro para visualizar las conexiones establecidas

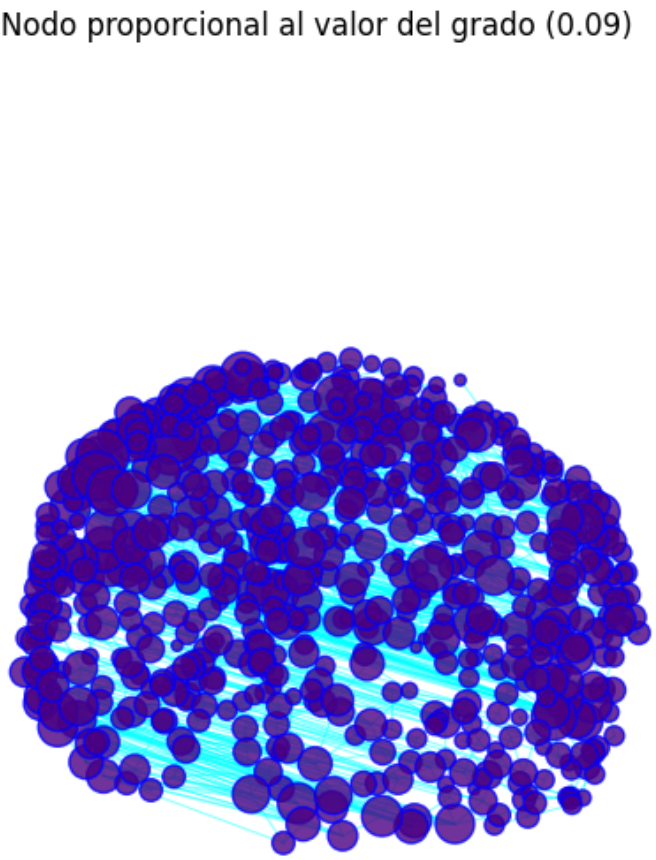
[9]:
```
from matplotlib.animation import FuncAnimation

def update_rotation(frame, graph, coords, ax):
    ax.cla()  # Limpiar el eje
    ax.set_title("Grafo 360°")
    ax.axis("off")
    for edge in graph.edges():
        x_vals = [coords[edge[0], 0], coords[edge[1], 0]]
        y_vals = [coords[edge[0], 1], coords[edge[1], 1]]
        z_vals = [coords[edge[0], 2], coords[edge[1], 2]]
        ax.plot(x_vals, y_vals, z_vals, c='indigo', alpha=0.5, linewidth=0.7)
    ax.scatter(coords[:, 0], coords[:, 1], coords[:, 2], c='aqua', s=10)
    ax.view_init(30, frame)  # Cambiar el ángulo de vista

# Grafo para el umbral de 0.09
adjacency_matrix_09 = (coactivation_matrix >= 0.09).astype(int)
graph_09 = nx.from_numpy_array(adjacency_matrix_09)

fig = plt.figure(figsize=(6,6))
ax = fig.add_subplot(111, projection='3d')

anim = FuncAnimation(fig, update_rotation, frames=360, fargs=(graph_09, coord,␣
 ↪ax), interval=50)
```



3. Encontrar los hubs del grafo y establecer el tamaño del nodo proporcional al valor del grado

[12]:
```
degrees = dict(graph_09.degree())

max_degree = max(degrees.values())
node_sizes = [500 * (deg / max_degree) for deg in degrees.values()]

fig = plt.figure(figsize=(10, 8))
ax = fig.add_subplot(111, projection='3d')

# Para las aristas:
for edge in graph_09.edges():
    x_vals = [coord[edge[0], 0], coord[edge[1], 0]]
    y_vals = [coord[edge[0], 1], coord[edge[1], 1]]
    z_vals = [coord[edge[0], 2], coord[edge[1], 2]]
    ax.plot(x_vals, y_vals, z_vals, c='aqua', alpha=0.5, linewidth=0.7)
```

```
ax.scatter(
    coord[:, 0], coord[:, 1], coord[:, 2],
    c='indigo', s=node_sizes, alpha=0.8, edgecolors='b'
)

ax.set_title("Nodo proporcional al valor del grado (0.09)")
ax.axis("off")

plt.show()
```



4. En función de la matriz de emparejamiento (correlación de la matriz de adyacencia), establecer una participación de los nodos en módulos. Escoger el número de módulos que creas

conveniente y justificar porque escogiste ese número

[10]:
```
from sklearn.cluster import SpectralClustering

graph = nx.from_numpy_array(coactivation_matrix)
# Rango de 2 a 10 módulos, esto evaluando la modularidad, para saber que tan␣
 ↪bien separados están los módulos dentro de una red, estos números aseguran␣
 ↪que los módulos capturan una estructura coherente en la red sin fragmentarla
range_clusters = range(2, 11)
modularity_scores = []
best_partition = None

# Calcular con diferentes números de módulos
for n_clusters in range_clusters:
    clustering = SpectralClustering(
        n_clusters=n_clusters,
        affinity='precomputed',
        random_state=42
    ).fit(coactivation_matrix)

    labels = clustering.labels_

    partition_spectral = {i: label for i, label in enumerate(labels)}
    modularity = nx.algorithms.community.quality.modularity(graph, [
        [node for node, cluster in partition_spectral.items() if cluster == c]
        for c in np.unique(labels)
    ])

    modularity_scores.append(modularity)

    if not best_partition or modularity > max(modularity_scores[:-1]):
        best_partition = partition_spectral

optimal_clusters = range_clusters[np.argmax(modularity_scores)]

optimal_clusters, max(modularity_scores)
```

[10]:
```
(8, 0.4448068669431869)
```

5. Determinar el conjunto de Rich Club y discutir las implicaciones anatómicas y funcionales de este grupo de nodos (mínimo 100 palabras)

[13]:
```
import scipy.io as sio
import networkx as nx
import numpy as np


# Cargar los datos
```

```
mat_data = sio.loadmat(r"C:\Users\aliss\Downloads\proyecto␣
 ↪final_modelos\Coactivation_matrix.mat")
coactivation_matrix = mat_data['Coactivation_matrix']

# Crear el grafo
G = nx.from_numpy_array(coactivation_matrix)

# Identificar el conjunto de Rich Club
rich_club_nodes = [node for node, degree in G.degree() if degree > np.mean([deg␣
 ↪for _, deg in G.degree()])]
print(f"Nodos en el Rich Club: {len(rich_club_nodes)}")
print(f"Algunos nodos del Rich Club: {rich_club_nodes[:10]}")
```

```
Nodos en el Rich Club: 255
Algunos nodos del Rich Club: [6, 7, 11, 16, 18, 19, 20, 22, 37, 38]
```

0.1.1 Discusión

Los nodos cerebrales que corresponden a hubs se pueden relacionar con las siguientes estructuras: - Corteza prefrontal medial (mPFC): Participa en la toma de desiciones, planificación y regulación emocional. - Precúneo: Procesa imágenes mentales, autoconciencia y conciencia espacial del cuerpo, memoria episódica e imaginación mental, procesamiento de estados mentales. - Cortezas visuales primaria y secundaria (V1, V2): procesamiento de estimulos visuales - Corteza cingulada posterior (PCC): participa en la memoria autobiográfica, procesamiento emocional y la integración de infomración emocional y sensorial. - Corteza parietal superior (SPL): permite la atención y la percepción espacial - Tálamo: Modula la atención, percepción sensorial y procesamiento motor, contribuye a la integración sensorial-motora y coordinación motora

Como podemos ver, los hubs cumplen con múltiples funciones, tiene lógica pensar que al ser hubs, no se les puede asociar a una sola función ya que reciben muchas aferencias de múltiples áreas.

6. Supongamos que eliminamos los nodos del RichClub, describir como cambian las propiedades topológicas del grafo, hacer comparativas del grado, coeficiente de cluster, coeficiente de mundo pequeño y las medidas de centralidad (cercanía, intermediación)

[ ]:
```
import networkx as nx
import scipy.io as sio
import numpy as np
mat_data = sio.loadmat(r"C:\Users\aliss\Downloads\proyecto␣
 ↪final_modelos\Coactivation_matrix.mat")
coactivation_matrix = mat_data['Coactivation_matrix']
G = nx.from_numpy_array(coactivation_matrix)
rich_club_nodes = [node for node, degree in G.degree() if degree > np.mean([deg␣
 ↪for _, deg in G.degree()])]

# Crear un grafo sin los nodos del Rich Club

G_without_rich_club = G.copy()
```

```
G_without_rich_club.remove_nodes_from(rich_club_nodes)

# Función para calcular propiedades topológicas
def calculate_graph_properties(graph):
    degree = np.mean([deg for _, deg in graph.degree()])
    clustering_coeff = nx.average_clustering(graph)
    small_world_coeff = nx.sigma(graph) if nx.is_connected(graph) else None
    closeness_centrality = np.mean(list(nx.closeness_centrality(graph).
 ↪values()))
    betweenness_centrality = np.mean(list(nx.betweenness_centrality(graph).
 ↪values()))

    return {
        "degree": degree,
        "clustering_coefficient": clustering_coeff,
        "small_world_coefficient": small_world_coeff,
        "closeness_centrality": closeness_centrality,
        "betweenness_centrality": betweenness_centrality,
    }

# Comparar propiedades
original_properties = calculate_graph_properties(G)
rich_club_removed_properties = calculate_graph_properties(G_without_rich_club)

print("Propiedades del grafo original:", original_properties)
print("Propiedades sin Rich Club:", rich_club_removed_properties)
```

7. Quitar 10%-50% de los nodos con mayor medida de intermediación y describir como cambian las propiedades topológicas del grafo, hacer comparativas del grado, coeficiente de cluster, coeficiente de mundo pequeño y las medidas de centralidad (cercanía, intermediación)

[74]:
```
# Identificar los nodos con mayor intermediación
betweenness = nx.betweenness_centrality(G)
sorted_nodes = sorted(betweenness, key=betweenness.get, reverse=True)

# Eliminar el 10% y 50% de los nodos con mayor intermediación
porcentajes = [0.1, 0.5]
for p in porcentajes:
    num_remove = int(len(sorted_nodes) * p)
    nodes_to_remove = sorted_nodes[:num_remove]

    G_modified = G.copy()
    G_modified.remove_nodes_from(nodes_to_remove)

    modified_properties = calculate_graph_properties(G_modified)
    print(f"Propiedades al eliminar el {int(p*100)}% de nodos con mayor␣
 ↪intermediación:", modified_properties)
```

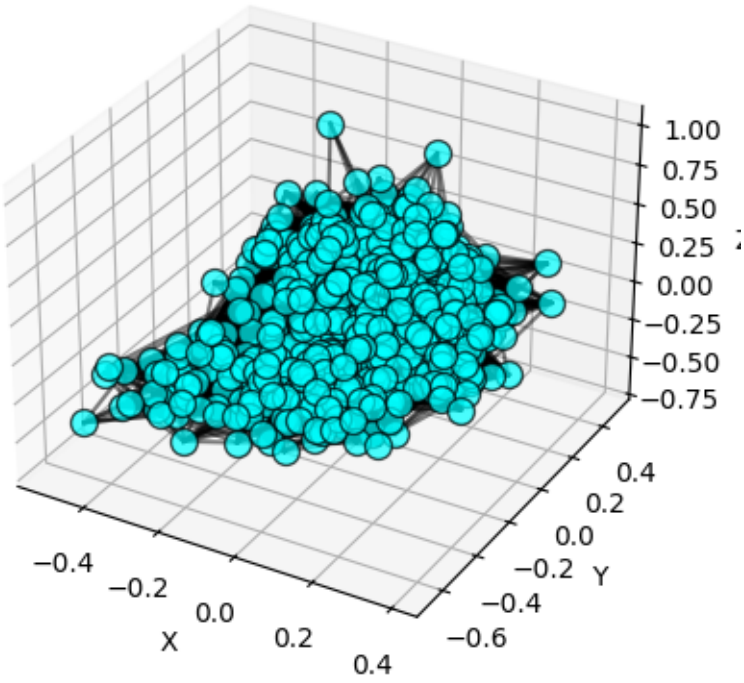
```
Propiedades al eliminar el 10% de nodos con mayor intermediación: {'degree':
np.float64(1.5234782608695652), 'clustering_coefficient': 0.0028985507246376808,
'small_world_coefficient': None, 'closeness_centrality':
np.float64(0.013171426233179032), 'betweenness_centrality':
np.float64(0.007039707612126038)}
Propiedades al eliminar el 50% de nodos con mayor intermediación: {'degree':
np.float64(0.46394984326018807), 'clustering_coefficient': 0.0,
'small_world_coefficient': None, 'closeness_centrality':
np.float64(0.0015148229201579885), 'betweenness_centrality':
np.float64(7.463356319848853e-07)}
```

En si, al eliminar el 10% de los nodos afecta significativamente la estructura y la funciona de la red, reducimos su conectividad y su eficiencia, sin embargo, al eliminar el 50% ocurre una fragmentación severa, tenemos una red muy dispersa, no se forman comunidades, lo que podría resultar en un colapso funcional en la red cerebral dado que los nodos claves son fundamentales para su funcionamiento.

8. Generar un modelo nulo aleatorio donde se tenga el mismo número de nodos y el mismo número de conexiones y comparar sus propiedades con el grafo original del cerebro

[16]:
```python
def generar_modelo_nulo_aleatorio(num_nodos, num_conexiones):
    # Crear un grafo vacío
    G = nx.gnm_random_graph(num_nodos, num_conexiones)
    return G

def plot_grafo_3d(G):
    pos = nx.spring_layout(G, dim=3)  # Distribución de los nodos en 3D
    fig = plt.figure()
    ax = fig.add_subplot(111, projection='3d')

    for key, value in pos.items():
        xi, yi, zi = value
        ax.scatter(xi, yi, zi, color='aqua', s=100, edgecolors='k', alpha=0.7)

    for edge in G.edges():
        x = np.array((pos[edge[0]][0], pos[edge[1]][0]))
        y = np.array((pos[edge[0]][1], pos[edge[1]][1]))
        z = np.array((pos[edge[0]][2], pos[edge[1]][2]))
        ax.plot(x, y, z, color='k', alpha=0.5)

    ax.set_xlabel('X')
    ax.set_ylabel('Y')
    ax.set_zlabel('Z')
    plt.show()


num_nodos = 638
num_conexiones = 638
```

```
G_mismos = generar_modelo_nulo_aleatorio(num_nodos, num_conexiones)
plot_grafo_3d(G)
```



[78]:
```
G_original = nx.from_numpy_array(adj_matrix)
def calcular_propiedades(grafo):
    propiedades = {
        "Número de nodos": grafo.number_of_nodes(),
        "Número de aristas": grafo.number_of_edges(),
        "Grado promedio": np.mean([d for n, d in grafo.degree()]),
        "Coeficiente de agrupamiento promedio": nx.average_clustering(grafo),
        "Longitud promedio de caminos más cortos": nx.
 ↪average_shortest_path_length(grafo) if nx.is_connected(grafo) else np.nan,
        "Eficiencia global": nx.global_efficiency(grafo),
    }
    return propiedades

# Calcular propiedades del grafo original y del modelo nulo
propiedades_original = calcular_propiedades(G_original)
propiedades_nulo = calcular_propiedades(G_mismos)

propiedades_original, propiedades_nulo
```

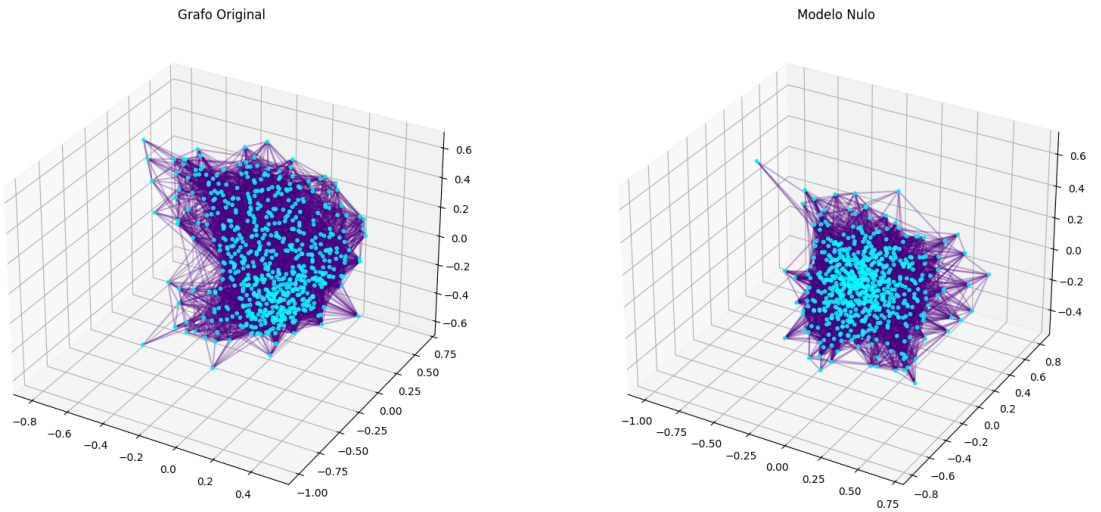
[78]:
```
({'Número de nodos': 638,
  'Número de aristas': 18625,
  'Grado promedio': np.float64(58.38557993730407),
  'Coeficiente de agrupamiento promedio': 0.3844533292242753,
  'Longitud promedio de caminos más cortos': 2.2148737961545844,
  'Eficiencia global': 0.49492420551600974},
 {'Número de nodos': 638,
  'Número de aristas': 638,
  'Grado promedio': np.float64(2.0),
  'Coeficiente de agrupamiento promedio': 0.004440961337513061,
  'Longitud promedio de caminos más cortos': nan,
  'Eficiencia global': 0.09115706765550627})
```

En el grafo del cerebro tenemos un grado promedio más alto, lo que indica que los nodos están muchos más conectados entre sí, a diferencia del modelo nulo donde cada nodo está conectado solo un número mínimo de nodos. Otro punto a favor que tiene el modelo cerebral es que tiene un coeficiente de agrupamiento mayor, es decir que tiene una estructura modular y el modelo nulo tiene una red más dispersa y aleatoria. En general, el modelo nulo al tener una red más aleatoria, no tiene características funciones y estructurales si lo comparamos con el del cerebro que si tiene redes complejas con alta cohesión local y eficiencia global.

9. Generar un modelo nulo aleatorio donde se conserve la distribución de grado y comparar sus propiedades con el grafo original del cerebro

[17]:
```python
import scipy.io
import numpy as np
import networkx as nx
import matplotlib.pyplot as plt

adj_matrix = contents['Coactivation_matrix']

# Crear el grafo original usando NetworkX
G = nx.from_numpy_array(adj_matrix)

#El modelo nulo conservando la distribución de grado
G_nulo = G.copy()
n_iteraciones = 500
nx.double_edge_swap(G_nulo, nswap=n_iteraciones, max_tries=n_iteraciones * 10)

# Para graficar un grafo en 3D
def plot_3d_graph(ax, graph, title):
    pos = nx.spring_layout(graph, dim=3, seed=42)  # Posiciones en 3D

    # Coordenadas de los nodos
    x_nodes = np.array([pos[node][0] for node in graph.nodes()])
    y_nodes = np.array([pos[node][1] for node in graph.nodes()])
    z_nodes = np.array([pos[node][2] for node in graph.nodes()])
```

```
    # Dibujar nodos
    ax.scatter(x_nodes, y_nodes, z_nodes, c='aqua', s=10, alpha=0.8)

    # Dibujar aristas
    for edge in graph.edges():
        x_coords = [pos[edge[0]][0], pos[edge[1]][0]]
        y_coords = [pos[edge[0]][1], pos[edge[1]][1]]
        z_coords = [pos[edge[0]][2], pos[edge[1]][2]]
        ax.plot(x_coords, y_coords, z_coords, c='indigo', alpha=0.3)

    # Ajustes del gráfico
    ax.set_title(title)

# 4. Crear una figura y subgráficos 3D para el grafo original y el modelo nulo
fig = plt.figure(figsize=(17, 7))

# Grafo original
ax1 = fig.add_subplot(121, projection='3d')
plot_3d_graph(ax1, G, 'Grafo Original')

# Grafo modelo nulo
ax2 = fig.add_subplot(122, projection='3d')
plot_3d_graph(ax2, G_nulo, 'Modelo Nulo')

# Mostrar el gráfico
plt.tight_layout()
plt.show()
```



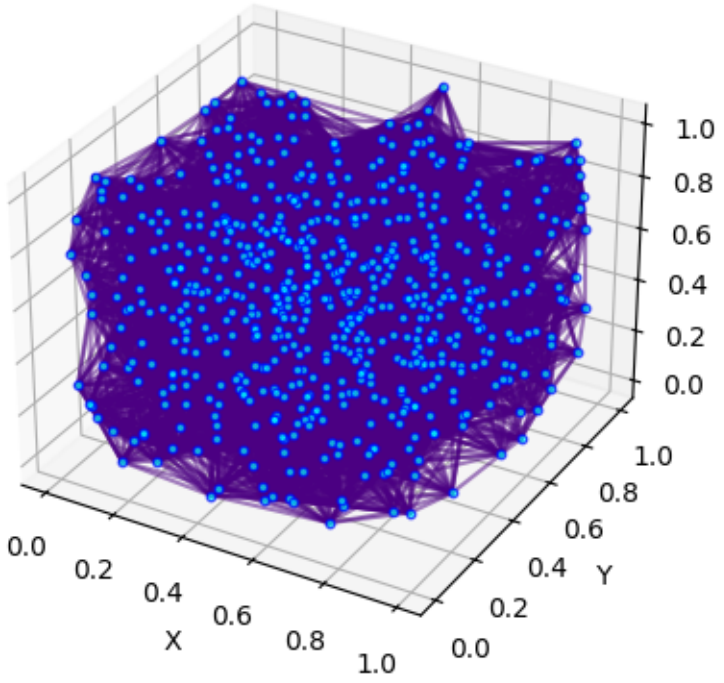
A pesar de que ambos grafos tienen el mismo número de conexiones, nodos y grado, el coeficiente de agrupamiento del cerebro es más alto, lo que quiere decir que las conexiones en el cerebro tienden a

formar más triángulos (grupos mejor conectados) que en el modelo nulo. Otro aspecto que podemos observar es que el grafo del cerebro tiene una mayor longuitud promedio de caminos más cortos a comparación del modelo nulo, lo que indica que el modelo nulo es un poco más eficiente en término de conectividad global. En sí, el grafo original del cerebro tiende a formar comunidades funcionales, pero el modelo nulo es más eficiente globalmente, lo cual es característico de redes aleatorias ya que no poseen restricciones relacionadas a principios biológicos o fisiológicos.

10. Generar un modelo nulo utilizando una probabilidad de conexión en función de la distancia geométrica, con el mismo número de nodos y conexiones y compara sus propiedades y discutir la importancia de las comexiones a larga distancia en el cerebro

[19]:
```python
def generar_grafo_nulo_3d(num_nodos, num_conexiones):
    # Crear un grafo vacío
    G = nx.Graph()

    # Añadir nodos con posiciones en 3D
    posiciones = {i: (np.random.random(), np.random.random(), np.random.
 ↪random()) for i in range(num_nodos)}
    for i in range(num_nodos):
        G.add_node(i, pos=posiciones[i])

    # Calcular distancias entre todos los pares de nodos
    distancias = {(i, j): np.linalg.norm(np.array(posiciones[i]) - np.
 ↪array(posiciones[j]))
                  for i in range(num_nodos) for j in range(i+1, num_nodos)}

    # Ordenar las distancias de menor a mayor
    distancias_ordenadas = sorted(distancias.items(), key=lambda x: x[1])

    # Añadir conexiones según la distancia, hasta alcanzar el número deseado
    conexiones_agregadas = 0
    for (i, j), d in distancias_ordenadas:
        if conexiones_agregadas < num_conexiones:
            G.add_edge(i, j)
            conexiones_agregadas += 1
        else:
            break

    return G

def plot_grafo_3d(G):
    pos = nx.get_node_attributes(G, 'pos')
    fig = plt.figure()
    ax = fig.add_subplot(111, projection='3d')

    for key, value in pos.items():
        xi, yi, zi = value
        ax.scatter(xi, yi, zi, color='aqua', s=10, edgecolors='b', alpha=0.7)
```

```
    for edge in G.edges():
        x = np.array((pos[edge[0]][0], pos[edge[1]][0]))
        y = np.array((pos[edge[0]][1], pos[edge[1]][1]))
        z = np.array((pos[edge[0]][2], pos[edge[1]][2]))
        ax.plot(x, y, z, color='indigo', alpha=0.5)

    ax.set_xlabel('X')
    ax.set_ylabel('Y')
    ax.set_zlabel('Z')
    plt.show()

num_nodos= 638
num_conexiones = 18625
G = generar_grafo_nulo_3d(num_nodos, num_conexiones)
plot_grafo_3d(G)
```



La distribución es diferente a la del grafo del cerebro ya que en este grafo, a pesar de que este grafo tiene el mismo número de nodos y conexiones, las conexiones se añaden comenzando por las distancias más cortas dada su probabilidad, por eso vemos más conexiones en el centro.

Las conexiones a larga distancia en el cerebro permiten una comunicación entre diferentes regiones cerebrales que permitan la integración y coordinación de funciones complejas que requieren de diferentes funciones como la memoria, atención y toma de decisiones. Si eliminaramos las conexiones

de larga distancia, afectaríamos significativamente estas funciones complejas y la eficiencia de la red cerebral.

11. Escribir una reseña de lo aprendido en el curso, incluyendo la importancia de conocer herramientas de teoría de grafos para comprender la conectividad del cerebro (mínimo 200 palabras)

La teoría de grafos proporciona una herramienta valiosa para analizar y comprender la dinámica del cerebro desde una perspectiva matemática y, sobre todo, visual. Este enfoque visual es uno de los aspectos más destacados del curso, ya que permite representar conceptos clave como los **hubs** en el conectoma, facilitando su relación con funciones cerebrales esenciales. Además, la identificación de patrones de conectividad es fundamental para detectar posibles disfunciones en la red neuronal.

El cálculo de **distancias cortas**, el **coeficiente de Rich Club** y la definición de umbrales nos ayudan a identificar qué nodos son cruciales para optimizar la eficiencia de la red, comprender su jerarquía y evaluar la robustez del cerebro frente a cambios o lesiones. Si bien el proceso completo —desde la formulación del problema hasta la visualización gráfica— puede ser complejo, la información que se obtiene es invaluable para entender mejor el funcionamiento de las redes neuronales y descubrir patrones que, de existir, podrían incluso ser predecibles.

Comprender cómo la conectividad cerebral influye en procesos cognitivos simples y complejos abre nuevas posibilidades para desarrollar **estrategias de rehabilitación** basadas en la reorganización de redes funcionales anómalas. Aunque este campo aún está en desarrollo, cada avance representa un paso importante hacia una mejor comprensión y tratamiento de las disfunciones cerebrales.