

Comparación desde la ciencia de redes al dimorfismo sexual en el conectoma humano

Comparison from network science to sexual dimorphism in the human connectome

Juan C Higuera¹, Kevin N Ramos²

¹ Departamento de física Universidad Nacional de Colombia

² Departamento de física Universidad Nacional de Colombia

Resumen

En el presente trabajo se realizó una comparación desde la ciencia de redes al conectoma humano de hombres y mujeres, esto por medio del establecimiento de conectomas consenso los cuales incorporaban los enlaces presentes en al menos cierto porcentaje de la población. Se contrastó que independientemente del consenso el conectoma de hombres exhibe mayor segregación y el de mujeres mayor integración, a su vez el conectoma de hombres se muestra más asimétrico y no aleatorio. Se encontró que en términos de conectividad local los conectomas de hombres y mujeres parecen no diferir significativamente, sin embargo en términos de conectividad global exhiben claras diferencias.

Palabras clave: Dimorfismo sexual, Conectoma, Integración, Segregación, Ciencia de redes, Redes Cerebrales, consenso.

Abstract

In the present work a comparison was made by tools of network science to the human connectome of men and women, this by means of the establishment of consensus connectomes which incorporate the links present in at least a certain percentage of the population. It was contrasted that regardless of the consensus, the connectome of men exhibits greater segregation and that of women greater integration, while

the connectome of men is shown to be more asymmetric and non-random. It was found that in terms of local connectivity the connectomes of men and women do not seem to differ significantly, however in terms of global connectivity they exhibit clear differences.

Keywords: Sexual dimorphism, Connectome, Integration, Segregation, Networks Science, Brain Networks, Consensus.

Comienzo del cuerpo del artículo.

Introducción

Es un hecho que existe distinta prevalencia de enfermedades mentales en hombres y mujeres [1], por lo cual si se quiere abordar la salud mental de una forma diferencial es importante caracterizar las diferencias que existen entre hombres y mujeres. Sin embargo este estudio del dimorfismo sexual en el cerebro está lejos de un consenso. La mayoría de estudios en primera instancia se centraron en las diferencias en tamaños, para ser posteriormente invalidados al normalizar los tamaños acorde al tamaño del cuerpo [1]. En este contexto se ubica este trabajo, como un aporte desde la ciencia de redes a la caracterización de las diferencias en hombres y mujeres, particularmente las diferencias en conectividad.

Así en este proyecto se desarrollaron diferentes comparaciones para cerebros consenso de hombres y mujeres, estos datos representados como grafos fueron descargados desde el webservice Budapest Reference Connectome Server v3.0 [2]. Estas comparaciones se hicieron mediante medidas de integración y segregación aplicadas para distintos consensos de los conectomas, conectividad local y conectividad global para el 20 % y 100 % de consenso, comparando la conectividad interhemisferios y contrastando con la literatura y un modelo nulo de máxima entropía.

El proyecto consta de cuatro secciones, en la primera sección se muestra la parte teórica a tener en cuenta para el desarrollo de las siguientes secciones, se abordan cuestiones como los conceptos básicos de teoría de redes, el modelo de redes de máxima entropía, los fenómenos de integración y segregación en neurociencias y se habla

acerca del dimorfismo sexual presentado entre hombres y mujeres, en la segunda sección se habla de los materiales y métodos que permitieron desarrollar las próximas secciones, en esta sección se habla del origen de los datos, la forma en la que se trabajan con estos y las herramientas utilizadas para su manipulación, en la tercer sección, se presentan los resultados obtenidos para las comparaciones hechas con medidas globales y locales de los datos obtenidos, mientras que en la ultima sección se realizan conclusiones asociadas a los resultados obtenidos y la concordancia que estos guardan con la literatura neurocientífica encontrada acerca del dimorfismo sexual.

Marco teórico

Ciencia de redes

La ciencia de redes es una disciplina académica que hace uso de la teoría de grafos y la estadística para describir sistemas complejos. Esto por medio de representarlos como una red de tal forma que los nodos pueden ser personas, proteínas, genes, neuronas, etc y los enlaces las relaciones que conectan estos nodos. La ciencia de redes es un campo académico en el cual mediante la teoría de grafos se estudian sistemas compuestos por muchas unidades las cuales al relacionarse entre ellas dan lugar a comportamientos complejos[3]. Algunos sistemas susceptibles de ser estudiados por la ciencia de redes son las interacciones sociales, interacciones proteína-proteína, regulación de expresión génica, transporte en ciudades y el sistema nervioso [4].

El concepto principal sobre el cual se fundamenta la teoría de redes es el concepto de grafo, el cual representa un conjunto de nodos que actúan como los elementos principales y un conjunto de vértices los cuales representan las conexiones entre las componentes de la red. [5]

Un grafo con un conjunto de vértices $V = \{1, 2, 3, \dots, n\}$ y un conjunto cualquiera de ejes $E = \{\{1, 2\}, \{2, 1\}, \dots, \{n, k\}, \{k, n\}\}$ puede ser representado mediante una matriz de adyacencia en donde cada una de sus filas representa cada uno de los nodos i y en donde cada una de sus columnas representaría cada uno de los nodos j con los que existe un vinculo de tal forma que si el grafo es

no dirigido (Ejes sin un sentido definido) esta matriz de adyacencia resultaría ser una matriz simétrica. en 17 se encuentra un ejemplo de este tipo de matrices para el caso particular de este trabajo.

Modelos nulos, máxima entropía y redes

Cuando se quiere estudiar conjuntos de datos es deseable tener un punto de comparación, sin embargo no siempre se podrá disponer experimentalmente de puntos de comparación, para esto podemos usar los modelos nulos o neutrales. Este tipo de modelos exhiben los resultados que se tendrían de los datos si se asumen sólo cierto conjunto de hipótesis. Una de las herramientas que nos permite construir modelos nulos es el principio de máxima entropía [6], este nos permite construir conjuntos de datos que cumplan una restricción de la forma menos sesgada posible, i.e. de la forma más aleatoria [6]. En el caso particular de las redes es posible construir estos modelos nulos aplicando el ensamble microcanónico junto a la imposición del número de conexiones de cada nodo i.e. el grado [7].

Para la construcción de redes de máxima entropía de una forma equivalente al formalismo presentado en [7] se puede seguir lo delineado en el apéndice A de [8]. El procedimiento es el siguiente: primero se extrae la secuencia de grado de la red real que se quiere estudiar, luego se usa el algoritmo de Havel Hakimi [9] el cual se puede encontrar incorporado en la librería Networkx https://networkx.org/documentation/networkx-1.9/reference/generated/networkx.generators.degree_seq.havel_hakimi_graph.html, posteriormente se procede a aleatorizar el grafo utilizando el procedimiento de edge-switching que también puede encontrarse en Networkx https://networkx.org/documentation/stable/reference/algorithms/generated/networkx.algorithms.swap.double_edge_swap.html, el cual consiste en la permutación aleatoria de enlaces entre nodos de tal forma que se mantenga constante el número de enlaces por nodo, de esta forma se aleatoriza el grafo sin cambiar el grado de los nodos, con esto cumplimos el objetivo de construir un grafo aleatorio con una secuencia de grados particulares.

Integración y segregación

La integración en neurobiología o también conocida como in-

tegración funcional refiere a las interacciones a un nivel global que tienen lugar entre poblaciones neuronales especializadas como lo serían varias regiones del cerebro y cómo estas interacciones dependen de las actividades sensitivas, motoras y cognitivas. La integración funcional se evalúa examinando las correlaciones entre la actividad en diferentes áreas del cerebro o tratando de explicar la actividad en un área en relación con las actividades en otra parte [10].

Por otro lado, la segregación funcional refiere a las interacciones a nivel local en regiones del cerebro en donde existe un intercambio de información mutua para definir procesos cognitivos en el cerebro [11].

En este proyecto se trabajó con medidas sobre la red relacionadas con la segregación, integración, estructura y una medida híbrida de integración/segregación; como medidas de segregación tenemos la Clusterización y Transitividad, como medidas de integración tenemos la centralidad de Eigenvector Promedio, Grado Promedio y distancia geodésica promedio, mientras que en los otros tipos de medidas se consideraron el número de nodos, ejes y la medida de pequeño mundo, una descripción de estas medidas y como calcularlas se puede encontrar en [4].

Un ejemplo de cómo se calculan estas medidas es el siguiente: Para calcular la distancia geodésica promedio I_G se requiere conocer el número total de nodos sobre la red y la distancia mínima que es necesaria recorrer para ir de cualquier nodo v_i a cualquier nodo v_j , es decir la distancia geodésica $d(v_i, v_j)$. Una vez conocidas estas distancias se procedería a promediarlas tal como se muestra en la siguiente expresión:

$$I_G = \frac{1}{n(n-1)} \sum_{i \neq j} d(v_i, v_j) \quad (1)$$

Donde n es la cantidad de nodos y el factor $\frac{1}{n(n-1)}$ normaliza la medida para facilitar las comparaciones entre grafos con distinta cantidad de nodos.

Dimorfismo sexual en humanos

El dimorfismo sexual refiere a las diferencias fenotípicas entre machos y hembras de una misma especie. En humanos el estudio

del dimorfismo sexual en el cerebro toma importancia en el campo de la salud pública [1], dando lugar así a tratamientos diferenciados y especializados para ambos sexos.

Respecto al estudio del dimorfismo sexual en el cerebro no parece haber consenso, por ejemplo los primeros estudios de las diferencias estructurales entre hombres y mujeres mostraban que el cerebro de los hombres es en promedio más grande (i.e. más pesado) que el de las mujeres. Sin embargo estudios posteriores mostraron que al normalizar los tamaños acorde al del cuerpo no se encontraban diferencias, es decir la relación entre el tamaño cerebral y el tamaño del cuerpo es en promedio la misma para los dos sexos [1].

Por otra parte, una vez hay acuerdo en que una diferencia dada existe, hay un incluso más intenso debate acerca de que significan estas diferencias [1] ¿Más neuronas significa más poder de cómputo? ¿Más conexiones significa mejor comunicación? ¿Cómo se relacionan estas diferencias estructurales con las diferencias funcionales y más aún con las comportamentales?

Una puerta natural para comprender la mente y el comportamiento humano son las redes cerebrales, por lo cual estas han sido un constituyente importante de los esfuerzos por investigar el dimorfismo sexual [12]. Usando técnicas de la ciencia de redes se ha reportado una mayor segregación en hombres que en mujeres y una mayor integración en mujeres que en hombres [13], [14] es decir el cerebro de los hombres parece cableado de forma más local y modulada que el cerebro de las mujeres.

También se ha reportado mayor prevalencia de personas zurdas en hombres que en mujeres, diferencia que se asocia con la asimetría entre los dos hemisferios [15], a su vez estudios usando ciencia de redes reportan que en términos de conectividad el cerebro de los hombres es más asimétrico [13], [14].

A nivel conductual se ha reportado una mayor destreza en habilidades espaciales en hombres que en mujeres [16] y una mejor capacidad de inhibición de conducta en mujeres que en hombres [17].

Material y métodos

Los conectomas estructurales en los que se basa este estudio fueron tomados del Budapest Reference Connectome Server v3.0. Herramienta presentada en 2016 por el PIT Bioinformatics Group, en esta herramienta se presentan los conectomas de 477 personas (284 mujeres y 192 hombres) obtenidos con técnicas de tractografía a partir de datos de resonancia magnética extraídos del Human Connectome Project [2]. La herramienta consiste en la generación de conectomas consenso para hombres, mujeres o mixto; los cuales corresponden a la superposición los conectomas, dado que todos los conectomas se parcelaron de la misma manera todos contienen 1015 nodos, en el caso de los links estos se disponen de tal forma que sólo se toman en cuenta los links que aparecen en cierto % de los conectomas, siendo este % el que define el grado de consenso. Se puede acceder a esta herramienta en el siguiente link <https://pitgroup.org/connectome/>.

Del Budapest Reference Connectome Server v3.0. se extrajeron para consensos del 1 % al 100 % 42 grafos, 21 de hombres y 21 de mujeres con diferencias en los consensos del 10 %. Dado que para distintos consensos algunas parcelas del cerebro quedaban desconectadas del resto, fue necesario para hacer los cálculos tomar la componente de nodos más grande para cada consenso, eliminando así los nodos aislados de esta componente principal, razón por la cual a mayor consenso menor cantidad de nodos y enlaces en el grafo resultante. Se realizaron dos tipos de análisis, uno global de integración y segregación sobre todos los consensos y uno local sobre simetría entre hemisferios y centralidad nodal, los análisis locales se realizaron a dos consensos particulares 20 % y 100 %. El 100 % se escogió por ser el punto de mayor consenso, donde las diferencias encontradas en los conectomas son más robustas a través de la población y el 20 % por ser el consenso en el cual los conectomas de hombres y mujeres tenían aproximadamente la misma cantidad de enlaces y la misma cantidad de links.

Para los análisis globales se calcularon las medidas de integración, segregación y estructura, estas se compararon a partir de diferencias normalizadas. Para el análisis local de simetría entre hemisferios se

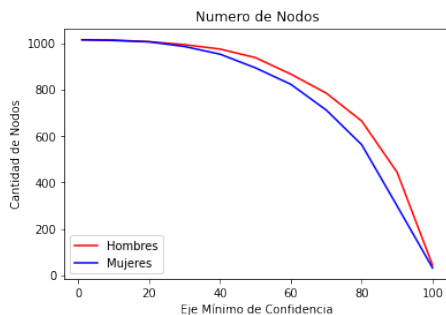


FIGURA 1: Cantidad de nodos vs % de consenso

comparo la centralidad de los hemisferios evaluando cuantos de las 10 parcelas más centrales en términos de conectividad local (Grado) y conectividad global (Eigenvector) pertenecen a un hemisferio o al otro. Para el análisis de conectividad al 20 % se utilizó un modelo nulo de máxima entropía acorde al ensamble microcanónico para comparar las propiedades de conectividad de los conectomas de hombres y mujeres respecto al mismo. Finalmente para el análisis de conectividad al 100 % se dio cuenta de las conexiones particulares de las redes, buscándose así un sentido funcional acorde a la literatura en las diferencias de conectividad.

El manejo de datos, las gráficas y los cálculos se hicieron en el lenguaje de programación Python, usando las librerías Networkx, Matplotlib y Pandas. Las tablas presentadas en medidas locales se hicieron en Excel. El código que sustenta estos resultados se puede encontrar en los anexos.

Resultados

A continuación se presentan los resultados de las medidas globales consideradas para los conectomas estructurales de hombres y mujeres para distintos consensos.

Medidas globales y consensos

Se presentan en la figura 1 la cantidad de nodos y en 2 la cantidad de enlaces para los conectomas de hombres y mujeres.

En la figura 1 se evidencia que a medida que aumenta el con-

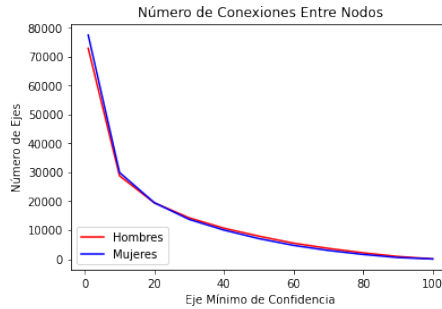


FIGURA 2: Cantidad de enlaces vs % de consenso

senso la población de nodos decae más rápidamente, en particular la población de nodos para las mujeres decae más rápidamente que para los hombres.

En términos de la cantidad de enlaces en la figura 2 se observa un comportamiento opuesto que en los nodos, a medida que aumenta el consenso de cae más lentamente la cantidad de enlaces. Para bajos consensos el conectoma de las mujeres presenta más cantidad de enlaces, mientras que para valores por encima del 20 % la situación se invierte, incluso en la región del 100 % como se verá más adelante.

A continuación se reportan los resultados de las comparaciones globales de integración y segregación hechas entre hombres y mujeres para consensos del 1 % al 100 %. Para apoyar las conclusiones inferidas a partir de las gráficas mostradas se calculó para cada gráfica la diferencia entre el valor de la medida de centralidad tomando la resta entre el valor obtenido para mujeres y el de hombres respectivamente, posteriormente esta diferencia obtenida se divide por el promedio de ambos valores, esto con el fin de normalizar para así poder sumar estas diferencias para cada consenso en cada medida y obtener así un valor que indique en primera aproximación que conectoma presenta un mayor valor para cada medida global.

La primer medida de centralidad considerada es Eigenvector Centrality Promedio 3 la cual es el promedio sobre los nodos de la medida nodal Eigenvector Centrality, esta nos da información acerca de la centralidad global de cada nodo en la red [4], de tal forma que la medida considerada corresponde al promedio de la centralidad global de cada nodo en la red.

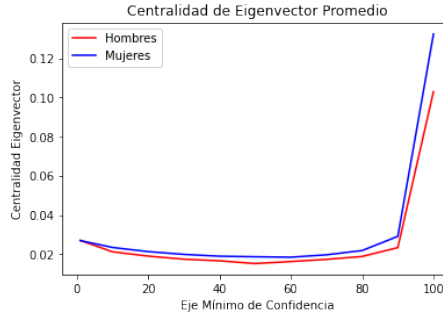


FIGURA 3: Centralidad de Eigenvector promedio vs % de consenso para hombres y mujeres. Diferencia total reportada: 1.545

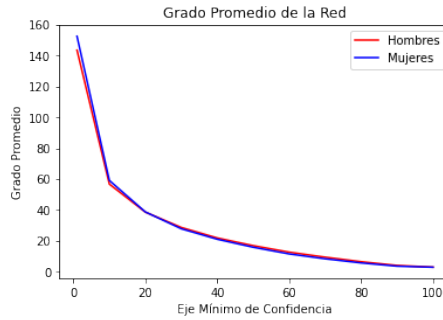


FIGURA 4: Grado promedio vs % de consenso para hombres y mujeres. Diferencia total reportada: -0.511614150056746

En los resultados mostrados en 3 se evidencia que independientemente del consenso los conectomas de las mujeres exhiben una centralidad global promedio por nodo mayor. Note que esta centralidad disminuye a medida que se aumenta el consenso en valores bajos, pero aumenta considerablemente para altos consensos, esto último es indicio de que las partes del cerebro en las que más coinciden tanto hombres como mujeres tienden a estar más conectadas entre ellas que todo el cerebro en general.

La segunda medida de integración considerada es el grado promedio, la cual consiste en promediar todos los valores del grado que tienen los nodos en la red, dando cuenta así de la centralidad local de cada nodo en la red. [4]

La figura 4 muestra que en términos del grado i.e. conectividad local las mujeres exhiben un mayor grado promedio para consensos

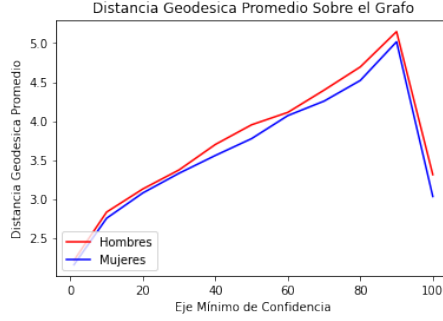


FIGURA 5: Distancia geodésica promedio vs % de consenso para hombres y mujeres. Diferencia total reportada: -0.36194774399936436

menores al 20 %, caso opuesto para el resto de consensos, en esta medida se observa el mismo comportamiento que en la cantidad de enlaces 2, de tal forma que el valor negativo de la diferencia da cuenta de que para la mayoría de consensos el conectoma consenso de los hombres muestra más grado promedio i.e. más enlaces.

La tercera medida de integración es la distancia geodésica promedio, en donde la distancia geodésica entre dos nodos es el número de ejes mínimos que hay de por medio para comunicarlos. [4]

Para el caso de la distancia geodésica promedio observamos que para todos los consensos esta es mayor en hombres que en mujeres, lo cual evidencia que para comunicarse entre cualesquiera dos parcelas en el cerebro los hombres necesitan en promedio más intermediadores que las mujeres. Note que esta distancia aumenta con el consenso a excepción del consenso del 100 % donde disminuye rápidamente. El valor de la diferencia reportada al ser negativo implica que los hombres a lo largo de todos los consensos exhiben una mayor distancia geodésica promedio.

Como primera medida de segregación tenemos el coeficiente de Clusterización Promedio, en un nodo, esta medida nos da información de qué tan bien conectados están sus vecinos, entre más conexiones tengan sus vecinos entre ellos, mayor es la Clusterización. [4]

Si bien para el consenso del 0 % el conectoma de mujeres está más clusterizado, en general se puede decir que para consensos menores al 50 % no hay claridad sobre si está más clusterizado el co-

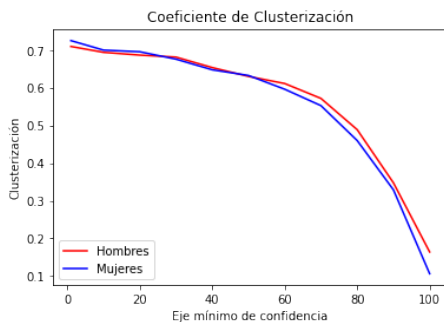


FIGURA 6: Coef. de clusterización promedio vs % de consenso para hombres y mujeres. Diferencia total reportada: -0.5750366647095537

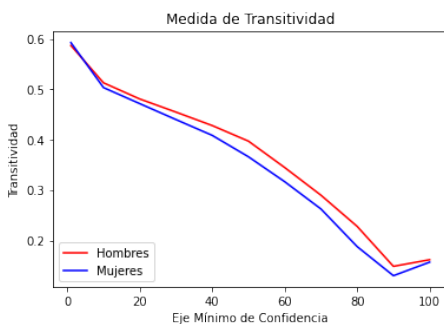


FIGURA 7: Transitividad global vs % de consenso para hombres y mujeres. Diferencia total reportada: -0.72566602015434

nectoma de hombres o de mujeres, mientras que para consensos superiores el conectoma de hombres muestra consistentemente una mayor clusterización. Los resultados de las diferencias normalizadas concuerdan con que el conectoma de hombres presenta una clusterización mayor.

Como segunda medida de segregación tenemos la transitividad la cual se calcula mediante la razón entre los posibles triángulos que podrían llegar a existir sobre la red y los que se pueden conformar. [4]

Para consensos mayores al 10 % se evidencia en la figura 7 una mayor transitividad en hombres que en mujeres, diferencia que alcanza su máximo en el 80 % de consenso para luego disminuir hasta el 100 %.

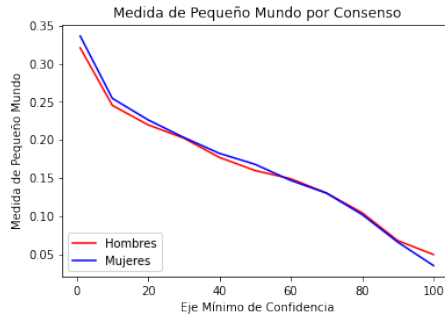


FIGURA 8: Coef. pequeño mundo vs % de consenso para hombres y mujeres.
Diferencia total reportada: -0.21638027065406026

Como medida híbrida tenemos la medida de pequeño mundo la cual se calcula como la razón entre la distancia geodésica promedio y el coeficiente de clusterización promedio, esta cuantifica el balance entre la segregación e integración en la red o en otras palabras que tan prevalente es la estructura de pequeño mundo en la red. [4]

La figura 8 evidencia que para la mayoría de consensos el conectoma de las mujeres presenta un mayor balance entre segregación e integración, sin embargo para el consenso del 100 % la situación es opuesta.

Medidas locales con consenso al 20 % y al 100 %

A continuación se presentan los resultados del análisis de centralidad y simetría entre hemisferios para el consenso del 20 % y el 100 %. Se presentan tres tipos de datos, los rankings que corresponden a los 10 nodos más centrales acorde a su centralidad local (Grado) y a su centralidad global (Eigenvector Centrality), las gráficas de los valores de estas medidas para cada nodo de la red (al 20 % de consenso) y las redes resultantes del 100 % de consenso. En los rankings el color rojo denota hemisferio derecho y el azul hemisferio izquierdo.

A cada uno de los 1015 nodos producto de la parcelación se les asigno un número, donde los primeros 514 corresponden al hemisferio derecho, el 1015 al brainstem y el resto al hemisferio izquierdo. Dada la cantidad de parcelas y que no todas tienen un sentido funcional se optó por centrarse sólo en aquellas que puntuaron como

Male	Female
Putamen	Putamen
Putamen	Putamen
Caudado	Caudado
Caudado	Caudado
Hipocampo	Tálamo
Hipocampo	Hipocampo
Tálamo	Hipocampo
159 Tálamo	
Tálamo	159
Pallidum	Pallidum

FIGURA 9: 10 parcelas más centrales según el grado para el 20 % de consenso

Male	Female
Putamen	Putamen
Caudado	Caudado
632 Tálamo	
603 Pallidum	
Pallidum	632
637 661	
629 603	
602 Hipocampo	
566	Caudado
Tálamo	629

FIGURA 10: 10 parcelas más centrales según Eigenvector centrality para el 20 % de consenso

las más centrales en términos de centralidad local para el 100 %, tal como se evidencia en la figura 11.

Para el 20 % de consenso en términos de conectividad local 9 no hay diferencias significativas en los rankings para hombres y mujeres, para ambos casos el ranking es ocupado por las mismas 10 parcelas, 5 de un hemisferio y 5 del otro. Para el caso de la conectividad global 10 la situación cambia radicalmente, aparecen varias regiones que no aparecen en ningún otro ranking de los aquí mostrados y ya no se tiene simetría entre hemisferios, puesto que ahora el hemisferio izquierdo domina el ranking. Resalta que sólo el Caudado derecho aparece en el ranking y lo hace para el caso de las mujeres.

Para el 100 % de consenso en términos de conectividad local los resultados del ranking 11 son muy coherentes con los del 20 %,

Male	Female
Putamen	Putamen
Putamen	Putamen
Caudado	Caudado
Caudado	Caudado
Tálamo	Tálamo
Tálamo	Tálamo
Hipocampo	Hipocampo
Pallidum	Hipocampo
Hipocampo	Pallidum
Brainstem	Pallidum

FIGURA 11: 10 parcelas más centrales según el Grado para el 100 % de consenso

Male	Female
Putamen	Putamen
Tálamo	Caudado
Caudado	Tálamo
Pallidum	Caudado
Hipocampo	Tálamo
Tálamo	Pallidum
159	Putamen
Putamen	Hipocampo
490	Pallidum
Brainstem	127

FIGURA 12: 10 parcelas más centrales según Eigenvector centrality para el 100 % de consenso

tenemos las mismas parcelas a excepción del brainstem en hombres y los primeros 4 puestos son ocupados por las mismas parcelas para ambos consensos. En el caso de la centralidad global al igual que para el 20 % la situación cambia, se repite el patrón en que se pierde la simetría de centralidad entre hemisferios, pero está vez hacia el hemisferio derecho.

A continuación se presentan los resultados de las medidas Grado 13 y Eigenvector Centrality 14 para todos los nodos al 20 % de consenso. En la medida Eigenvector centrality además se presenta la predicción de los valores de está medida según el ensamble de redes de máxima entropía al cual se le impuso a sus nodos el grado de los nodos del conectoma de los hombres al 20 % de consenso, los resultados imponiendo el conectoma de las mujeres son indistinguibles. Los nodos se ordenaron de mayor a menor.

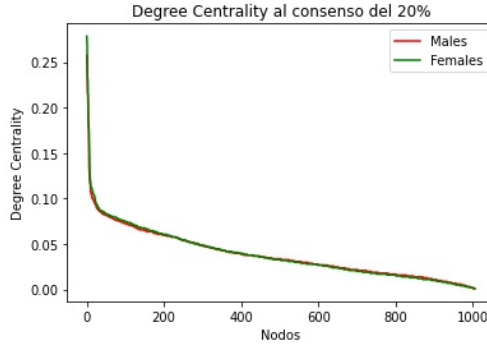


FIGURA 13: Grado para todos los nodos al 20 % de consenso

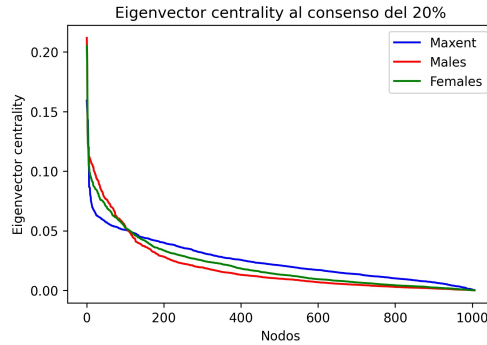


FIGURA 14: Eigenvector Centrality para todos los nodos al 20 % de consenso

Al comparar las gráficas de conectividad local y global para hombres y mujeres al 20 % de consenso se evidencia que en términos de conectividad local 13 los conectomas estructurales para hombres y mujeres son más parecidos entre sí que en términos de conectividad global, esto es consistente con lo observado en los rankings. Si comparamos la predicción de máxima entropía con los conectomas estructurales 14 resalta que los 100 nodos más centrales en hombres y mujeres son más centrales que los 100 nodos más centrales en la red de máxima entropía, ocurriendo el caso opuesto para el resto de nodos. En particular se distingue que el conectoma de los hombres se aleja más de la predicción de máxima entropía que el conectoma de las mujeres.

Finalmente se presentan los conectomas estructurales para el 100 % de consenso.

Donde la parte superior de los grafos corresponde al hemisferio derecho y la parte inferior al hemisferio izquierdo y el tamaño de los nodos es directamente proporcional al grado.

En las figuras 16 y 15 que corresponden al subgrafo conectado en el que coinciden los conectomas de todas las 284 mujeres y 192 hombres se puede evidenciar cualitativamente los resultados mostrados en los análisis de centralidad global, por ejemplo la diferencia en como se interconectan los dos hemisferios explica que el conectoma de los hombres esté más clusterizado 6 y a su vez el de la mujer más integrado 3.

La principal diferencia en términos de conectividad que se observa en estos dos conectomas consenso es en las conexiones interhemisferios, en el caso de los hombres los dos hemisferios se encuentran conectados por un circuito tálamo - brainstem, mientras en las mujeres hay dos conexiones interhemisferio, una por el tálamo y otra por el Caudado.

Discusión y conclusiones

Dado que la causa de que se presente una caída en la cantidad de nodos y enlaces a medida que se aumenta el consenso son las diferencias entre los conectomas al interior de los grupos de hombres y mujeres, una mayor caída en la cantidad de nodos y en la cantidad de enlaces puede asociarse con mayores diferencias en los conectomas, esto sería indicio de que en términos de conexiones los hombres se parecen más entre ellos que las mujeres entre ellas. Esto concuerda con el hecho de que para el mínimo consenso (1 %) el conectoma consenso de las mujeres presente más enlaces.

Del análisis de centralidad global que se puede resumir en las diferencias normalizadas, se encontró que a excepción del caso del grado los hombres presentan mayor segregación que las mujeres y a su vez las mujeres presentan mayor integración. Esto concuerda con lo reportado en [13], [14]. El comportamiento del grado puede explicarse si tenemos en cuenta la relación entre cantidad de enlaces y cantidad de enlaces por nodo promedio, de tal forma que al decaer la población de enlaces más rápidamente en el conectoma de las mujeres es natural que el grado también decaiga. Para el caso de

la medida de pequeño mundo la diferencia normalizada al ser negativa apunta a que los hombres presentan un mayor puntaje en esta medida, sin embargo en la gráfica se observa que para la mayoría de consensos el caso es opuesto, esto se asoció a que para el 100 % de consenso el conectoma de hombres presenta mayor puntaje en esta medida y dado que para este consenso la diferencia es cercana a la magnitud de los valores entonces la normalización le da especial importancia a este consenso.

En términos de conectividad local (grado) en los rankings de 20 puestos, 10 fueron ocupados por el hemisferio derecho y 9 por el hemisferio izquierdo, mostrando así una alta simetría en comparación al caso de conectividad global. En la conectividad global a pesar de que para el 20 % dominaba el ranking el hemisferio izquierdo y para el 100 % el hemisferio derecho, en ambos casos el ranking de los hombres se presentó más asimétrico, siendo consistente con la evidencia de una mayor asimetría entre hemisferios en hombres [15].

Tanto de los rankings como de las gráficas de centralidad local y global para el consenso del 20 % es posible concluir que los conectomas de hombres y mujeres difieren poco en términos de conectividad local, evidenciado en la superposición de sus gráficas del grado y en los nodos que ocupan los rankings del grado. En términos de conectividad global las diferencias son mayores, puesto que es ahí donde se evidencian las diferencias en asimetría y distintas parcelas ocupan el ranking. En particular se puede establecer que la conectividad global del conectoma de hombres al 20 % está repartida de forma más sesgada que en el caso de las mujeres, esto evidenciado en su parecido con la predicción del ensamble microcanónico.

Finalmente en los conectomas estructurales al 100 % de consenso, vemos que incluso en lo que coinciden todas las mujeres entre ellas y todos los hombres entre ellos, es distinto para ambos. En especial resaltamos que para los hombres la conexión interhemisférica se da por un circuito tálamo-brainstem y teniendo en cuenta la importancia de estas dos estructuras para el movimiento y la conexión entre lo motor-sensorial [18], [19] proponemos la prevalencia de este circuito tálamo-brainstem en hombres podría relacionarse con los reportes de mayores habilidades espaciales en los mismos

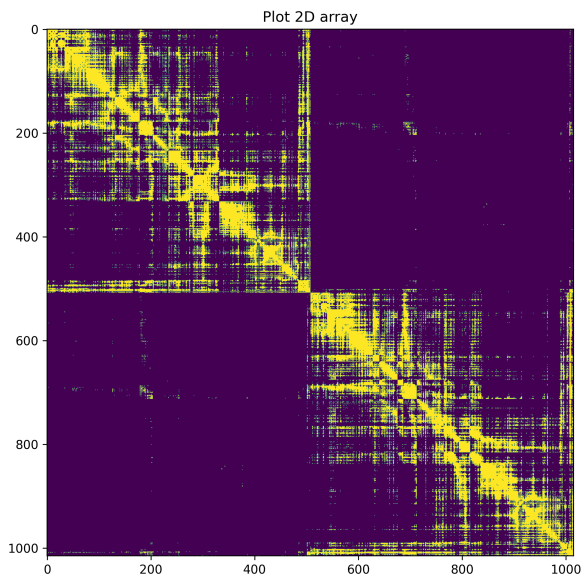


FIGURA 17: Matriz de adyacencia del conectoma estructural al 1 % de consenso para hombres

[16], a su vez la importancia que toma el Caudado en las mujeres, evidenciado en que es la única parcela del hemisferio derecho que aparece en el ranking de centralidad global para el 20 % de consenso y en su papel interconectando los dos hemisferios en el conectoma del 100 % de consenso, proponemos la evidencia estructural aquí encontrada puede relacionarse con los reportes de mejores capacidades de autocontrol en mujeres [17], esto dado el papel funcional que se ha encontrado del Caudado en el autocontrol [20].

0.1. Anexos

Ejemplo de matriz de adyacencia del conectoma estructural de hombres al 1 % de consenso

Código

```
1 # -*- coding: utf-8 -*-
2 """Proyecto biof sica.ipynb
3
4 Automatically generated by Colaboratory.
5
```

```

6 Original file is located at
7   https://colab.research.google.com/drive/1
   gOrTtwiYbLlo4W5I16rK50bomwgUrzVK
8   """
9
10 #importamos librerias, networkx para grafos,
   matplotlib para plotear, pandas para trabajar los
   datos y numpy par ala matriz de adyacencia
11 import networkx as nx
12 import matplotlib.pyplot as plt
13 import pandas as pd
14 import numpy as np
15
16 # Commented out IPython magic to ensure Python
   compatibility.
17 #este codigo nos permite importar el drive a google
   colab, esto con el fin de cargar los archivos
18 from google.colab import drive
19 drive.mount('/gdrive')
20 # %cd /gdrive
21
22 #se ubica la carpeta con los archivos en el drive
23 cd "/gdrive/MyDrive/Fi sica Juan Higuera/Materias
   Pregrado/9no/Biofi sica avanzada/Proyecto
   Biofi sica/Conectomas Biofi sica 2"
24
25 #se cargan los conectomas de mujeres para distintos
   consensos
26 Female_1 = nx.read_graphml("Female 1.graphml")
27 Female_10 = nx.read_graphml("Female 10.graphml")
28 Female_20 = nx.read_graphml("Female 20.graphml")
29 Female_30 = nx.read_graphml("Female 30.graphml")
30 Female_40 = nx.read_graphml("Female 40.graphml")
31 Female_50 = nx.read_graphml("Female 50.graphml")
32 Female_60 = nx.read_graphml("Female 60.graphml")
33 Female_70 = nx.read_graphml("Female 70.graphml")
34 Female_80 = nx.read_graphml("Female 80.graphml")
35 Female_90 = nx.read_graphml("Female 90.graphml")
36 Female_100 = nx.read_graphml("Female 100.graphml")
37
38 #se cargan los conectomas de hombres para distintos
   consensos
39 Male_1 = nx.read_graphml("Male 1.graphml")
40 Male_10 = nx.read_graphml("Male 10.graphml")
41 Male_20 = nx.read_graphml("Male 20.graphml")

```

```

42 Male_30 = nx.read_graphml("Male 30.graphml")
43 Male_40 = nx.read_graphml("Male 40.graphml")
44 Male_50 = nx.read_graphml("Male 50.graphml")
45 Male_60 = nx.read_graphml("Male 60.graphml")
46 Male_70 = nx.read_graphml("Male 70.graphml")
47 Male_80 = nx.read_graphml("Male 80.graphml")
48 Male_90 = nx.read_graphml("Male 90.graphml")
49 Male_100 = nx.read_graphml("Male 100.graphml")
50
51 #encapsulamos los conectomas en listas para facilitar
    el calculo de medidas
52 Males = [Male_1, Male_10, Male_20, Male_30, Male_40,
    Male_50, Male_60, Male_70, Male_80, Male_90, Male_100]
53 Females = [Female_1, Female_10, Female_20, Female_30,
    Female_40, Female_50, Female_60, Female_70, Female_80,
    Female_90, Female_100]
54
55 #Est  funci n remueve los nodos aislados de un grafo
56 def remove_isolates(Grafo):
57     aislados = list(nx.isolates(Grafo))
58     Grafo.remove_nodes_from(aislados)
59     return Grafo
60
61 #se remueven los aislados para todos los conectomas
62 for grafo in Males:
63     remove_isolates(grafo)
64 for grafo in Females:
65     remove_isolates(grafo)
66
67 #Se extrae la matriz de adyacencia y se gr fica
68 Adj = nx.to_numpy_matrix(Male_1)
69 fig = plt.figure(figsize=(15,8))
70 plt.imshow(Adj, vmax= 1, vmin = 0)
71 plt.title("Plot 2D array")
72 plt.show()
73
74 #se calculan e imprimen los 10 nodos mas centrales
    segun el grado
75 degreefem = nx.degree_centrality(Female_20)
76 degreefem_ord = sorted(degreefem.items(), key =lambda
    x: x[1], reverse = True)
77
78 degreeemal = nx.degree_centrality(Male_20)
79 degreeemal_ord = sorted(degreeemal.items(), key =lambda
    x: x[1], reverse = True)

```

```

80
81 for i in range(10):
82     print(degreemal_ord[i], degreefem_ord[i])
83
84 #se calculan e imprimen los 10 nodos mas centrales
    segun eigenvector
85 degreefem = nx.eigenvector_centrality(Female_20)
86 degreefem_ord = sorted(degreefem.items(), key =lambda
    x: x[1], reverse = True)
87
88 degreemal = nx.eigenvector_centrality(Male_20)
89 degreemal_ord = sorted(degreemal.items(), key =lambda
    x: x[1], reverse = True)
90
91 for i in range(10):
92     print(degreemal_ord[i], degreefem_ord[i])
93
94 #se construye el grafo de maxima entropia
95
96 degree_sequence = []
97 #primero extraemos el grado de la red real
98 deg = nx.degree(Male_20)
99 for i in deg:
100     degree_sequence.append(i[1])
101 #construimos el grafo con los grados requeridos
102 Gmaxent = nx.havel_hakimi_graph(degree_sequence)
103 #aleatorizamos el grafo
104 Gmaxent = nx.double_edge_swap(Gmaxent, nswap = 10000,
    max_tries = 10000000000)
105
106 #se miden los grados para el consenso del 20% y se
    plotean
107 medida201 =nx.degree_centrality(Males[2])
108 medida202 = nx.degree_centrality(Females[2])
109
110 medida = medida201
111 medida_ord = sorted(medida.items(), key =lambda x: x
    [1], reverse = True) #est linea es para ordenar el
    diccionario acorde al valor
112 Measuremales = []
113 for i in range(len(medida_ord)):
114     Measuremales.append(medida_ord[i][1])
115 plt.plot(Measuremales,color = "red", label = 'Males')
116
117 medida = medida202

```

```

118 medida_ord = sorted(medida.items(), key =lambda x: x
    [1],reverse = True) #est linea es para ordenar el
    diccionario acorde al valor
119 Measurefemales = []
120 for i in range(len(medida_ord)):
121     Measurefemales.append(medida_ord[i][1])
122 plt.plot(Measurefemales,color = "green", label = '
    Females')
123
124 plt.legend(loc=1)
125 plt.xlabel("Nodos")
126 plt.ylabel("Degree Centrality")
127 plt.title("Degree Centrality al consenso del 20%")
128 plt.savefig("Eigenal20.jpg", bbox_inches='tight', dpi
    =300)
129
130 #se calcula eigenvector para los grafos de hombre,
    mujer y maxima entropia
131 medida201 = nx.eigenvector_centrality(Males[2],
    max_iter = 1000)
132 medida202 = nx.eigenvector_centrality(Females[2],
    max_iter = 1000)
133 medida203 = nx.eigenvector_centrality(Gmaxent,max_iter
    = 10000)
134
135 #el codigo para plotear cada medida es igual a los
    otros
136
137 Betwn = medida203
138 #se ordena la medida
139 Betwn_ord = sorted(Betwn.items(), key =lambda x: x[1],
    reverse = True)
140 Measure = []
141 #se mingresan los valores en una lista y plotean
142 for i in range(len(Betwn_ord)):
143     Measure.append(Betwn_ord[i][1])
144 plt.plot(Measure,color = "blue", label = 'Maxent')
145
146 Betwn = medida201
147 Betwn_ord = sorted(Betwn.items(), key =lambda x: x[1],
    reverse = True)
148 Measure = []
149 for i in range(len(Betwn_ord)):
150     Measure.append(Betwn_ord[i][1])
151 plt.plot(Measure,color = "red", label = 'Males')

```



```

152
153 Betwn = medida202
154 #esta linea es para ordenar el diccionario acorde al
    valor
155 Betwn_ord = sorted(Betwn.items(), key =lambda x: x[1],
    reverse = True)
156 Measure = []
157 for i in range(len(Betwn_ord)):
158     Measure.append(Betwn_ord[i][1])
159 plt.plot(Measure,color = "green", label = 'Females')
160
161 plt.legend(loc=1)
162 plt.xlabel("Nodos")
163 plt.ylabel("Eigenvector centrality")
164 plt.title("Eigenvector centrality al consenso del 20%"
    )
165 plt.savefig("Eigenal20.jpg", bbox_inches='tight', dpi
    =300)
166
167 #el siguiente codigo es para plotear el numero de
    nodos para cada consenso
168 edges_males = []
169 edges_females = []
170
171 for i in Males:
172     edges_males.append(nx.number_of_nodes(i))
173 for i in Females:
174     edges_females.append(nx.number_of_nodes(i))
175 plt.figure(figsize=(15,8))
176 plt.plot(edges_males)
177 plt.plot(edges_females)
178
179 #el siguiente codigo es para plotear el numero de
    enlaces para cada consenso
180 edges_males = []
181 edges_females = []
182
183 for i in Males:
184     edges_males.append(nx.global_efficiency(i))
185 for i in Females:
186     edges_females.append(nx.global_efficiency(i))
187 plt.figure(figsize=(15,8))
188 plt.plot(edges_males)
189 plt.plot(edges_females)

```

```
1 # -*- coding: utf-8 -*-
2 """biof.ipynb
3
4 Automatically generated by Colaboratory.
5
6 Original file is located at
7     https://colab.research.google.com/drive/1UZHsw6H-
8     fnpfGD-e_i76LS0o45vxpbE6
9 """
10 #Librerias usadas para realizar las comparaciones
11
12 import networkx as nx
13 import matplotlib.pyplot as plt
14 import numpy as np
15 import scipy as sp
16 from scipy import stats as st
17 import math
18 from scipy.optimize import fsolve
19 import pandas as pd
20 import statistics
21
22 #Grafos para mujeres en todos los consensos
23 Female_1 = nx.read_graphml("Female 1.graphml")
24 Female_10 = nx.read_graphml("Female 10.graphml")
25 Female_20 = nx.read_graphml("Female 20.graphml")
26 Female_30 = nx.read_graphml("Female 30.graphml")
27 Female_40 = nx.read_graphml("Female 40.graphml")
28 Female_50 = nx.read_graphml("Female 50.graphml")
29 Female_60 = nx.read_graphml("Female 60.graphml")
30 Female_70 = nx.read_graphml("Female 70.graphml")
31 Female_80 = nx.read_graphml("Female 80.graphml")
32 Female_90 = nx.read_graphml("Female 90.graphml")
33 Female_100 = nx.read_graphml("Female 100.graphml")
34
35 #Grafos para hombres en todos los consensos
36 Male_1 = nx.read_graphml("Male 1.graphml")
37 Male_10 = nx.read_graphml("Male 10.graphml")
38 Male_20 = nx.read_graphml("Male 20.graphml")
39 Male_30 = nx.read_graphml("Male 30.graphml")
40 Male_40 = nx.read_graphml("Male 40.graphml")
41 Male_50 = nx.read_graphml("Male 50.graphml")
42 Male_60 = nx.read_graphml("Male 60.graphml")
43 Male_70 = nx.read_graphml("Male 70.graphml")
44 Male_80 = nx.read_graphml("Male 80.graphml")
```

```

45 Male_90 = nx.read_graphml("Male 90.graphml")
46 Male_100 = nx.read_graphml("Male 100.graphml")
47
48 #Vectores en donde se almacenan cada uno de los grafos
   para hombres y mujeres
49 Males = [Male_1,Male_10,Male_20,Male_30,Male_40,
           Male_50,Male_60,Male_70,Male_80,Male_90,Male_100]
50 Females = [Female_1,Female_10,Female_20,Female_30,
             Female_40,Female_50,Female_60,Female_70,Female_80,
             Female_90,Female_100]
51
52 #Comando para remover cada uno de los nodos que se
   encuentran aislados en la red
53 def remove_isolates(Grafo):
54     aislados = list(nx.isolates(Grafo))
55     Grafo.remove_nodes_from(aislados)
56     return Grafo
57
58 for grafo in Males:
59     remove_isolates(grafo)
60 for grafo in Females:
61     remove_isolates(grafo)
62 for grafo in Humans:
63     remove_isolates(grafo)
64
65 #Vectores para introducir los grafos aislados
66 MalesC=[]
67 FemaleC=[]
68
69 #Comandos utilizados para extraer la componente con
   m s nodos en las redes
70 for i in Males:
71     a=sorted(nx.connected_components(i), key=len,
              reverse=True)
72     MalesC.append(i.subgraph(a[0]))
73 for i in Females:
74     a=sorted(nx.connected_components(i), key=len,
              reverse=True)
75     FemaleC.append(i.subgraph(a[0]))
76
77 qq=max(nx.connected_components(Male_90), key=len)
78 print(len(qq))
79 print(len(Male_90.nodes()))
80
81 #Comando para calcular los valores de clusterizaci n

```

```

    promedio de cada grafo
82 edges_males = []
83 edges_females = []
84 edges_humans= []
85
86 for i in MalesC:
87     edges_males.append(nx.average_clustering(i))
88 for i in FemaleC:
89     edges_females.append(nx.average_clustering(i))
90
91
92 PP=[1,10,20,30,40,50,60,70,80,90,100]
93
94 #Comando para graficar los valores de clusterizaci n
    promedio de cada grafo
95
96 plt.plot(PP,edges_males,color='red',label='Hombres')
97 plt.plot(PP,edges_females,color='blue',label='Mujeres',
    )
98 plt.legend(loc=3)
99 plt.plot (dpi = 300)
100 plt.title('Coeficiente de Clusterizaci n')
101 plt.xlabel('Eje m nimo de confianza')
102 plt.ylabel('Clusterizaci n')
103
104 #Comando para calcular las diferencias de valores de
    clusterizaci n promedio de cada grafo
105
106 DifClust=[]
107 for i in range(len(PP)):
108     a=statistics.mean([edges_males[i],edges_females[i]])
109     DifClust.append((edges_females[i]-edges_males[i])/a)
110
111 b=0
112 for i in range(len(DifClust)):
113     b=b+DifClust[i]
114
115 print(b," Suma de diferencias en clusterizaci n")
116
117 plt.plot(PP,DifClust,color='red')
118 plt.legend(loc=3)
119 plt.plot (dpi = 300)
120 plt.title('Diferencias Normalizadas Clusterizaci n')
121 plt.xlabel('Eje m nimo de confianza')
122 plt.ylabel('Diferencia Presentada')

```

```

123
124 #Comando para calcular los valores de centralidad de
    grado promedio de cada grafo
125 DegreeC_M=[]
126 DegreeC_F=[]
127 DegreeC_H=[]
128 for i in Males:
129     DegreeC_M.append(statistics.mean(list(nx.
        degree_centrality(i).values()))))
130 for i in Females:
131     DegreeC_F.append(statistics.mean(list(nx.
        degree_centrality(i).values()))))
132 for i in Humans:
133     DegreeC_H.append(statistics.mean(list(nx.
        degree_centrality(i).values()))))
134
135 #Comando para graficar los valores de centralidad de
    grado promedio de cada grafo
136 plt.plot(PP, DegreeC_M, color='red', label='Hombres')
137 plt.plot(PP, DegreeC_F, color='blue', label='Mujeres')
138 plt.plot(PP, DegreeC_H, color='green', label='Humanos')
139 plt.legend(loc=1)
140 plt.title('Centralidad de grado promedio')
141 plt.xlabel('Eje m nimo de confianza')
142 plt.ylabel('Centralidad de grado')
143
144 #Comando para calcular los valores de centralidad de
    eigenvector promedio de cada grafo
145 DegreeE_M=[]
146 DegreeE_F=[]
147 DegreeE_H=[]
148 for i in MalesC:
149     DegreeE_M.append(statistics.mean(list(nx.
        eigenvector_centrality(i,200).values()))))
150 for i in FemaleC:
151     DegreeE_F.append(statistics.mean(list(nx.
        eigenvector_centrality(i,200).values()))))
152
153 #Comando para graficar los valores de centralidad de
    eigenvector promedio de cada grafo
154 plt.plot(PP, DegreeE_M, color='red', label='Hombres')
155 plt.plot(PP, DegreeE_F, color='blue', label='Mujeres')
156 plt.legend(loc=2)
157 plt.plot(dpi = 300)
158 plt.title('Centralidad de Eigenvector Promedio')

```

```

159 plt.xlabel('Eje M nimo de Confidencia')
160 plt.ylabel('Centralidad Eigenvector')
161
162 #Comando para calcular las diferencias de los valores
    de centralidad de eigenvector promedio de cada
    grafo
163
164 DifEing=[]
165 for i in range(len(PP)):
166     a=statistics.mean([DegreeE_M[i],DegreeE_F[i]])
167     DifEing.append((DegreeE_F[i]-DegreeE_M[i])/a)
168
169 b1=0
170 for i in range(len(DifEing)):
171     b1=b1+DifEing[i]
172
173 print(b1," Suma de diferencias en Eigenvector")
174
175 plt.plot(PP,DifEing,color='red')
176 plt.legend(loc=3)
177 plt.plot (dpi = 300)
178 plt.title('Diferencias Normalizadas Centralidad
    Eigenvector')
179 plt.xlabel('Eje m nimo de confidencia')
180 plt.ylabel('Diferencia Presentada')
181
182 #Comando para calcular los valores del grado promedio
    de cada grafo
183
184 DegreeD_M=[]
185 DegreeD_F=[]
186 DegreeD_H=[]
187
188 A=nx.degree(Male_100)
189 print(list(dict(A).values()))
190
191 for i in MalesC:
192     DegreeD_M.append(statistics.mean(list(dict(nx.degree
        (i)).values()))))
193 for i in FemaleC:
194     DegreeD_F.append(statistics.mean(list(dict(nx.degree
        (i)).values()))))
195
196 #Comando para graficas los valores del grado promedio
    de cada grafo

```

```

197
198 plt.plot(PP,DegreeD_M,color='red',label='Hombres')
199 plt.plot(PP,DegreeD_F,color='blue',label='Mujeres')
200 plt.legend(loc=1)
201 plt.plot (dpi = 300)
202 plt.title('Grado Promedio de la Red')
203 plt.xlabel('Eje M nimo de Confidencia')
204 plt.ylabel('Grado Promedio')
205
206 #Comando para calcular las diferencias de los valores
    del grado promedio de cada grafo
207
208 DifGProm=[]
209 for i in range(len(PP)):
210     a=statistics.mean([DegreeD_M[i],DegreeD_F[i]])
211     DifGProm.append((DegreeD_F[i]-DegreeD_M[i])/a)
212
213 b2=0
214 for i in range(len(DifGProm)):
215     b2=b2+DifGProm[i]
216
217 print(b2," Suma de diferencias en Eigenvector")
218
219 plt.plot(PP,DifGProm,color='red')
220 plt.legend(loc=3)
221 plt.plot (dpi = 300)
222 plt.title('Diferencias Normalizadas Grado Promedio')
223 plt.xlabel('Eje m nimo de confidencia')
224 plt.ylabel('Diferencia Presentada')
225
226 #Comando para calcular los valores del betweenness
    promedio de cada grafo
227
228 DegreeB_M=[]
229 DegreeB_F=[]
230 DegreeB_H=[]
231
232 a=nx.betweenness centrality(Human_1)
233
234 for i in Males:
235     DegreeB_M.append(statistics.mean(list(nx.
        betweenness centrality(i).values()))))
236
237 for i in Females:
238     DegreeB_F.append(statistics.mean(list(nx.
        betweenness centrality(i).values()))))

```

```

238 for i in Humans:
239     DegreeB_H.append(statistics.mean(list(nx.
        betweenness_centrality(i).values()))))
240
241 #Comando para graficar los valores del betweenness
    promedio de cada grafo
242
243 plt.plot(PP, DegreeB_M, color='red', label='Hombres')
244 plt.plot(PP, DegreeB_F, color='blue', label='Mujeres')
245 plt.plot(PP, DegreeB_H, color='green', label='Humanos')
246 plt.legend(loc=2)
247 plt.title('Betweenness Promedio de la Red')
248 plt.xlabel('Eje M nimo de Confidencia')
249 plt.ylabel('Betweenness')
250
251 #Comando para calcular los valores del closeness
    promedio de cada grafo
252
253 DegreeCL_M=[]
254 DegreeCL_F=[]
255 DegreeCL_H=[]
256
257
258 for i in Males:
259     DegreeCL_M.append(statistics.mean(list(nx.
        closeness_centrality(i).values()))))
260 for i in Females:
261     DegreeCL_F.append(statistics.mean(list(nx.
        closeness_centrality(i).values()))))
262 for i in Humans:
263     DegreeCL_H.append(statistics.mean(list(nx.
        closeness_centrality(i).values()))))
264
265 #Comando para graficar los valores del closeness
    promedio de cada grafo
266
267 plt.plot(PP, DegreeCL_M, color='red', label='Hombres')
268 plt.plot(PP, DegreeCL_F, color='blue', label='Mujeres')
269 plt.plot(PP, DegreeCL_H, color='green', label='Humanos')
270 plt.legend(loc=3)
271 plt.title('Closeness Centralidad promedio')
272 plt.xlabel('Eje M nimo de Confidencia')
273 plt.ylabel('Closeness')
274
275 #Comando para graficar los valores de la cantidad de

```



```

    nodos de cada grafo
276
277 plt.plot(PP, DegreeNN_M, color='red', label='Hombres')
278 plt.plot(PP, DegreeNN_F, color='blue', label='Mujeres')
279 plt.legend(loc=3)
280 plt.plot (dpi = 300)
281 plt.title('Numero de Nodos')
282 plt.xlabel('Eje M nimo de Confidencia')
283 plt.ylabel('Cantidad de Nodos')
284
285 #Comando para calcular los valores de transitividad
    promedio de cada grafo
286
287 DegreeTR_M=[]
288 DegreeTR_F=[]
289 DegreeTR_H=[]
290
291 for i in MalesC:
292     DegreeTR_M.append(nx.transitivity(i))
293 for i in FemaleC:
294     DegreeTR_F.append(nx.transitivity(i))
295
296 #Comando para graficar los valores de transitividad
    promedio de cada grafo
297
298 plt.plot(PP, DegreeTR_M, color='red', label='Hombres')
299 plt.plot(PP, DegreeTR_F, color='blue', label='Mujeres')
300 plt.legend(loc=3)
301 plt.plot (dpi = 300)
302 plt.title('Medida de Transitividad')
303 plt.xlabel('Eje M nimo de Confidencia')
304 plt.ylabel('Transitividad')
305
306 #Comando para calcular las diferencias de los valores
    de transitividad promedio de cada grafo
307
308 DifTm=[]
309 for i in range(len(PP)):
310     a=statistics.mean([DegreeTR_M[i], DegreeTR_F[i]])
311     DifTm.append((DegreeTR_F[i]-DegreeTR_M[i])/a)
312
313 b3=0
314 for i in range(len(DifTm)):
315     b3=b3+DifTm[i]
316

```

```

317 print(b3)
318
319 plt.plot(PP,DifTm,color='red')
320 plt.legend(loc=3)
321 plt.plot (dpi = 300)
322 plt.title('Diferencias Normalizadas Transitividad')
323 plt.xlabel('Eje m nimo de confianza')
324 plt.ylabel('Diferencia Presentada')
325
326 #Comando para calcular los valores de la distancia
    geodesica promedio y graficarla en cada grafo
327
328 DegreeDGP_M=[]
329 DegreeDGP_F=[]
330 DegreeDGP_H=[]
331
332 for i in MalesC:
333     DegreeDGP_M.append(nx.average_shortest_path_length(i
    ))
334 for i in FemaleC:
335     DegreeDGP_F.append(nx.average_shortest_path_length(i
    ))
336
337
338 plt.plot(PP,DegreeDGP_M,color='red',label='Hombres')
339 plt.plot(PP,DegreeDGP_F,color='blue',label='Mujeres')
340 plt.legend(loc=3)
341 plt.plot (dpi = 300)
342 plt.title('Distancia Geodesica Promedio Sobre el Grafo
    ')
343 plt.xlabel('Eje M nimo de Confianza')
344 plt.ylabel('Distancia Geodesica Promedio')
345
346 #Comando para calcular las deiferencias de los valores
    de la distancia geodesica promedio de cada grafo
347
348 DifGE0=[]
349 for i in range(len(PP)):
350     a=statistics.mean([DegreeDGP_M[i],DegreeDGP_F[i]])
351     DifGE0.append((DegreeDGP_F[i]-DegreeDGP_M[i])/a)
352
353 b5=0
354 for i in range(len(DifGE0)):
355     b5=b5+DifGE0[i]
356

```

```

357 print(b5)
358
359 plt.plot(PP,DifGEO,color='red')
360 plt.legend(loc=3)
361 plt.plot (dpi = 300)
362 plt.title('Diferencias Normalizadas de Geod sica
           Promedio')
363 plt.xlabel('Eje m nimo de confianza')
364 plt.ylabel('Diferencia Presentada')
365
366 #Comando para calcular los valores del n mero de ejes
           de cada grafo
367
368 DegreeNGG_M=[]
369 DegreeNGG_F=[]
370 DegreeNGG_H=[]
371
372 for i in MalesC:
373     DegreeNGG_M.append(i.number_of_edges())
374 for i in FemaleC:
375     DegreeNGG_F.append(i.number_of_edges())
376
377
378 plt.plot(PP,DegreeNGG_M,color='red',label='Hombres')
379 plt.plot(PP,DegreeNGG_F,color='blue',label='Mujeres')
380 plt.legend(loc=3)
381 plt.plot (dpi = 300)
382 plt.title('N mero de Conexiones Entre Nodos')
383 plt.xlabel('Eje M nimo de Confidencia')
384 plt.ylabel('N mero de Ejes')
385
386 #Comando para calcular las diferencias de los valores
           del numero de ejes de cada grafo
387 DifNDN=[]
388 for i in range(len(PP)):
389     a=statistics.mean([DegreeNGG_M[i],DegreeNGG_F[i]])
390     DifNDN.append((DegreeNGG_F[i]-DegreeNGG_M[i])/a)
391
392 plt.plot(PP,DifNDN,color='red')
393 plt.legend(loc=3)
394 plt.plot (dpi = 300)
395 plt.title('Diferencias Normalizadas del N mero de
           Ejes')
396 plt.xlabel('Eje m nimo de confianza')
397 plt.ylabel('Diferencia Presentada')

```

```

398
399 #Comando para calcular los valores de peque o mundo
      promedio de cada grafo
400
401 DegreePM_M=[]
402 DegreePM_F=[]
403 Degree_H=[]
404
405 for i in range(len(PP)):
406     DegreePM_M.append(edges_males[i]/DegreeDGP_M[i])
407 for i in range(len(PP)):
408     DegreePM_F.append(edges_females[i]/DegreeDGP_F[i])
409
410
411 plt.plot(PP,DegreePM_M,color='red',label='Hombres')
412 plt.plot(PP,DegreePM_F,color='blue',label='Mujeres')
413 plt.plot (dpi = 300)
414 plt.legend(loc=3)
415 plt.title('Medida de Peque o Mundo por Consenso')
416 plt.xlabel('Eje M nimo de Confidencia')
417 plt.ylabel('Medida de Peque o Mundo')
418
419 #Comando para calcular las diferencias de los valores
      de peque o mundo promedio de cada grafo
420
421 DifPM=[]
422 for i in range(len(PP)):
423     a=statistics.mean([DegreePM_M[i],DegreePM_F[i]])
424     DifPM.append((DegreePM_F[i]-DegreePM_M[i])/a)
425
426 B6=0
427 for i in range(len(DifPM)):
428     B6=B6+DifPM[i]
429
430 print(B6)
431
432 plt.plot(PP,DifPM,color='red')
433 plt.legend(loc=3)
434 plt.plot (dpi = 300)
435 plt.title('Diferencias Normalizadas de PMd sica
      Promedio')
436 plt.xlabel('Eje m nimo de confidencia')
437 plt.ylabel('Diferencia Presentada')

```

Referencias

- [1] C. Thousand Oaks, *Encyclopedia of gender and society* (Saeg Publications, 2009).
- [2] V. B. G. V. Szalkai B, Kerepesi C, Cognitive Neurodynamics **11**, 113 (2017).
- [3] T. G. Lewis, *Network science: Theory and applications* (John Wiley & Sons, 2011).
- [4] M. Newman, *Networks* (Oxford university press, 2018).
- [5] J. Richard, in *Dover publications* (1993) p. 212.
- [6] J. Harte, *Maximum entropy and ecology: a theory of abundance, distribution, and energetics* (OUP Oxford, 2011).
- [7] G. Bianconi, Physical Review E **79**, 036114 (2009).
- [8] L. Zhang, M. Small, and K. Judd, Physica A: Statistical Mechanics and its Applications **433**, 182 (2015).
- [9] S. L. Hakimi, Journal of the Society for Industrial and Applied Mathematics **10**, 496 (1962).
- [10] K. J. Friston, Human Brain Function 2nd edn Academic Press, San Diego , 971 (2004).
- [11] N. W. Churchill, K. Madsen, and M. Mørup, Neural computation **28**, 2250 (2016).
- [12] B. Tunç, B. Solmaz, D. Parker, T. D. Satterthwaite, M. A. Elliott, M. E. Calkins, K. Ruparel, R. E. Gur, R. C. Gur, and R. Verma, Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences **371**, 20150111 (2016), <https://royalsocietypublishing.org/doi/pdf/10.1098/rstb.2015.0111>.
- [13] M. Ingahalikar, A. Smith, D. Parker, T. D. Satterthwaite, M. A. Elliott, K. Ruparel, H. Hakonarson, R. E. Gur, R. C. Gur, and R. Verma, Proceedings of the National Academy of Sciences **111**, 823 (2014), <https://www.pnas.org/content/111/2/823.full.pdf>.
- [14] L. Cahill, Proceedings of the National Academy of Sciences **111**, 577 (2014), <https://www.pnas.org/content/111/2/577.full.pdf>.

- [15] I. E. Sommer, A. Aleman, M. Somers, M. P. Boks, and R. S. Kahn, *Brain research* **1206**, 76 (2008).
- [16] D. I. Miller and D. F. Halpern, *Trends in cognitive sciences* **18**, 37 (2014).
- [17] F. A. Mansouri, D. J. Fehring, A. Gaillard, S. Jaberzadeh, and H. Parkinson, *Biology of sex Differences* **7**, 1 (2016).
- [18] M. A. Sommer, *Current opinion in neurobiology* **13**, 663 (2003).
- [19] M. Manto, J. M. Bower, A. B. Conforto, J. M. Delgado-García, S. N. F. Da Guarda, M. Gerwig, C. Habas, N. Hagura, R. B. Ivry, P. Mariën, *et al.*, *The Cerebellum* **11**, 457 (2012).
- [20] M. Trimble, “Molecular neuropharmacology, a foundation for clinical neuroscience: Edited by eric j nestler, steven e hyman, and robert c malenka (pp 503,£ 36.99). published by mcgraw-hill, new york, 2001. isbn 0-8385-6379-1,” (2002).