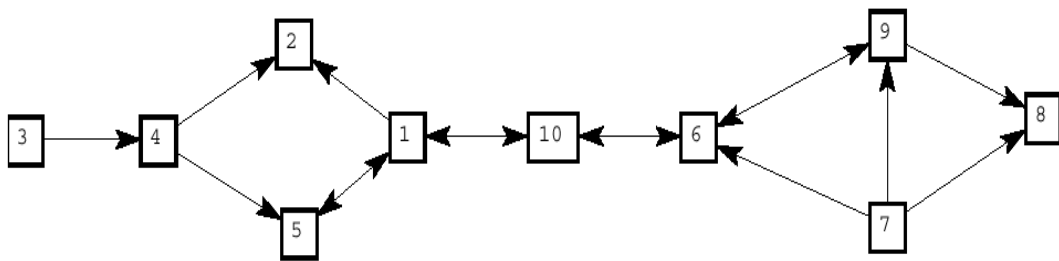


# Práctica 1, Análisis de redes con NetworkX (aprox 3h).

En esta práctica vamos a calcular algunos parámetros de un grafo de pequeño tamaño, a continuación, vamos a cargar una red de interacción de proteínas, vamos a calcular sus principales parámetros mediante NetworkX y vamos a compararlos con los de un grafo aleatorio que tenga un número similar de nodos y ramas.

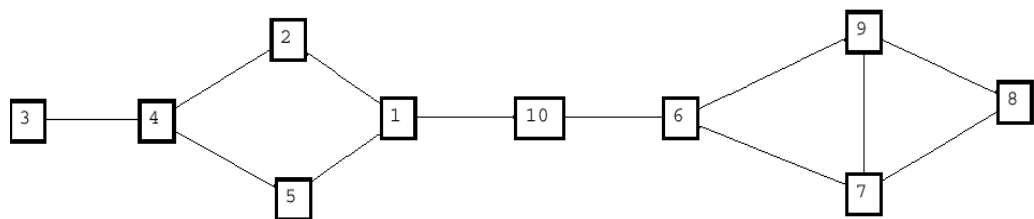
**Apartado 1:** Este ejercicio debe realizarse con lápiz y papel (o con lápiz y Word) ya que debéis indicar los cálculos que habéis realizado.

1. Representad el siguiente grafo dirigido mediante (a) una matriz de adyacencia y (b) una lista de adyacencia.



2. Responded a las siguientes preguntas:
  - a. ¿Es ponderado?
  - b. ¿Es conexo?
  - c. ¿Es débilmente conexo?
  - d. ¿Cuál es su tamaño y su orden?
  - e. ¿Tiene algún punto de articulación? En caso positivo, indica cual.
  - f. ¿Tiene lazos?
  - g. ¿El grafo tiene algún ciclo? En caso positivo, indica cual
  - h. ¿Existe algún camino entre los nodos 4 y 7? En caso positivo, indica cual es y su longitud.
  - i. ¿Existe algún camino entre los nodos 3 y 9? En caso positivo, indica cual es y su longitud.

Considera ahora el grafo como un grafo no dirigido.



- a. ¿El grafo tiene algún ciclo? En caso positivo, indica cual
- b. ¿Cuál es el mayor valor de k para el cual existe un k-core?.
- c. Calcula el índice de clusterización del nodo 10

- d. Calcula el camino característico del nodo 10.
- e. Existe algún cliqué de orden mayor de 2. En caso positivo, indica los nodos que lo componen.

**Apartado 2:** Análisis de una red de interacción de proteínas mediante NetworkX.

1. Descargad de Moodle el grafo **CaernoElegans-LC\_uw.txt**, el grafo contiene una red de interacción de proteínas correspondiente al gusano **Caernobidis Elegans**.
2. El fichero que contiene la red está en formato lista de ramas, por tanto, cargad el grafo en una variable G\_CE mediante la función `read_edgelist("CL-LC_uw.txt")`.
3. Obtened e imprimid por la salida el orden y el tamaño del grafo y averiguad si el grafo es dirigido o no. ¿Es un grafo denso o disperso?
4. Cread un grafo aleatorio G\_AL que tenga el mismo orden y tamaño que el grafo que acabáis de cargar mediante la función `gnm_random_graph(n,m)`
5. Indica si ambos grafos son conexos.
6. ¿Cuál es el nodo con mayor grado en cada grafo?
7. ¿Cuál es la máxima distancia entre dos nodos del grafo (diámetro del grafo)?

**Apartado 3:** Distribución del grado de los nodos.

1. Visualizad la distribución del grado de los nodos de ambos grafos.
2. ¿Son iguales las gráficas de distribución de grados de ambos grafos?, ¿Qué conclusión sacas de lo anterior?
3. Dibuja ahora la distribución del grado de los nodos de la red de interacción de proteínas usando escala logarítmica en ambos ejes, añade para ello estas dos líneas de código para cambiar el tipo de escala en cada eje
 

```
plt.xscale("log", nonposx='clip')
plt.yscale("log", nonposy='clip')
```
4. ¿Qué tipo de gráfica obtienes? ¿Podrías calcular aproximadamente la pendiente de los datos?

**Apartado 4:** Cálculo de parámetros de los grafos.

1. Calculad, al menos, los siguientes parámetros para ambos grafos
  - a. **degree centrality(G)** (una vez obtenido el valor para los nodos, debéis hacer el promedio entre todos los nodos, para ello si **d** es el diccionario obtenido que contiene los valores, usad `sum(d.values())` y dividid por el orden del grafo)
  - b. **closeness centrality(G)** (una vez obtenido el valor para los nodos, debéis hacer el promedio entre todos los nodos)
  - c. **betweenness centrality(G)** (una vez obtenido el valor para los nodos, debéis hacer el promedio entre todos los nodos)
  - d. **average\_clustering(G)**
  - e. **El máximo k para el cual existe un k core** (recomendación, usad `core_number(G)`)

Entregad la práctica (formato pdf o notebook de Jupyter) en la entrega de Moodle.