EJ1

September 25, 2018

1 EJERCICIO 1: INTERACCION DE PROTEINAS

Considere las tres redes de interacción de proteínas relevadas para levadura disponibles en la página de la materia. Se trata de: una red de interacciones binarias (yeast_Y2H.txt), de copertenencia a complejos proteicos (yeast_AP-MS.txt) y obtenida de literatura (yeast_LIT.txt) obtenidas del Yeast Interactome Database.

```
In [29]: #paquetes
         import numpy as np
         import networkx as nx
         import matplotlib.pylab as plt
         %matplotlib inline
```

FUNCIÓN PARA ABRIR ARCHIVOS .TXT

```
In [30]: def ldata(archive):
             f=open(archive)
             data=[]
             for line in f:
                 line=line.strip()
                 col=line.split()
                 data.append(col)
             return data
```

ABRIMOS LAS 3 REDES

```
In [31]: redInteraccionesBinarias = ldata('yeast_Y2H.txt')
         redComplejosProteicos = ldata('yeast_AP-MS.txt')
         redLiteratura = ldata('yeast_LIT.txt')
```

definimos una funcion que nos va a hacer los grafos

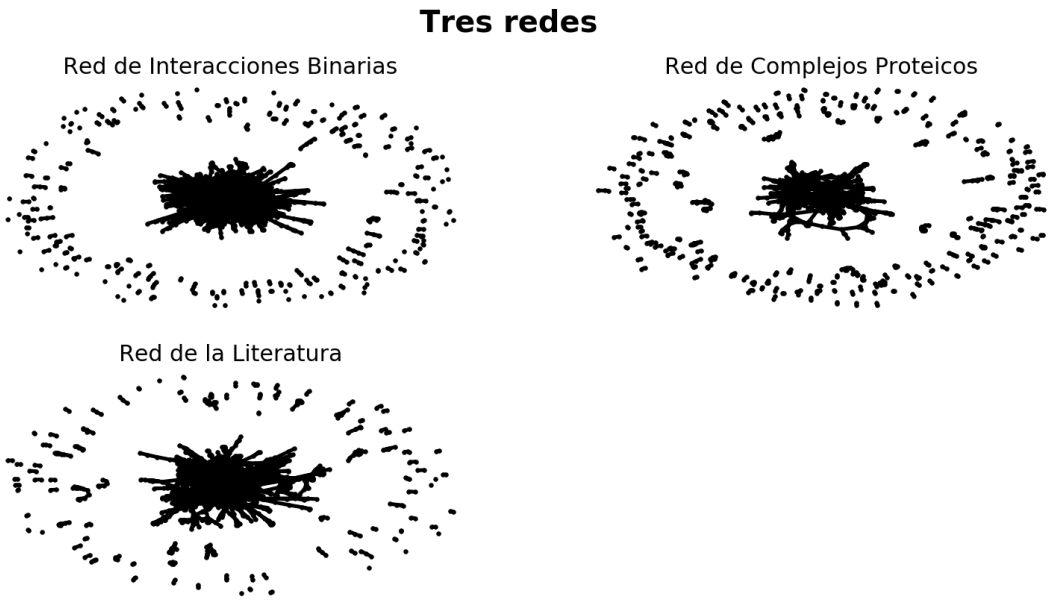
```
In [32]: def grafo(datosRed):
             G = nx.Graph()
             for i in range(np.shape(datosRed)[0]):
                 G.add_edges_from([(datosRed[i][0],datosRed[i][1])])
             return G
```

```
In [33]: grafoRedInteraccionesBinarias = grafo(redInteraccionesBinarias)
         grafoRedComplejosProteicos = grafo(redComplejosProteicos)
         grafoRedLiteratura = grafo(redLiteratura)
```

2 a. Presente una comparación gráfica de las 3 redes.

In [34]:
```
#ponemos estas opciones para que grafique igual en todos los subplots
options = {
     'node_color': 'black',
     'node_size': 30,
     'width': 5,
}

f = plt.figure(figsize=(26,13))                                    #con esta linea le damos
f.suptitle('Tres redes',fontweight="bold", size=40)
sub1 = f.add_subplot(221)
nx.draw(grafoRedInteraccionesBinarias, **options)
sub2 = plt.subplot(222)
nx.draw(grafoRedComplejosProteicos, **options)
sub3 = plt.subplot(223)
nx.draw(grafoRedLiteratura, **options)
sub1.set_title('Red de Interacciones Binarias', size=30)
sub2.set_title('Red de Complejos Proteicos', size=30)
sub3.set_title('Red de la Literatura', size=30)
plt.show()
```



3 NUMERO DE NODOS

In [35]:
```
nodosInteraccionesBinarias = grafoRedInteraccionesBinarias.number_of_nodes()
nodosComplejosProteicos = grafoRedComplejosProteicos.number_of_nodes()
```

```
        nodosRedLiteratura = grafoRedLiteratura.number_of_nodes()

        print (nodosInteraccionesBinarias, nodosComplejosProteicos, nodosRedLiteratura)
```

```
2018 1622 1536
```

4 ENLACES

```
In [36]: enlacesInteraccionesBinarias = grafoRedInteraccionesBinarias.number_of_edges()
         enlacesComplejosProteicos = grafoRedComplejosProteicos.number_of_edges()
         enlacesRedLiteratura = grafoRedLiteratura.number_of_edges()

         print (enlacesInteraccionesBinarias, enlacesComplejosProteicos, enlacesRedLiteratura)
```

```
2930 9070 2925
```

DIRIGIDA O NO DIRIGIDA: ESTO SE INTERPRETA POR CONOCIMIENTO DEL PROCESO POR EJEMPLO: EN REDES SOCIALES COMO TWITTER O INSTAGRAM PUEDO SEGUIR A ALGUIEN Y QUE ESA PERSONA NO ME SIGA, ENTONCES ES DIRIGIDO. EN CASOS DE PROTEINAS ES NO DIRIGIDO PORQUE AMBAS INTERACTUAN ENTRE ELLAS.

5 ALGUNOS PARAMETROS DE LAS REDES

```
In [37]: G=grafoRedComplejosProteicos
         H=grafoRedInteraccionesBinarias
         I=grafoRedLiteratura
```

como hay dos comunidades no conectadas no puede definir una longitud entonces.. definimos la siguiente funcion para obtener la componente gigante y ahi calcularle el diametro y la densidad.

```
In [38]: def get_giant(G):
             Gcc=sorted(nx.connected_component_subgraphs(G), key = len, reverse=True)
             G0=Gcc[0]
             return(G0)
```

```
In [39]: def props(G):
             giant_G=get_giant(G)
             return("diameter: %d" % nx.diameter(giant_G),'density',nx.density(G))
```

```
In [40]: props(G),props(H),props(I)
```

```
Out[40]: (('diameter: 15', 'density', 0.006899274397150227),
          ('diameter: 14', 'density', 0.0014396951973635397),
          ('diameter: 19', 'density', 0.002481168566775244))
```

6 CLUSTERING

LOCAL

```
In [41]: nx.average_clustering(G),nx.average_clustering(H),nx.average_clustering(I)
```

```
Out[41]: (0.5546360657013013, 0.046194001297365166, 0.2924923005815711)
```

GLOBAL

```
In [42]: nx.transitivity(G),nx.transitivity(H),nx.transitivity(I)
```

```
Out[42]: (0.6185901626483971, 0.02361415364051535, 0.3461926495315878)
```

7 MEAN DEGREE

```
In [43]: #forma rapida y linda
         maxdg_G=np.array([j for (i,j) in G.degree]).max()
         maxdg_H=np.array([j for (i,j) in H.degree]).max()
         maxdg_I=np.array([j for (i,j) in I.degree]).max()

         maxdg_G,maxdg_H,maxdg_I
```

```
Out[43]: (127, 91, 40)
```

```
In [44]: mindg_G=np.array([j for (i,j) in G.degree]).min()
         mindg_H=np.array([j for (i,j) in H.degree]).min()
         mindg_I=np.array([j for (i,j) in I.degree]).min()

         mindg_G,mindg_H,mindg_I
```

```
Out[44]: (1, 1, 1)
```

```
In [45]: mv_G=np.mean(np.array([j for (i,j) in G.degree]))
         mv_H=np.mean(np.array([j for (i,j) in H.degree]))
         mv_I=np.mean(np.array([j for (i,j) in I.degree]))

         mv_G,mv_H,mv_I
```

```
Out[45]: (11.183723797780518, 2.9038652130822595, 3.80859375)
```

8 RED DIRIGIDA O NO DIRIGIDA

```
In [46]: #PARA VER SI ERA RED DIRIGIDA
         #la idea es que si hay interseccion entre set1 y set2 es que se da el enlace nodo1-nodo
         #NO se hace distincion y que el nodo1 interactua con el nodo2 y al reves entonces.. es
         #es claramente dirigida. Y la no intersecc es si el array inters tiene length 0.

         def direccion(G):
```

```
    set1=set(G.edges)
    set2 = {(nombre2,nombre1) for nombre1, nombre2  in set1}
    inters = set1.intersection(set2)
    if len(inters) == 0:
        print("Dirigida")
    else:
        print("No dirigida")
```

```
In [47]: direccion(G)
         direccion(H)
         direccion(I)
```

```
Dirigida
No dirigida
No dirigida
```

8.1 COMENTARIOS para el grupo

```
In [48]: [(i,j) for (i,j) in H.degree] # este me crea una lista con las truplas que le digo
         #como me quiero quedar solo con los degrees, me conviene pedirle los j's:
         [(j) for (i,j) in H.degree]
         # lo paso a array y despues le pido el maximo
         asd=np.array([(j) for (i,j) in H.degree])
         asd.max()
```

```
Out[48]: 91
```

9 TABLA CON RESULTADOS

```
In [50]:  from IPython.display import HTML, display

          data = [["","Red de int binarias","Red de compl proteicos","Red de literatura"],
                  ["Nodos",2018, 1622, 1536],
                  ["Total enlaces",2930, 9070, 2925],
                  ["Dirigida","SI","NO","NO"],
                  ["Grado medio",11.18, 2.90, 3.81],
                  ["Grado max",127, 91, 40],
                  ["Grado min",1,1,1],
                  ["Densidad",0.00690, 0.00144, 0.00248],
                  ["Coef. clustering local",0.555, 0.046, 0.292],
                  ["Coef. clustering global",0.619, 0.024, 0.346],
                  ["Diametro",15,14,19]
                 ]

          display(HTML(
             '<table><tr>{}</tr></table>'.format(
                 '</tr><tr>'.join(
```

```
                    '<td>{}</td>'.format('</td><td>'.join(str(_) for _ in row)) for row in data
                )
            ))
```

```
<IPython.core.display.HTML object>
```