



Universidad
Internacional
Menéndez Pelayo

Máster Universitario en Investigación en Inteligencia Artificial

Curso 2020-2021

**Recuperación y extracción de información,
grafos y redes sociales**

Análisis y Visualización Básica de una Red Social con Gephi

7 de enero de 2021

Laura Rodríguez Navas
DNI: 43630508Z

e-mail: rodrigueznabas@posgrado.uimp.es

La Red

La red *Diseasome*[1] seleccionada para realizar esta práctica es una red de trastornos y genes de diferentes enfermedades vinculadas por asociaciones conocidas entre trastornos y genes, que nos indican el origen genético común de muchas enfermedades. La forman 526 enfermedades y 903 genes, donde los genes asociados con trastornos similares muestran una mayor probabilidad de interacciones físicas entre sus productos y una mayor similitud de perfiles de expresión para sus transcripciones, lo que respalda la existencia de distintos módulos funcionales específicos de la enfermedad.

Se puede descargar en el siguiente enlace: <http://gephi.org/datasets/diseasome.gexf.zip> y una vez descargada, se descomprime el fichero que la contiene y se carga en *Gephi*[2] para realizar las tareas básicas de análisis y visualización.

La primera tarea es generar una imagen de la red completa y otra de la componente gigante.

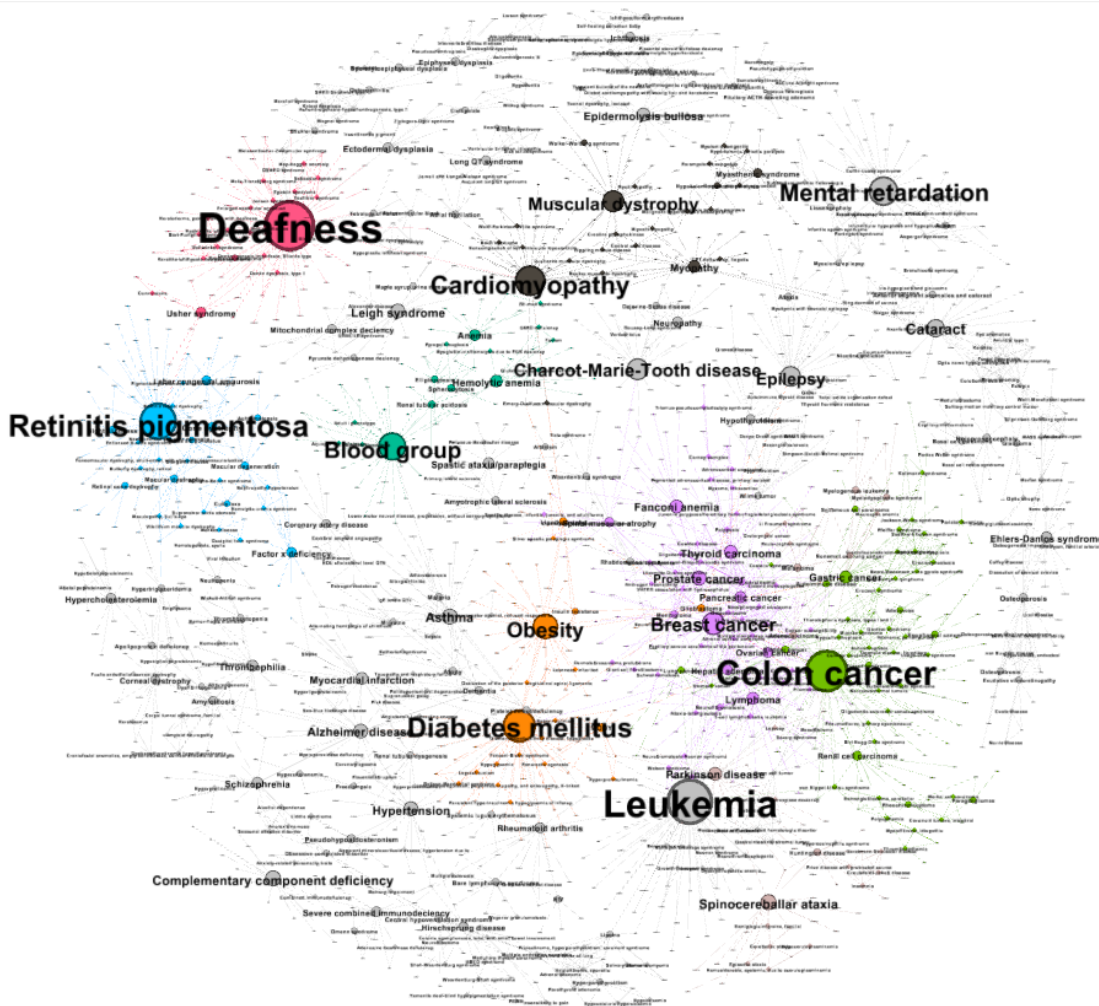


Figura 1: Imagen de la red completa con Fruchterman Reingold.

Las diferentes enfermedades están agrupadas por colores. Los nodos grises representan las enfermedades y los genes. Las aristas representan las correlaciones entre las enfermedades y los genes, o las relaciones entre enfermedades si tienen un gen en común. El tamaño de la etiqueta depende del tamaño del nodo. Está claro que los cánceres son la enfermedad más dominante de todas. La sordera también se lleva una gran porción.

Figura 2: Imagen de la componente gigante.

Análisis Básico de la Red

Estudio de la Centralidad de los Actores

Visualizaciones y Gráficos adicionales

Bibliografía

- [1] Kwang-Il Goh, Michael E. Cusick, David Valle, Barton Childs, Marc Vidal, and Albert-László Barabási. The human disease network. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(21):8685–8690, 2007.
- [2] Mathieu Bastian, Sebastien Heymann, and Mathieu Jacomy. Gephi: An open source software for exploring and manipulating networks. 2009.