

Universidad Nacional de Rosario

FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, INGENIERÍA Y
AGRIMENSURA



TESINA DE GRADO

*Dinámica y estructura en redes neuronales
adaptativas*

Autor:

Plüss Ramiro

Director:

Dr. Gleiser Pablo Martin

Co-Director:

Dr. Castellini Horacio

Marzo 2023

Agradecimientos

Quiero dar gracias a mi familia y amigos los cuales me acompañaron en éste camino. Mi etapa universitaria no fue un camino fácil de transitar, pero gracias a haberlo hecho pude formarme cómo individuo de manera personal y profesional. Puedo dar gracias a la vida de poder hacer lo que me gusta y vivir de ello.

También agradecer a mis profesores, en particular a Horacio Castellini y Pablo Martin Gleiser que me acompañaron en esta última instancia para adquirir mi título de grado realizando una tesis relacionada al caos y la neurociencia, temas que conocí al final de mi carrera de grado pero me atraparon en muy poco tiempo.

Índice

1. Resumen	4
2. Introducción General	5
2.1. Redes Complejas	5
2.2. Conceptos básicos de Redes	8
2.2.1. Distribución de grados	9
2.2.2. Coeficiente de clustering global	10
2.2.3. Longitud promedio de los caminos	11
2.3. Redes aleatorias	11
2.4. Redes libres de escala	12
2.5. Redes de mundo pequeño	15
2.5.1. Índice de mundo pequeño	16
2.6. Asortatividad	17
2.6.1. Coeficiente de asortatividad	17
2.7. Club de ricos	18
2.8. Estructura de comunidades	18
2.9. Red estructural cerebral	20
2.9.1. Conectoma	20
2.9.2. Comparativa de conectomas	20
2.10. Percolación	23
2.10.1. Parámetro de orden	24
2.10.2. Parámetro de orden P_∞	25
2.10.3. Tamaño promedio de los clusters $\langle s \rangle$	25
2.11. Teoría de escala	26
2.12. Exponentes críticos	30
2.13. Escaleo de tamaño finito (Finite-Size Scaling, FSS)	31
2.14. Mapas logísticos	32
2.14.1. El caos y el mapa logístico	33
2.15. El caos y la sincronización	34
3. Modelo de red utilizando mapas logísticos acoplados. Sincronización en redes adaptativas.	35
4. Resultados en el modelo de red adaptativa de Gong y Van Leeuwen	38
4.1. Comparativa con el trabajo de Gong y Van Leeuwen	39
4.1.1. Otros parámetros para caracterizar el sistema	42
4.1.2. Clustering vs grados de los nodos	47
4.1.3. Estructura de comunidades	48
4.1.4. Distribución de grado	50
4.1.5. Relación entre la estructura de la red y los estados dinámicos	51
4.1.6. Búsqueda del punto crítico de la transición de fase	53
4.2. Estudio del modelo caótico con $\langle k \rangle = 9$	58
4.2.1. Clustering, path length y small world index	58

4.2.2.	Estructura de comunidades	58
4.3.	Estudio del modelo caótico con $\langle k \rangle = 36$	59
4.3.1.	Clustering, path length y small world index	59
4.3.2.	Otros parámetros para caracterizar el sistema	61
4.3.3.	Clustering vs Grados de los nodos	65
4.3.4.	Estructura de comunidades	66
4.3.5.	Distribución de Grado	67
4.3.6.	Relación entre la estructura de la red y los estados dinámicos	68
4.3.7.	Búsqueda del punto crítico de la transición de fase	69
4.4.	Estudio del modelo caótico con $\langle k \rangle = 54$	71
4.4.1.	<i>Clustering, path length y small world index</i>	71
4.4.2.	Otros parámetros para la caracterización del sistema	73
4.4.3.	Clustering vs Grados de los nodos	77
4.4.4.	Estructura de comunidades	78
4.4.5.	Distribución de Grado	79
4.4.6.	Relación entre la estructura de la red y los estados dinámicos	80
4.4.7.	Búsqueda del punto crítico de la transición de fase	81
5.	Conclusiones	84
6.	Código python	85

1. Resumen

Un **conectoma** es un mapa de las conexiones entre las neuronas del cerebro. La producción y el estudio de los conectomas se conoce cómo conectómica [6]. Esto puede modelarse a través de una red neuronal adaptativa y así ver la relación que existe entre la estructura de la red neuronal y la dinámica de los nodos [8] [9]. Las unidades microscópicas del modelo son nodos dinámicos que representan la actividad de las neuronas del cerebro, cuya interacción da lugar a complejas estructuras de red. Los enlaces entre los nodos se eligen siguiendo un algoritmo adaptativo que establece conexiones entre elementos dinámicos con estados internos similares. Como objetivo de éste trabajo se estudió la evolución temporal de la red para distintas fases y variando ciertos parámetros cómo el factor de acople que hay entre los nodos y el número de enlaces en promedio que tiene cada nodo, obteniendo un resultado original gracias al modelo de Gong y Van Leeuwen [2].

El trabajo de Gong y Van Leeuwen [2] fue motivado por la necesidad de entender cómo los sistemas biológicos, cómo las redes neuronales, pueden evolucionar hacia una estructura de red de mundo pequeño, a pesar de que sus componentes individuales, es decir, los nodos en la red, tienen dinámicas caóticas. Su trabajo tiene implicaciones importantes en la comprensión de cómo los sistemas biológicos pueden evolucionar hacia una estructura de red de mundo pequeño, incluso cuando los nodos individuales tienen dinámicas caóticas. Además, puede tener aplicaciones en la comprensión de cómo las redes neuronales pueden ser eficientes en el procesamiento de información, a pesar de la dinámica caótica de las neuronas individuales.

Para abordar esta cuestión, Gong y Van Leeuwen [2] desarrollaron un modelo matemático de una red neuronal con nodos caóticos. Luego, sometieron la red a una selección natural basada en la capacidad de la red para procesar información. Descubrieron que, a lo largo del tiempo, la estructura de la red evolucionó hacia una red de mundo pequeño, lo que permitió que la información se propagara eficientemente a través de la red, a pesar de la dinámica caótica de los nodos individuales.

Para poder alcanzar los objetivos se realizaron simulaciones numéricas, donde se implementó por un lado las dinámicas individuales de los nodos y sus interacciones a través de la red y por otro lado diferentes funciones y parámetros que permiten cuantificar el estado de la red.

Para éste trabajo se tuvo cómo objetivo reproducir ciertos resultados obtenidos en estudios anteriores, donde se utilizaron mapas caóticos [2] y ciertos mecanismos dinámicos [7]. Una vez replicados estos resultados, se hizo foco en estudiar más a profundidad una determinada transición de fase encontrada por Gong Y van Leeuwen [2] agregando parámetros nuevos y distintos tipos de estudios para caracterizar las dos fases existentes además del punto crítico de transición.

2. Introducción General

Existe una relación muy cercana entre la teoría de grafos y la neurociencia, en particular con las redes cerebrales. Cuando uno piensa en una red cerebral, uno puede asociarlo a un grupo de nodos enlazados entre sí formando una red. Esto significa que el estudio de los grafos puede tener un aporte de suma importancia para entender la estructura cerebral y los procesos que tienen lugar sobre esta estructura cerebral [52, 53].

Por otro lado, también existe una relación entre el caos y la neurociencia. Se ha demostrado que muchos sistemas biológicos, incluyendo el cerebro y el sistema nervioso, muestran comportamientos caóticos. Estos modelos han sido utilizados para describir la actividad neuronal y la dinámica de redes neuronales, ya que la actividad neuronal a menudo muestra patrones caóticos y no lineales. Por ejemplo, los patrones de actividad eléctrica en el cerebro durante la epilepsia han sido descritos como caóticos [49, 50]. Los sistemas caóticos pueden ser muy sensibles a pequeñas perturbaciones en las condiciones iniciales, lo que les permite responder a estímulos externos de manera rápida y adaptativa [51].

En resumen, la relación entre ciertos modelos caóticos, la teoría de grafos y la neurociencia es muy estrecha, por lo que el estudio de las mismas en conjunto puede proporcionar información valiosa sobre la dinámica y el funcionamiento del cerebro y el sistema nervioso.

2.1. Redes Complejas

Cuando se habla sobre redes complejas se encuentran que estas tienen relación con muchos campos de la ciencia. Por eso desde hace mucho tiempo éste tema ha llamado a los científicos a estudiar y descubrir estas relaciones desde varios puntos de vista. Existen muchos sistemas en la naturaleza que se pueden describir e interpretar con el concepto de redes complejas. Una red (o un grafo) topológicamente está formada por nodos (o vértices) que están conectados por enlaces como muestra la Figura 2.1.

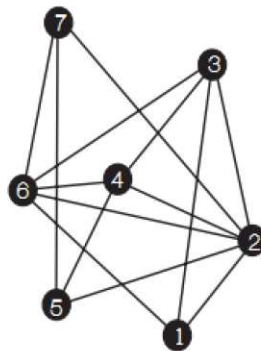


Figura 2.1: Un ejemplo de una red con 7 nodos y 12 enlaces.

Se puede encontrar muchos ejemplos de redes complejas en la vida real; por ejemplo, una

organización es una red de personas con diversos tipos de conexiones entre ellas; la economía mundial es una red formada por las economías nacionales; adentro de cada una de las redes de economía nacional hay a su vez redes de mercados, y los cuales son redes de productores y consumidores que interactúan. Luego internet es una red de routers o dominios conectados por líneas físicas; la *World Wide Web* es una red de sitios web conectados por enlaces; el cerebro es una red de neuronas conectados por las sinapsis. Por ende, es muy importante conocer y descubrir la dinámica que produce el flujo de información en estas redes; o la evolución temporal de dichas estructuras que a veces es independiente de los nodos o de las conexiones entre ellos.

Existen modelos de tipos de redes complejas que se pueden ver en muchos sistemas, cómo el sistema del transporte de energía, internet, incluso en la vida cotidiana o cómo las relaciones entre las personas en una sociedad [10, 11]. Así mismo, después de conocer estas diferentes tipos de redes pueden surgir varias preguntas. ¿Cómo funciona la estructura de las redes sociales para transmitir una epidemia? ¿Cómo se propagan errores en una red de transmisión de energía o en una red financiera global? ¿Cómo se puede encontrar una arquitectura más eficiente y robusta para una organización particular bajo un cambio incierto?

Durante más de un siglo, el modelado de muchos de estos procesos y sistemas se ha realizado bajo la suposición implícita de que los patrones de interacción entre los elementos del sistema podían ser representados por medio de una estructura regular al estilo de un retículo euclídeo. A finales de 1950, dos matemáticos, Erdős y Rényi (*ER*), hicieron un gran avance en la teoría matemática clásica de grafos que revolucionaría la forma en que se pueden modelar estos problemas describiendo una red con topología compleja por medio de un grafo aleatorio, estableciendo los fundamentos de la teoría de redes aleatorias. Aunque la intuición indica claramente que muchas redes complejas de la vida real no son ni totalmente regulares ni completamente aleatorias, el modelo *ER* fue el único enfoque sensato y riguroso que dominó el pensamiento de los científicos acerca de las redes complejas durante la segunda mitad del siglo *XX* [12].

El estudio de las redes complejas se sustenta matemáticamente en la teoría de grafos. Esta teoría inició en 1736 cuando Euler publicó una solución general para el problema de los puentes de Königsberg. Euler se preguntaba si existía un recorrido pasando por todos los siete puentes que cruzaban el río Pregel en la ciudad de Königsberg usando cada puente únicamente una vez cómo se muestra en la Figura 2.2 [13]. Concretamente la situación era cómo se describe en la Figura 2.2, A y B son las dos partes de la ciudad y C y D las dos islas.

Euler simplificó el mapa de la zona a simplemente unas cuantas líneas y puntos (la derecha de la Figura 2.2). La figura resultante es un grafo, porque cómo se observa los distintos regímenes en los que los puentes dividieron la ciudad se convirtieron en puntos, es decir, en vértices; y los puentes se convirtieron en líneas, lo que llamamos enlaces. También determina que hay un punto de inicio y un punto de salida. Euler a partir de éste sencillo esquema, encontró la solución de una forma mucho más fácil. El determinó que los puntos intermedios de un recorrido posible necesariamente van a estar conectados a un número par de líneas. Entonces, si llegamos a un punto desde alguna línea, el único modo de salir de ese punto es

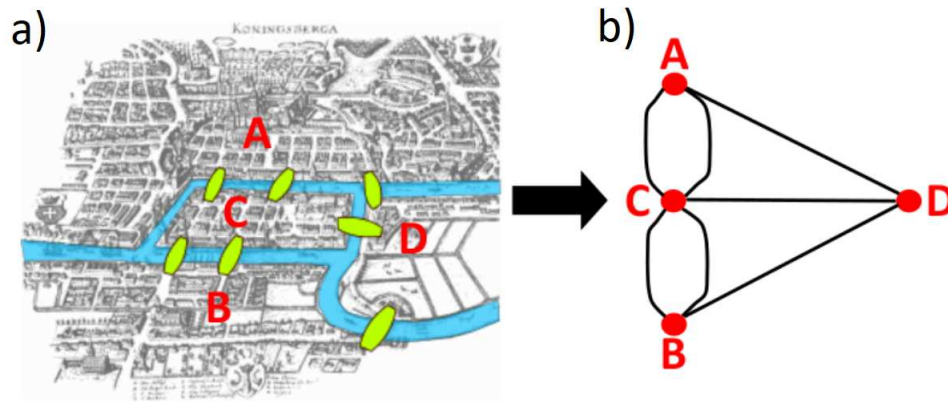


Figura 2.2: En la Figura a) se muestra el mapa de la ciudad de Königsberg en la época que Euler vivía, el río Pregel y los siete puentes. En la Figura b) se muestra el grafo asociado al mapa de la ciudad de Königsberg, donde los puntos rojos representan las regiones de la ciudad unidas por los puentes verdes siendo estos últimos mencionados representados por los enlaces negros.[14]

por una línea diferente. Esto significa que tanto el punto inicial como el final serían los únicos que podrían estar conectados con un número impar de líneas. Sin embargo, el requisito del problema dice que el punto inicial debe ser igual al final, entonces no podría existir ningún punto conectado con un número impar de líneas.

Al principio de la década de 1950 hubo grandes avances en el estudio de la teoría de grafos, cuando Solomonoff y Rapoport propusieron el primer estudio sistemático de redes aleatorias. Unos años después en el año 1959 Paul Erdős y Alfred Renyi usaron esta idea y las combinaron con la teoría de la probabilidad. Ellos fueron los primeros que establecieron las bases de la teoría moderna de las redes aleatorias [13, 15].

A finales de la década de 1960, casi hace más de 50 años, el sociólogo estadounidense Stanley Milgram dió una manera de resolver el problema del mundo pequeño propuesto por el escritor húngaro Frigyes Karinthy en 1929. Karinthy creía que el mundo se puede ver como una gran red de contactos sociales, y se pueden conectar con una cadena de conocidos entre sí. Milgram junto con Jeffrey Travers encontraron que existían una media de seis grados de separación entre dos personas desconocidas en el mundo, independientemente de lo lejanas que estén dichas personas [16].

En 1998, Duncan Watts y Steven Strogatz [1], retomando las ideas de Milgram, introdujeron un nuevo modelo de grafo, que definieron como una red de mundo pequeño. En este modelo se veía que el promedio de distancia entre sus nodos era bajo y con un alto de coeficiente de *clustering* o coeficiente de agrupamiento global, algo que no se ve en las redes aleatorias. El concepto de *clustering* será abordado más adelante. Un año después del modelo presentado por Watts y Strogatz, el físico Albert-László Barabási, con otros dos estudiantes Reka Albert y Hawoong Jeong, investigaron sobre la conectividad de la red de Internet recolectando

vínculos entre páginas web utilizando programas denominados “robots”. Ellos en su estudio descubrieron que la red no tenía una distribución homogénea en el número de conexiones, sino que hay algunos nodos que tienen un número de conexiones mucho mayor que otros. A estos nodos con alta conectividad se les llamo *hubs*, y se ha observado que en otras redes como las de transporte, colaboración científica, contactos sexuales y neuronales, también existen nodos equivalentes a ellos con un número mayor de conectividad. Barabasi y Albert establecieron un algoritmo para construir estos tipos de redes [10, 11].

2.2. Conceptos básicos de Redes

Todas las redes complejas se pueden representarse como un grafo, es decir, un arreglo matemático que representa a un conjunto de elementos (nodos) y sus enlaces como se ha mostrado en la figura 2.1. Los elementos pueden ser físicos, como neuronas, autobuses, o simplemente pueden ser abstractos como los sitios web. Los enlaces pueden ser físicos, como el camino entre neuronas, es decir, la sinapsis, o pueden ser abstractos como flujos de información entre los sitios. Matemáticamente una red corresponde a la pareja de conjuntos $G(n, m)$ con n nodos y m enlaces.

Los enlaces, si existe flujo únicamente en una dirección, son dirigidos como se muestra en la Figura 2.3, y si tiene flujo en ambas direcciones son no dirigidos.

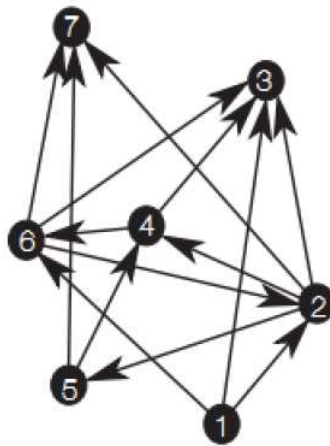


Figura 2.3: Un ejemplo de red dirigida. Las flechas indican el sentido de los enlaces. Por ejemplo, el nodo 2 está conectado con el nodo 4, pero no hay una conexión entre el nodo 4 y el 2.

Existen muchas redes en las cuales los enlaces entre los nodos tienen diferentes pesos, estas se llaman redes ponderadas [12] como se muestra en la Figura 2.4.

Hay tres conceptos que en esta tesis se usan a menudo: el coeficiente de *clustering*, la longitud media de los caminos y la distribución de grados. Debido a la dificultad de medir y controlar la

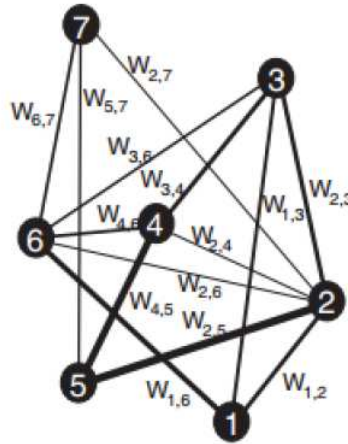


Figura 2.4: Un ejemplo de red pesada, el espesor de cada enlace indica el peso de cada enlace. Siendo los w_{ij} los pesos asociados a las conexiones entre los nodos i y j .

información en las redes para cada nodo, es necesario e importante definir algunas medidas globales. Estas medidas nos permiten caracterizar las redes para luego poder compararlas entre ellas. A continuación se explican dichas medidas.

2.2.1. Distribución de grados

La característica individual más usada de un nodo es su grado. El grado k_i de un nodo i -ésimo es el número de conexiones con otros nodos. El promedio de los grados de los nodos de una red se llama grado medio de la red, y se denota como $\langle k \rangle$. Si una red es dirigida, esto significa que existen enlaces que entren y otros que salgan de los nodos. Entonces existen grados de salida y de entrada en función de la disposición de los enlaces entrantes y salientes de los nodos.

La distribución de grados de los nodos en una red se denota por la función de distribución $P(k)$, que es la probabilidad de que un nodo seleccionando al azar tenga exactamente k enlaces. Por ejemplo, una red regular tiene una distribución de grados muy sencillo, porque todos los nodos tienen el mismo número de enlaces y por lo tanto su gráfica representa una distribución de tipo delta, es decir, $p(k) = \delta(k, k_0)$ donde $p(k)$ se anula para todo $k \neq k_0$. En una red completamente aleatoria, la distribución de grados sigue una distribución de Poisson, $p(k) = \lambda^k e^{-\lambda} / k!$ con $\lambda = \langle k \rangle$ como se verá más adelante [11], por lo tanto puede observarse que la distribución cae de manera exponencial a medida que nos alejamos del valor máximo $\langle k \rangle$. Debido a éste descenso exponencial, la probabilidad de encontrar un nodo con k enlaces para $k \gg \langle k \rangle$ es insignificante.

En la mayoría de las redes reales de gran escala no se ve la distribución de Poisson. De hecho, para muchas redes la distribución de los grados se describe mucho mejor por una ley de potencia con una forma $P(k) \approx k^{-\lambda}$. Esta distribución permite que haya algunos nodos con un grado muy alto. Debido a que en estas redes el grado de los nodos no se concentra alrededor de una media (escala), se llaman libres de escala [12, 13, 18].

2.2.2. Coeficiente de clustering global

En una red se puede definir simplemente con que probabilidad los vecinos de un nodo son también vecinos entre sí. Por ejemplo, si en una red social las personas son los nodos en la red y las relaciones cómo la amistad son enlaces entre los nodos, entonces, *¿con que probabilidad los amigos de tus amigos son también amigos tuyos?* Esta propiedad se refiere al *clustering* de la red.

Primero se calcula el coeficiente de *clustering* de cada nodo c_i , siendo éste el coeficiente de *clustering* local. Se cuentan todos los triángulos T_i que tienen cómo vértice al nodo i , siendo éste vértice denominado v_i . Supongamos que un nodo i de la red tiene k_i vecinos (o enlaces), entonces todos los triángulos que se pueden construir con el nodo i son $k_i(k_i - 1)/2$. El coeficiente de *clustering* local se calcula cómo [12]:

$$c_i = \frac{2T_i}{k_i(k_i - 1)} \tag{2.1}$$

Ya que se tiene el coeficiente de *clustering* local de todos los nodos, el coeficiente de *clustering* de la red CC será la media de los coeficientes de *clustering* de todos sus nodos, es decir:

$$CC = \langle c_i \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i \in N} c_i \tag{2.2}$$

Siempre $CC \leq 1$, y solo cuando la red sea completa $CC = 1$, entiéndase cómo red completa cuando los nodos de la misma están conectados con todos [12, 13, 17].

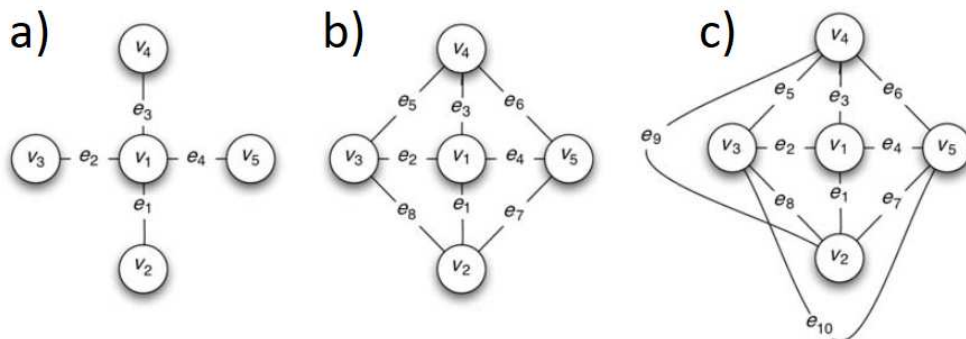


Figura 2.5: Coeficiente del *clustering* local de cada nodo c_i para: a) $CC = 0$ siendo éste el caso donde los vecinos de un nodo no son vecinos entre sí, b) $CC = 2/3$ siendo éste el caso donde empiezan a formarse comunidades, esto es, los vecinos de un nodo empiezan a ser vecinos entre sí, y por último c) $CC = 1$ siendo éste en caso donde todos los nodos están conectados con los demás. Estos cálculos fueron hechos utilizando las fórmulas (2.1) y (2.2)

En el caso de la Figura 2.5.a puede calcularse los distintos coeficientes de *clustering* locales, esto es, $c_i = 0$ para $i = 1, 2, 3, 4, 5$ por lo que $CC = 0$. Luego para el caso de la Figura 2.5.b $c_i = 2/3$ para $i = 1, 2, 3, 4, 5$ por lo que $CC = 2/3$. Finalmente si se calcula los coeficientes c_i para el caso de la Figura 2.5.c, $c_i = 1$ para $i = 1, 2, 3, 4, 5$ ya que todos los nodos están

totalmente conectados.

Asociado al *clustering*, otro término que se usará de manera habitual en éste trabajo es el concepto de *cluster* o grupo, esto es, un grupo de nodos conectados se lo denominará cómo un *cluster*.

2.2.3. Longitud promedio de los caminos

Se define cómo la distancia promedio más corta entre cualquier par de nodos en una red.

Para definirla, considere a d_{ij} la mínima distancia entre el nodo i y el j , entonces la longitud media del camino más corto (L) esta determinado por

$$L = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i \neq j} d_{ij} \quad (2.3)$$

donde N es el número de todos los nodos en la red [12, 17].

La longitud promedio del camino es una medida importante en la teoría de redes, ya que está relacionada con la eficiencia de la comunicación en la red y puede influir en la propagación de información o epidemias a través de la red.

2.3. Redes aleatorias

En el año 1959 Edgar Nelson Gilbert por primera vez presentó un método para construir una red aleatoria. A finales de la década de los 50, Erdős y Rényi (ER) estudiaron una manera mejor para construir la red aleatoria.

Para producir una red con el método Erdős y Rényi (ER):

Supongamos que tenemos N nodos con $N \gg 1$. Se eligen m pares diferentes de nodos al azar.

La probabilidad de que dos nodos estén conectados es entonces

$$p = \frac{m}{\frac{N(N-1)}{2}} \approx \frac{2m}{N^2} \quad \text{para } N \gg 1 \quad (2.4)$$

Las redes aleatoria ER son redes casi homogéneas. La distribución de grados tiene una forma de distribución de Poisson [11];

$$p(k) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!} \quad (2.5)$$

donde $\lambda = \langle k \rangle = pN$. Entonces para $N \gg 1$,

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \lambda = \lim_{N \rightarrow \infty} p(k)N = \frac{2m}{N} \quad (2.6)$$

El rango de valores de los diámetros en redes aleatorias es muy pequeño, generalmente concentrado alrededor de:

$$d = \frac{\ln(N)}{\ln(pN)} = \frac{\ln(N)}{\ln(\langle k \rangle)} \quad (2.7)$$

Aquí se resumen algunos resultados muy importante acerca de d :

- Si $\langle k \rangle = pN < 1$, la red está compuesta de *clusters* aislados y su diámetro es igual al diámetro de un *cluster*.
- Si $\langle k \rangle > 1$, un *cluster* gigante aparece. El diámetro de la red es igual al diámetro del *cluster* gigante si $\langle k \rangle \geq 3,5$, y además si es proporcional a $\ln(N)/\ln(\langle k \rangle)$.
- Si $\langle k \rangle \geq \ln(N)$, casi cualquier red está totalmente conectada. Los diámetros de las redes que tienen la misma N y $\langle k \rangle$ se concentran alrededor del valor $\ln(N)/\ln(\langle k \rangle)$.

Por otro lado, la longitud promedio de los caminos es proporcional a:

$$L \approx \frac{\ln(N)}{\ln(\langle k \rangle)} \quad (2.8)$$

debido a que $\ln(N)$ crece muy lento en función de N en una red aleatoria, la longitud promedio de los caminos se mantiene bastante baja incluso cuando elegimos una red con muchos nodos. Por otro lado, el coeficiente de *clustering* en una red aleatoria es $CC = \langle k \rangle / N \ll 1$, o mejor dicho, la red tiene una *clusterización* muy baja [11, 13].

2.4. Redes libres de escala

Se ha observado que algunas redes complejas de gran tamaño tienen distribuciones de grado que siguen una ley de potencia. En éste tipo de redes hay más nodos con pocos enlaces que nodos con un gran número de enlaces, y esto garantiza que el sistema éste altamente conectado. Existen pocos nodos con un alto grado, y se los denominan cómo *hubs*; por lo tanto, las redes libre de escala son redes con *hubs*, lo que cambia drásticamente el comportamiento de la distribución de grados en éste tipo de redes

En estas redes la probabilidad de que un nodo tenga grado k es proporcional a $P(k) \approx Ak^{-\lambda}$ donde la constante λ es llamada coeficiente ley de potencia y normalmente tiene un valor entre $2 < \lambda < 3$ [13]. En general el comportamiento de la ley de potencia se escribe cómo;

$$P(k) = (\lambda - 1)k_{\min}^{\lambda-1}k^{-\lambda} \quad (2.9)$$

donde k_{\min} es el grado más pequeño para el cual se cumple la ley de potencia. La longitud promedio de los caminos resulta [11];

$$\langle l \rangle = \begin{cases} \text{constante} & \text{para } \lambda = 2 \\ \ln(\ln(N)) & \text{para } 2 < \lambda < 3 \\ \frac{\ln(N)}{\ln(\ln(N))} & \text{para } \lambda = 3 \\ \ln(N) & \text{para } \lambda > 3 \end{cases} \quad (2.10)$$

Cuando el coeficiente ley de potencia tiene un valor entre $2 < \lambda < 3$, L aumenta con el tamaño del sistema N cómo $\ln(\ln(N))$ que es significativamente más lento que el $\ln(N)$ derivado para las redes aleatorias de *ER*. A esas redes se les llaman redes libres de escala (*LE*), porque las leyes de potencias en todos los tamaños tienen la misma forma. Por ejemplo, las redes aleatorias presentan una homogeneidad en los enlaces, pero en las redes libres de escala no existe tal homogeneidad. Las leyes de potencias son muy importantes en la física estadística, porque dichas leyes tienen relación con las transiciones de fases y fractales [19].

Se puede dividir las redes libres de escala a dos grupos:

1. Redes libres de escala estáticas, cómo la red de Guido Caldarelli [18].
2. Redes libres de escala evolucionadas cómo la red de Barabasi-Albert (BA) [20].

Barabasi, Albert y Jeong (el modelo de BA) argumentaron que las redes tipo aleatorias o de mundos pequeños no pueden modelar algunos sistemas reales, porque las redes reales son abiertas y tienen una dinámica que se agrega nuevos nodos a la red continuamente, pero para los otros modelos la cantidad de nodos n es constante durante todo el proceso de formación, solo el número de los enlaces se pueden aumentar o reordenar. En el modelo de Barabasi-Albert(BA), el número de los nodos y enlaces cambia durante el tiempo, mientras que en los modelos de libres de escala estáticas el número de los nodos es constante y lo variable es el número de los enlaces.

Para construir redes libres de escala existen diferentes métodos. Michael Molloy and Bruce Reed en el año 1995 presentaron una manera para generar éste tipo de redes. En éste modelo (MR), el grado de cada nodo está preasignado y representado por *stubs* o *half-links*, siguiendo una ley de potencia con el exponente λ . Luego, se seleccionan aleatoriamente dos *stubs* de diferentes nodos (i_1, i_2) y si no están conectados, se conectan por un enlace. Éste proceso se repite hasta que todos los *stubs* estén conectados. Éste modelo puede producir una red LE sin generar ninguna correlación entre los grados [19].

Por otro lado, Barabási y Albert para generar una red libre de escala sugirieron dos características muy importantes. Estas características son el crecimiento y el enlace preferencial.

Para entender el modelo para generar una red BA se tienen que tener en cuenta dos pasos [20]:

1. *Crecimiento*: Empezando con m_0 nodos que todos están conectados entre si. Esto significa que es un grafo completo donde cada nodo tiene $m_0 - 1$ enlaces. En cada paso de tiempo $t = 1, 2, 3, \dots, N - m_0$ se agrega un nuevo nodo con m enlaces tal que $m \leq m_0$.

2. *Enlace preferencial*: Cuando los nodos agregados son conectados, se asume que la probabilidad $\Pi_{j \rightarrow i}$, esto es, la probabilidad de que un nuevo nodo j se conecte al nodo i (siendo el nodo i el ya existente en la red) depende de la conectividad k_i del nodo i , esto es

$$\Pi_{j \rightarrow i} = \frac{k_i}{\sum_j^{m_0+t-1} k_j} \quad (2.11)$$

Luego el número total de los enlaces de los nodos en la red es:

$$M = \frac{m_0(m_0 - 1)}{2} + 2mt \quad (2.12)$$

y el número total de los nodos es:

$$N = m_0 + t \quad (2.13)$$

Se puede simplemente calcular el promedio de los grados,

$$\langle k \rangle = \frac{M}{N} = \frac{\frac{m_0(m_0-1)}{2} + 2mt}{m_0 + t} \quad (2.14)$$

donde en el límite de $t \rightarrow \infty$ se tiene,

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \langle k \rangle = 2m \quad (2.15)$$

La aproximación continua calcula la dependencia del tiempo de grado k_i de un nodo dado i . Éste grado aumentará cada vez que un nuevo nodo que ingrese al sistema y se conecta al nodo i , siendo la probabilidad de que éste proceso sea $\pi(k_i)$. Suponiendo que k_i es una variable continua, se espera que la velocidad a la que k_i cambie sea proporcional a $\pi(k_i)$. En consecuencia k_i satisface la ecuación dinámica

$$\frac{\partial k_i}{\partial t} = m \cdot \Pi_{j \rightarrow i} = m \cdot \frac{k_i}{\sum_j^{m_0+t-1} k_j} \quad (2.16)$$

Entonces teniendo en cuenta que $\sum_j k_j = 2mt$ se tiene,

$$\frac{\partial k_i}{\partial t} = \frac{k_i}{2t} \quad (2.17)$$

Finalmente la solución de esta ecuación, con la condición inicial de que cada nodo al comienzo tiene $(k_i(t_i)) = m$ es,

$$k_i(t) = m \left(\frac{t}{t_i} \right)^{1/2} \quad (2.18)$$

con la distribución de grados descrita cómo,

$$P(k) \approx 2m^2 k^{-3} \quad (2.19)$$

2.5. Redes de mundo pequeño

El problema del mundo pequeño en 1967 lo trabajó Stanley Milgram. Stanley hizo una serie de experimentos, en los cuales un grupo de personas intentaban enviar cartas a desconocidos. Los resultados de estos experimentos mostraban que para enviar una carta a cualquier persona desconocida se necesitaban seis personas en promedio, es decir, los individuos están a seis grados de separación. La red de la sociedad humana presenta una estructura de mundo pequeño o red *small world*, porque la longitud promedio de los caminos es pequeño y tiene un alto coeficiente de *clustering* global que son características de una red de mundo pequeño. Por ejemplo, las redes regulares tienen el efecto de *clusterización*, y en general la red de mundo pequeño también lo tiene, o en las redes aleatorias se muestra el efecto de mundo pequeño pero con muy poca *clusterización*. La mayoría de las redes reales normalmente ni son totalmente regulares ni aleatorias, así que tienen muchas propiedades muy parecidas a las de las redes de mundo pequeño [21].

Para construir redes de mundo pequeño, Watts y Strogatz (WS) [1] introdujeron un modelo muy interesante que podía contener las propiedades de ambas redes regular y aleatoria. Su modelo puede describir muy bien la transición de una red regular a una aleatoria cómo se ve en la Figura 2.6.

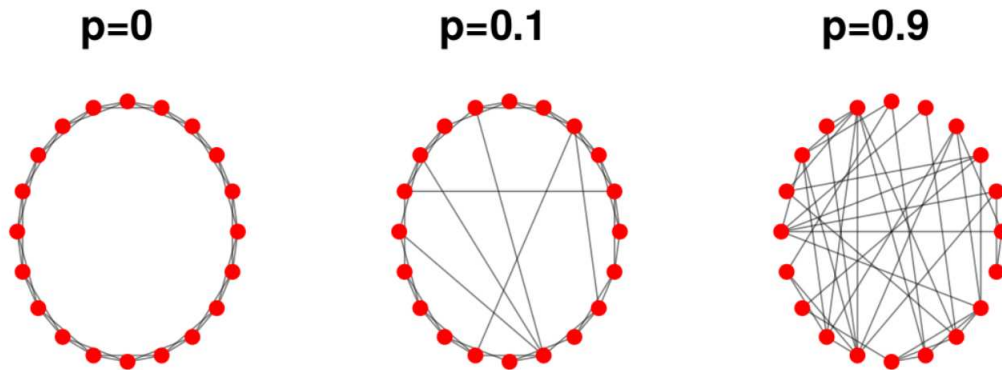


Figura 2.6: Un ejemplo de red Watts y Strogatz (WS) con $N = 20$ nodos y el promedio de grados $\langle k \rangle = 2$ para distintas probabilidades de reconectar.

El algoritmo para generar redes del modelo WS es siguiente:

1. Se comienza con una red en forma de anillo con N nodos y cada uno se conecta con sus primeros k vecinos.
2. Aleatoriamente se selecciona cada enlace y con una probabilidad π se reconecta a uno de los otros nodos de la red con condiciones que no queden enlaces duplicados ni ciclos a un mismo nodo. En éste paso la red deja de ser una red completamente regular y se empieza a mostrar propiedades de una red aleatoria.

Al final del proceso la red tendrá $\pi Nk/2$ enlaces. Para entender bien cómo el comportamiento del coeficiente de *clustering* $C(\pi)$ y la longitud del camino promedio $L(\pi)$ pueden cambiar en

función de la probabilidad de reconexión π , se reproducirán los resultados que se encuentran en el artículo de Watts y Strogatz [1]. En la Figura 2.7 se puede ver diferentes tipos de redes que se han descrito.

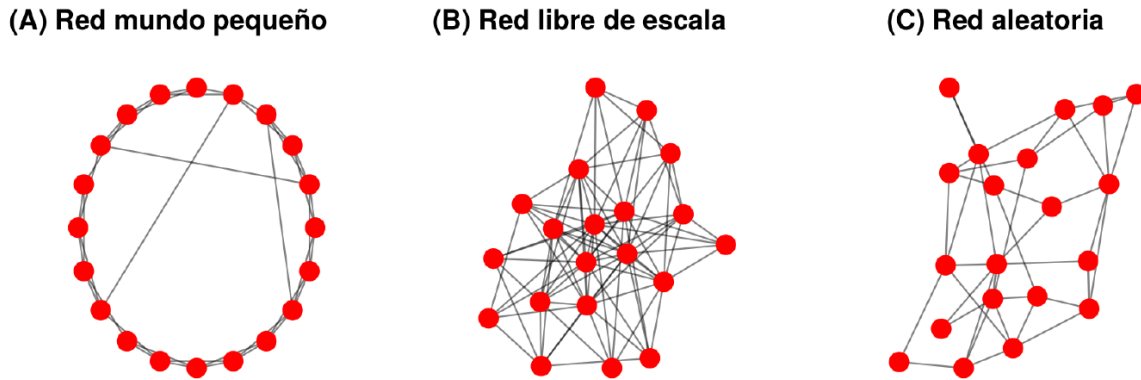


Figura 2.7: Diferentes tipos de redes, (A) Red Watts y Strogatz (WS) con $N = 20$ nodos y el promedio de grados $\langle k \rangle = 2$ y la probabilidades de reconectar $\pi = 0,05$, (B) Red libre de escala con $N = 20$ nodos, $m_0 = 6$ y $m = 5$, (C) Red aleatoria con $N = 20$ nodos con $m = 40$.

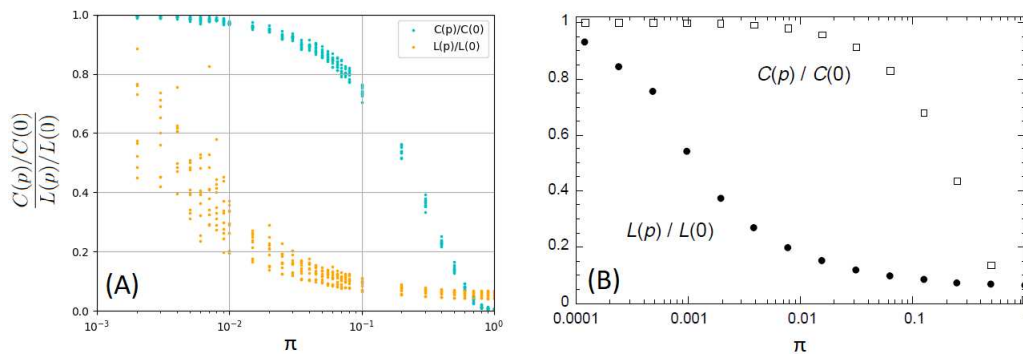


Figura 2.8: Redes de Watts-Strogatz para distintas probabilidades de atajos π , $N = 1000$, $\langle k \rangle = 10$. (A) Imagen de elaboración propia promediada sobre 10 realizaciones. (B) Imagen extraída del trabajo de Watts-Strogatz [1].

Cómo se ve en la Figura 2.8 para una pequeña probabilidad de reconexión, el coeficiente de *clusterización* no cambia tanto, es decir, que $C(\pi) \approx C(0)$, pero la longitud del camino promedio cae rápidamente y está en el mismo orden que el de las redes aleatorias, es decir, $L(0) \gg L(\pi)$. Entonces si $\pi = 0$, la red es regular, y si $\pi = 1$ de actividad se convierte en una red completamente aleatoria [1, 22].

2.5.1. Índice de mundo pequeño

El carácter de mundo pequeño de la red se ha cuantificado mediante un coeficiente de mundo pequeño, *swi* (*small world index*), calculado comparando el *clustering* y el *path length* de una red dada con una red *random* equivalente con el mismo grado en promedio $\langle k \rangle$.

$$swi = \frac{C/C_r}{L/L_r} \quad (2.20)$$

donde C_r y L_r son el *clustering* y *path length* de una *red random* del mismo tamaño y mismo grado de los nodos que la red a trabajar. Si $swi > 1$ ($C \gg C_r$ y $L \approx L_r$) se dice que la red tiene un comportamiento de red de *small world* [40].

2.6. Asortatividad

La asortatividad es la preferencia de los nodos de una red por unirse a otros que le son similares en alguna característica. A pesar de que la medida específica de similitud puede variar, los teóricos de redes frecuentemente estudian la asortatividad en función del grado de los nodos (k) [45]. Esta característica sirve para aproximar los modelos de redes complejas al comportamiento de muchas redes reales.

Frecuentemente se encuentran correlaciones entre los nodos de redes que tienen grado similar. Además, en las redes sociales, los nodos con alta conectividad tienden a conectarse a otros que tienen un grado alto. Esta tendencia se denomina asortatividad. Por otro lado, las redes tecnológicas y biológicas tiende a mostrar comportamiento disortativo ya que los nodos con alto grado tienden a conectarse con los nodos de bajo grado [46].

La asortatividad se presenta cómo la correlación entre dos nodos. Sin embargo, existen diferentes formas de medir dicha correlación. Las medidas más utilizadas son el coeficiente de asortatividad y la conectividad. Estas medidas se detallan más ampliamente a continuación.

2.6.1. Coeficiente de asortatividad

El coeficiente de asortatividad se trata del coeficiente de correlación de *Pearson* de los grados entre dos pares de nodos conectados [46]. Valores positivos de r indican que existe una correlación entre nodos con grado similar, mientras que un valor negativo indica correlaciones entre nodos de diferente grado. En general, $r \in [-1,1]$. Cuando $r = 1$, se dice que *la red es totalmente asortativa*, cuando $r = 0$ *la red es no asortativa* y cuando $r = -1$ *la red es disortativa*.

Para entender la manera en la que se calcula éste coeficiente, se considera una red representada en éste caso por un grafo no direccionado de N vértices y M enlaces con un grado de distribución p_k . Esto es, p_k es la probabilidad de que un nodo tenga grado k . Ahora se considera un nodo alcanzado por el enlace elegido al azar en el grafo. El grado de éste nodo no tiene la misma distribución p_k . En cambio, éste está sesgado a favor de los nodos de alto grado, ya que más enlaces terminan en un nodo de alto grado que en uno de bajo grado. Esto significa que la distribución de grados para el nodo al final de un enlace elegido al azar es kp_k proporcional, en lugar de solo p_k . En el trabajo de Newman [46] por lo general, no fue de gran interés el grado total de dicho nodo, sino el grado restante, esto es, el número de enlaces que salen del nodo distinto al que se llega.

Éste número es uno menos que el grado total y por lo tanto se distribuye en proporción a $(k + 1)p_{k+1}$. La distribución q_k correctamente normalizada del grado restante es entonces,

$$q_k = \frac{(k + 1)p_{k+1}}{\sum_j jp_j} \quad (2.21)$$

Luego se define la cantidad e_{jk} , la distribución de probabilidad conjunta de los grados restantes de los dos nodos en cualquier extremo de un enlace elegido al azar. Esta cantidad es simétrica en jk , esto es, $e_{jk} = e_{kj}$, y obedece las leyes,

$$\sum_{jk} e_{jk} = 1, \quad \sum_j e_{jk} = q_k. \quad (2.22)$$

Entonces finalmente el coeficiente de asortatividad está definido por,

$$r = \frac{\sum_{jk} jk(e_{jk} - q_j q_k)}{\sigma_q^2} \quad (2.23)$$

donde $-1 \leq r \leq 1$, además $e_{jk} = q_k \delta_{jk}$ y la varianza $\sigma_q^2 = \sum_k k^2 q_k - [\sum_k k q_k]^2$ de la distribución q_k .

Para verlo de manera más conceptual, uno dice que una red es *asortativa* cuando los nodos de alto grado están, en promedio, conectados con otros nodos de alto grado y los nodos de bajo grado están, en promedio, conectados con otros nodos de bajo grado. Por otro lado, una red se dice *disasortativa* cuando, en promedio, los nodos de alto grado están conectados a nodos con grado menores y, en promedio, los nodos de bajo grado están conectados a nodos con grado mayores [47].

2.7. Club de ricos

El concepto de *rich club* en grafos se refiere a una organización de nodos en la que los nodos más conectados de una red se conectan entre sí para formar un subconjunto altamente interconectado. Estos nodos son considerados como los más importantes en la red debido a su alta conectividad y su capacidad para controlar el flujo de información a través de la red.

En la neurociencia, el concepto club de ricos o *rich club* ha sido aplicado para entender la organización de la conectividad cerebral. Se ha encontrado que las regiones del cerebro que forman parte del *rich club* están altamente interconectadas y son críticas para la integración de información en el cerebro. Además, se ha demostrado que las regiones del cerebro que forman parte del *rich club* tienen una mayor capacidad para la transferencia de información y son más vulnerables a las lesiones. [55]

2.8. Estructura de comunidades

Se ha utilizado el método desarrollado por Blondel y otros [56], conocido como método para detectar el comportamiento de la estructura de las redes utilizadas para éste trabajo final.

El método se basa en la optimización de la modularidad.

La detección de comunidades es el proceso de identificar grupos de nodos altamente interconectados en una red. El algoritmo de Blondel y otros [56] busca encontrar la partición de la red que maximiza la modularidad, que es una medida de la calidad de la partición. La modularidad mide la densidad de conexiones dentro de cada comunidad en comparación con las conexiones entre comunidades. Una de las razones y ventajas de éste algoritmo es que puede manejar una amplia gama de tipos de redes, incluyendo redes no ponderadas y no dirigidas.

El valor a optimizar es la modularidad, definido cómo un número entre -1 y 1. Para una red pesada, la modularidad está definida por:

$$Q = \frac{1}{2m} \sum_{ij} \left[A_{ij} - \frac{k_i k_j}{2m} \right] \delta(c_i, c_j) \quad (2.24)$$

donde A_{ij} es el peso del enlace entre los nodos i y j , $k_i = \sum_j A_{ij}$ es la suma de los pesos de los enlaces del nodo i , $2m = \sum_{ij} A_{ij}$ es la suma de todos los pesos de los enlaces de la red, c_i es el *clustering* del nodo i y δ es la función delta de Kronecker.

El algoritmo consta de dos fases que son repetidas iterativamente. Se asume que se empieza con una red pesada de N nodos.

- En primera instancia, se asigna una comunidad (*cluster*) diferente a cada nodo de la red. Entonces, en esta partición hay tantos *clusters* cómo nodos. Luego, para cada nodo i se considera a los vecinos j de i y se evalúa la ganancia de modularidad que tendría lugar al eliminar al nodo i de su comunidad y colocándolo en la comunidad de j . El nodo i es entonces colocado en la comunidad por la cual ésta gana el máximo (en caso de un empate se usa una *breaking rule*), pero esto solamente si esta ganancia es positiva. Si no es posible una ganancia positiva, i se queda en un *cluster* original. Éste proceso es aplicado reiteradas veces para todos los nodos de la red hasta que no se pueda lograr ninguna mejora adicional y luego se completa la primera fase. La primera fase termina cuando se alcanza un máximo local de la modularidad. Parte de la eficiencia del algoritmo resulta del hecho de que la ganancia en modularidad ΔQ obtenida al mover un nodo i aislado a un *cluster* C se puede calcular fácilmente mediante:

$$\Delta Q = \left[\frac{\sum_{in} + 2k_{i,in}}{2m} - \left(\frac{\sum_{tot} + k_i}{2m} \right)^2 \right] - \left[\frac{\sum_{in}}{2m} - \left(\frac{\sum_{tot}}{2m} \right)^2 - \left(\frac{k_i}{2m} \right)^2 \right] \quad (2.25)$$

donde \sum_{in} es la suma de los pesos de los enlaces dentro del *cluster* C , \sum_{tot} es la suma de todos los pesos de los enlaces incidentes a los nodos en C , k_i es la suma de los pesos de los enlaces incidentes al nodo i , $k_{i,in}$ es la suma de todos los pesos de los enlaces desde el nodo i a los nodos en C y m es la suma de los pesos de todos los enlaces de la red. Se utiliza una expresión similar para evaluar el cambio de modularidad cuando el nodo i es removido de su *cluster*. En la práctica, por lo tanto, uno evalúa el cambio

de modularidad eliminando el nodo i de su *cluster* y luego, trasladándolo a un *cluster* vecino.

- La segunda fase del algoritmo consiste en construir una nueva red cuyos nodos son ahora los *clusters* encontrados durante la primera fase. Para hacerlo, los pesos de los enlaces entre los nuevos nodos vienen dados por la suma del peso de los enlaces entre los nodos de las dos comunidades correspondientes. Los enlaces entre los nodos del mismo *cluster* conducen a bucles propios para ésta comunidad en la nueva red. Una vez que ésta segunda fase es completada, es posible entonces reaplicar la primera fase del algoritmo a la red pesada resultante e iterar.

2.9. Red estructural cerebral

Durante la última década se ha intentado mapear la estructura del cerebro a gran escala de la corteza cerebral humana. Las neuronas adentro del cerebro se pueden considerar cómo los nodos de la red que forman diferentes regiones cerebrales. Los enlaces entre los nodos se pueden considerar de diferentes maneras. Un tipo de red es aquel en que los enlaces entre los nodos se basan en las conexiones físicas entre ellos, conocida cómo la red estructural del cerebro.

2.9.1. Conectoma

Según Sporns y otros [27] se entiende por *conectoma* a la conectividad estructural completa de las redes neuronales en el cerebro humano. Estos autores presentan una revisión de la literatura actual sobre el estudio del *conectoma*, incluyendo técnicas de neuroimagen cómo la resonancia magnética de difusión y la tomografía por emisión de positrones, y discuten las implicaciones de éste campo de investigación para la comprensión de la función cerebral y las enfermedades neurológicas. Su estudio también presenta algunos de los desafíos asociados con la construcción de un *conectoma* completo del cerebro humano, incluyendo la complejidad de las redes neuronales y las limitaciones de las técnicas de neuroimagen disponibles.

En resumen, su artículo proporciona una introducción completa al tema del conectoma y su estudio en el cerebro humano. Los autores discuten las técnicas y herramientas disponibles para el estudio del conectoma, así cómo los desafíos y limitaciones asociados con ésta línea de investigación.

2.9.2. Comparativa de conectomas

Un estudio publicado en 2016 escrito por van den Heuvel y otros [54] se centró en investigar la conectividad cerebral en diferentes especies animales, incluyendo humanos, primates no humanos y roedores.

En su estudio utilizaron técnicas avanzadas de neuroimagen para comparar los circuitos cerebrales entre diferentes especies, y analizan los patrones de conectividad en diferentes niveles, desde el nivel microscópico de las conexiones sinápticas hasta el nivel macroscópico de

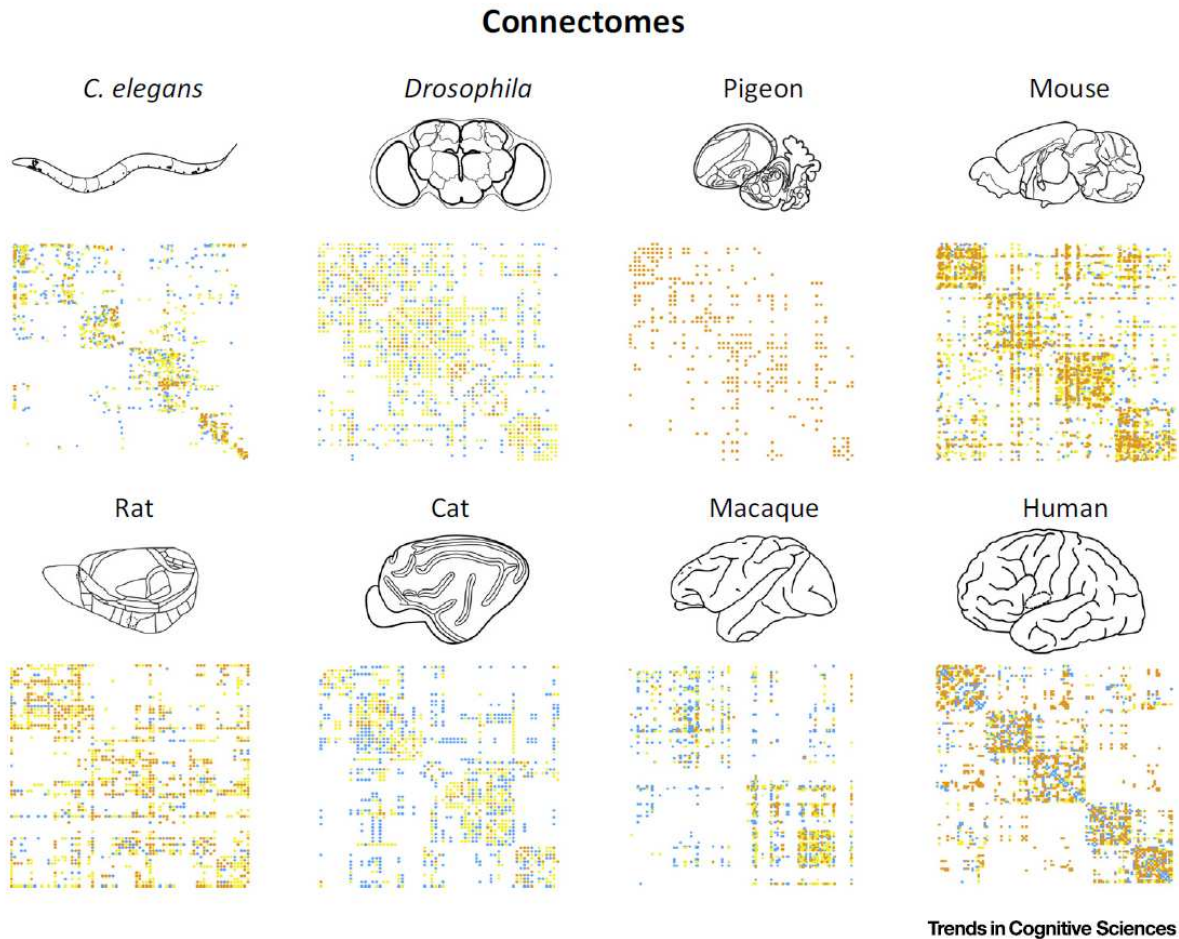


Figura 2.9: La figura muestra *conectomas* reconstruidos de ocho especies diferentes: *caenorhabditis elegans* (ascáride), *drosophila* (mosca de la fruta), paloma (pigeon), ratón (mouse), rata (rat), gato (cat), macaco (rhesus macaque) y humanos. Los *conectomas* se representan como matrices de conectividad con filas y columnas que representan las regiones de origen y de destino (agrupando las regiones que participan en la misma comunidad) y con los elementos de las matrices de conectividad que muestran las proyecciones reconstruidas. Las rutas se agrupan según sean débiles (*azul*), medias (*amarillo*) o fuertes (*naranja*) [54].

las conexiones a larga distancia entre regiones del cerebro cómo lo muestra la Figura 2.9.

En particular, su artículo se centra en la comparación de los circuitos cerebrales entre humanos y primates no humanos, y los autores discuten cómo estas comparaciones pueden ayudar a comprender mejor la evolución y la diversidad de la función cerebral. También se discuten las implicaciones de la investigación de la conectividad cerebral para la comprensión de enfermedades neurológicas y psiquiátricas.

Los análisis de red del conectoma de *C. elegans* han tenido un papel destacado en las discusiones sobre los modelos de minimización de cableado, que defienden que la conservación del

cableado gobierna la ubicación espacial de los elementos neuronales y da cuenta de la formación de circuitos espacialmente localizados. Sin embargo, estos análisis también han revelado que algunas neuronas y sus conexiones se desvían de la ubicación espacial óptima, cómo lo predice una minimización estricta del costo de conexión, lo que argumenta que otros factores biológicos no geométricos tienen un papel en la topología del sistema nervioso de *C. elegans*. De hecho, una de las características más destacadas del *conectoma* del gusano adulto es la distribución no uniforme de la conectividad sináptica (es decir, el grado de nodo que en éste trabajo se denota cómo $\langle k \rangle$) entre las neuronas, con la mayoría de las conexiones sinápticas mantenidas por un pequeño conjunto de conexiones altamente conectadas. Las neuronas *hub*, es decir, neuronas centrales mantienen una interconectividad densa entre sí a pesar de estar distribuidas espacialmente en las extremidades anterior y posterior del cuerpo del gusano. Estos hallazgos son indicativos de una organización tipo *rich club* biológicamente costosa del *conectoma* adulto de *C. elegans* en el que los elementos de alto grado forman un núcleo densamente centralizado. Curiosamente, las neuronas centrales que constituyen el *rich club* del *C. elegans* adulto se clasificaron previamente cómo interneuronas de comando con una importancia funcional conocida para la integración de la información, el movimiento coordinado y los comportamientos adaptativos del animal. Además, en *C. elegans*, se ha observado que éstas neuronas centrales aparecen cómo uno de los primeros elementos del sistema nervioso, lo que sugiere un papel central de la rica arquitectura del club en el desarrollo del sistema nervioso.

2.10. Percolación

La percolación es un proceso físico que ocurre en sistemas porosos donde un fluido se mueve a través de un medio poroso, cómo puede ser el movimiento del agua en el suelo o el aire en una esponja. La percolación también se utiliza en la física estadística para estudiar la conectividad en redes aleatorias.

En la física estadística, la percolación se utiliza para estudiar la conectividad en redes aleatorias. En éste caso, se estudia la probabilidad de que un nodo o vértice en una red aleatoria éste conectado con otro nodo en la misma red a través de una cadena de conexiones. Esto es importante en la teoría de redes y en la modelización de sistemas complejos, cómo la propagación de enfermedades en una población.

Un parámetro importante en la teoría de la percolación es la probabilidad crítica p_c , ésta describe la probabilidad mínima de ocupación de nodos o enlaces en una red que es necesaria para que se forme un componente gigante en el sistema.

El proceso de percolación puede imaginarse una cuadrícula cómo se muestra en la Figura (2.10.A). Si ésta red es lo suficientemente grande puede ignorarse los problemas de borde. Ahora una cierta fracción de cuadrados son llenados con un punto en el centro, mientras que los otros cuadrados se dejan vacíos cómo en la Figura (2.10.B). Se define un *cluster* cómo un grupo de plazas vecinas ocupadas por estos puntos; estos *clusters* son rodeados en la Figura (2.10.C). En la Figura (2.10.C) se puede observar que esas plazas son llamadas *los vecinos más cercanos* si tienen un lado del cuadrado en común pero no si solo se tocan en una esquina. Los físicos llaman a estos cuadrados ocupados que comparten un lado cómo *sitios vecinos más cercanos en la red cuadrada*, mientras que los cuadrados que solo se tocan en una esquina son llamados *próximo vecino más cercano*. Todos los sitios dentro de un *cluster* están conectados entre sí por una cadena ininterrumpida de enlaces de vecinos más cercanos desde un cuadrado ocupado hasta un cuadrado vecino también ocupado por un punto. La imágenes asociadas a la formación de los *clusters* (Figura 2.10.C) es la más apropiada para desarrollar teorías matemáticas asociada a la percolación. La teoría de la percolación lidia con el numero y las propiedades de estos *clusters*.

Los puntos están distribuidos dentro de los cuadrados de la Figura 2.10, se puede asumir que a esos puntos les gusta pegarse unos a otros, o que no les gusta estar juntos por lo que tratan de moverse de manera de estar lo más lejos posible. Pero la suposición más simple es la que los puntos se ignoran entre sí. Entonces la ocupación de los cuadrados a priori es aleatoria o *random*, esto es que cada cuadrado ésta ocupado o vacío independientemente del estado de ocupación de sus vecinos. Se puede llamar p a la probabilidad de que cada sitio éste ocupado por un punto; esto significa que si se tiene N cuadrados, y N es un número muy grande, entonces pN de esos cuadrados son ocupados, lo que significa que $(1 - p)N$ de esos cuadrados están desocupados. Éste es un caso de una percolación *random*, la que se verá aquí:

Cada sitio de una red muy grande es ocupado de manera aleatoria con una probabilidad p , independientemente de sus vecinos. La teoría de percolación lidia con los clusters formados,

en otras palabras con los grupos de sitios vecinos ocupados.

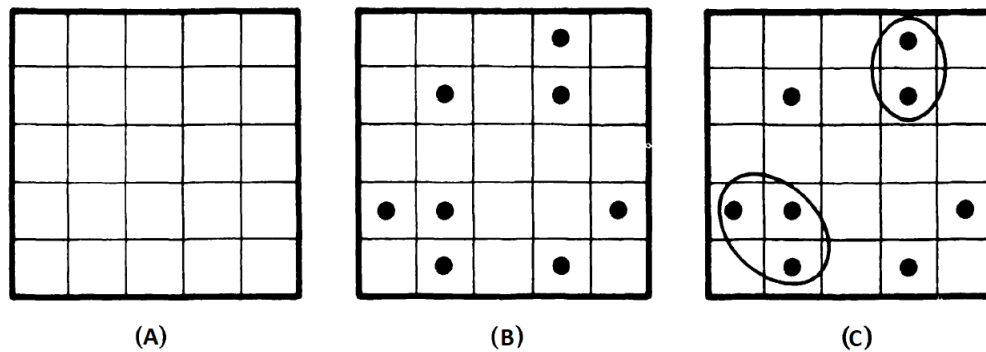


Figura 2.10: Definición de percolación y sus grupos: (A) muestra una parte de una red cuadrada, (B) algunos cuadrados de la red cuadrada son ocupados con ciertos puntos, (C) los grupos o *clusters*, es decir, grupos de cuadrados vecinos ocupados, están rodeados excepto cuando el grupo consta de un solo cuadrado [30].

La figura 2.11 muestra una muestra generada por computadora de una red rectangular por 60×50 , con una determinada probabilidad p incrementando desde 50% a 70%. Se observa que para $p \geq 0,6$ un *cluster* se extiende desde arriba hacia abajo y desde la izquierda hacia la derecha de la muestra; uno puede decir que éste *cluster* se filtra o “*percola*” a través del sistema cómo el agua se filtra a través de una maquina de café [30].

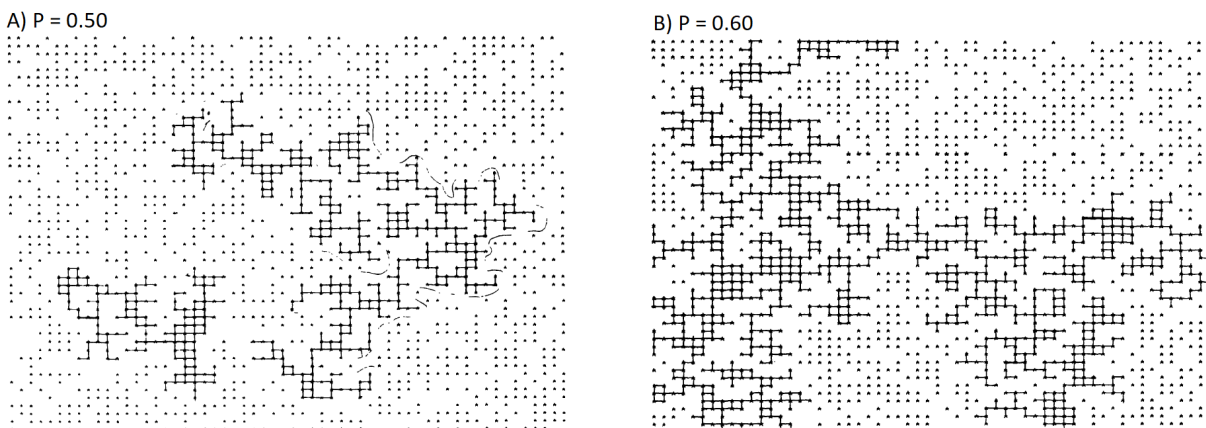


Figura 2.11: Ejemplo de percolación de una red cuadrada 60×50 , para distintos p cómo es indicado en cada gráfica. Los cuadrados ocupados están mostrados con *, los cuadrados vacíos son ignorados. Cerca del umbral de concentración $p_c = 0,5928$ se marca el grupo más grande y para un $p > p_c$ aparece un *cluster* gigante (S_1) [30].

2.10.1. Parámetro de orden

La percolación es un proceso aleatorio por lo tanto, diferentes redes de percolación contendrán diferentes *clusters* de diferentes tamaños y formas. Para poder discutir sobre sus

propiedades uno debe estudiar la estadística de los mismos. Esto es posible estudiando el número de *clusters* con s sitios por sitio de red. Luego la percolación es una transición de fase geométrica de un estado desconectado a un estado conectado. En el problema de percolación, se pueden definir distintos parámetros de orden para estudiar al sistema.

2.10.2. Parámetro de orden P_∞

En primera instancia se puede definir un parámetro de orden como la probabilidad S_1/N de que un nodo pertenezca al *cluster* “infinito”, donde N es el tamaño del sistema, S_1 es el tamaño del componente más grande. Su valor cambia de 0 a $p \leq p_c$ a un valor no nulo para $p > p_c$ (en el límite $N \rightarrow \infty$) como se ve en la Figura 2.12. En el umbral de percolación el parámetro de orden exhibe un comportamiento crítico en el límite $N \rightarrow \infty$ de la siguiente manera:

$$P_\infty = \lim_{N \rightarrow \infty} \frac{S_1}{N} = \begin{cases} 0 & \text{para } p < p_c \\ a(p - p_c)^\beta & \text{para } p \geq p_c \end{cases} \quad (2.26)$$

donde a es una constante, y β es el exponente crítico del parámetro de orden.

El valor β depende de la estructura de la red y del tipo de percolación que se está considerando. En general, se ha encontrado que el valor de beta es diferente para la percolación de enlaces y la percolación de nodos.

En la percolación de nodos, se considera una red aleatoria en la que cada nodo puede estar ocupado o desocupado con una cierta probabilidad. Se dice que dos nodos están conectados si hay un enlace que los une. A medida que se varía la probabilidad de ocupación de los nodos, se forma un componente gigante que abarca una fracción significativa de la red aleatoria.

En la percolación de enlaces, se considera una red aleatoria en la que cada enlace puede estar ocupado o desocupado con una cierta probabilidad. Se dice que dos nodos están conectados si hay un camino de enlaces ocupados que los une. A medida que se varía la probabilidad de ocupación de los enlaces, se forma un componente gigante que abarca una fracción significativa de la red aleatoria.

2.10.3. Tamaño promedio de los clusters $\langle s \rangle$

Una cantidad básica que describe la estructura del sistema es el número $N_s(p)$ de *clusters* de tamaño s en una red de tamaño N , o cómo habitualmente se usa, la distribución $n_s(p) = N_s(p)/N$ que es el número de *clusters* de tamaño s por cada nodo de la red, con la probabilidad de percolación p . La probabilidad de que cualquier nodo i pertenezca a un *cluster* de tamaño s simplemente viene dada por $sn_s(p)$, donde el nodo puede ser cualquiera de los elementos del *cluster* considerado. La probabilidad p de que un sitio sea ocupado se puede escribir como

la suma de estas probabilidades sobre todos los tamaños posibles. Si $p < p_c$, esto se formula así:

$$p = \sum_s sn_s(p) \quad (2.27)$$

Por encima de p_c , aparece un *cluster* gigante y cada nodo tiene una probabilidad finita $\overline{S}_1/N > 0$ de ser parte de él. En éste caso la probabilidad de que cualquier nodo ocupado pertenezca al *cluster* gigante o a uno más pequeño está dada por:

$$p = P_\infty + \sum'_s sn_s(p) \quad (2.28)$$

donde \sum'_s indica que el *cluster* gigante está excluido de la suma. La función $n_s(p)$ también permite escribir la probabilidad condicional w_s de que un nodo ocupado pertenezca a un *cluster* de tamaño s cómo

$$w_s = \frac{sn_s(p)}{\sum'_s sn_s(p)} \quad (2.29)$$

donde el *cluster* gigante ha sido excluido para evitar divergencias. Por lo tanto, el tamaño medio $\langle s \rangle$ de los *clusters* al que pertenece cualquier nodo ocupado está dado por:

$$\begin{aligned} \langle s \rangle &= \sum'_s w_s s \\ \langle s \rangle &= \sum'_s \frac{s^2 n_s(p)}{\sum'_z z n_z(p)} \end{aligned} \quad (2.30)$$

donde nuevamente la divergencia debida a los *clusters* gigantes no se toma en cuenta al considerar las sumas \sum'_s . Para $p < p_c$, el tamaño promedio de los *clusters* $\langle s \rangle$ es finito.

Al aumentar el valor de p , el tamaño promedio también aumenta. En p_c , la aparición del *cluster* gigante corresponde a la divergencia del tamaño promedio. Entonces resulta que $\langle s \rangle$ es una función singular en p_c . También la longitud de correlación ξ , que se define cómo la distancia media entre dos sitios en el mismo *cluster* finito, diverge, cómo se ve en la figura 2.12.

2.11. Teoría de escala

Se ha visto que el comportamiento del proceso de percolación depende de en cuál régimen estemos. En el régimen subcrítico $p < p_c$ todos los *clusters* son finitos y la distribución del tamaño de los *clusters* tiene una cola que decae exponencialmente. En el régimen supercrítico $p > p_c$, donde existe un *cluster* gigante con probabilidad 1, la distribución tiene una cola que decae más lentamente que una exponencial. Sin embargo, cerca del punto crítico $p \approx p_c$, muchas cantidades se anulan o divergen exhibiendo un escaleo de tipo ley de potencia. Existen diferentes exponentes críticos que caracterizan ésta escala para distintas cantidades. Estos

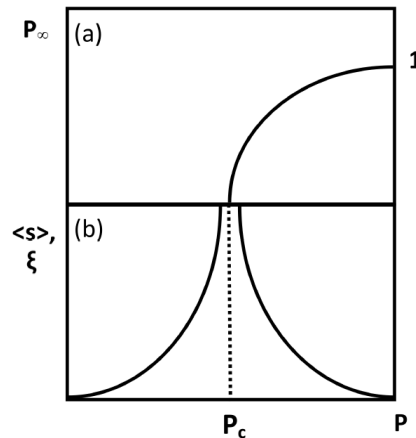


Figura 2.12: (a) Diagrama esquemático de la probabilidad P_∞ de que un nodo pertenezca al *cluster* gigante en función de la probabilidad de ocupación p . Para $p < p_c$, P_∞ es igual a cero, mientras que toma valores estrictamente positivos para $p > p_c$. (b) Evolución del tamaño promedio de los *clusters* finitos y la longitud de correlación cerca de la transición. Cómo se ve en el diagrama, en el umbral crítico p_c aparece el componente gigante, hay *clusters* de todo tamaño y la longitud de correlación diverge.

exponentes no son independientes entre sí, pero pueden asociarse mediante las llamadas relaciones de escala. La teoría de escala ha hecho predicciones notables sobre el comportamiento del problema de percolación cerca y en el punto crítico. A continuación explicamos cómo se relacionan los exponentes críticos cerca de p_c .

El tamaño lineal de los *clusters* pequeños, por debajo y por encima de p_c , queda caracterizado por la longitud de correlación ξ . Cuando p se acerca a p_c , ξ aumenta según

$$\xi \approx |p - p_c|^{-\nu} \tag{2.31}$$

con el mismo exponente ν por debajo y por encima del valor umbral.

Se puede postular para una percolación d -dimensional lo siguiente,

$$\lim_{s \rightarrow \infty} n_s(p) \propto s(p)^{-\tau} e^{-c(p)s(p)} \tag{2.32}$$

Ésta ley es válida para grandes valores de s . Aquí se asume que el valor τ es constante. Además, cerca del límite $p \rightarrow p_c$,

$$\lim_{p \rightarrow p_c} c(p) \propto |p - p_c|^{1/\sigma} \tag{2.33}$$

donde el factor de probabilidad s y el parámetro c dependen de p . Aquí el parámetro σ también es una constante.

Luego si se define al parámetro $v_s(p)$ cómo,

$$v_s(p) = \frac{n_s(p)}{n_s(p_c)} \quad (2.34)$$

sabiendo que el comportamiento de $n_s(p_c)$ para grandes valores de s es,

$$\lim_{s \rightarrow \infty} n_s(p_c) = s(p)^{-\tau} \quad (2.35)$$

por lo que la ecuación(2.34) termina siendo:

$$\lim_{s \rightarrow \infty} v_s(p) \propto e^{-c(p)s(p)} \quad (2.36)$$

La ecuación(2.36) es una función que si bien no es estrictamente correcta, ésta permite hacer ciertos cálculos de una manera más sencilla.

Cerca de p_c , la probabilidad de que un nodo éste en el *cluster* gigante S_1/N puede estimarse reemplazando p_c en

$$p = \sum_s s n_s(p_c)$$

ya que si $p = p_c \rightarrow P(p_c)_\infty = 0$.

Teniendo en cuenta la ecuación (2.28) el sistema de ecuaciones queda descrito por:

$$\begin{cases} p = P_\infty + \sum'_s s n_s(p) \\ p = \sum'_s s n_s(p_c) \end{cases} \quad (2.37)$$

Entonces, reescribiendo la ecuación(2.28) para $p = p_c$ se tiene que,

$$P_\infty = \sum'_s s [n_s(p_c) - n_s(p)] + O(p - p_c)$$

entonces por las ecuaciones (2.32) y (2.35)

$$P_\infty \propto \sum'_s s^{1-\tau} [1 - e^{-cs}] \quad (2.38)$$

Teniendo en cuenta que para que la suma sea una convergente es necesario que $\tau > 2$. Entonces, si p se acerca a p_c , el factor c en la exponencial será más pequeño, y solamente valores grandes de s en el orden de $s \approx 1/c$ darán una contribución significativa a la suma. Es posible además reemplazar la suma por una integral si uno esta interesado solamente en entender el comportamiento cerca del umbral p_c , esto es,

$$P_\infty \propto \int s^{1-\tau} [1 - e^{-cs}] ds \quad (2.39)$$

Luego si se integra por partes usando,

$$\int f'g ds = - \int fg' ds + (fg)$$

con

$$f(s) = s^{2-\tau} \quad g(s) = 1 - e^{-cs}$$

y si se tiene que $z = cs$:

$$P_\infty \propto c \int s^{2-\tau} e^{-cs} ds = c^{\tau-2} \int z^{2-\tau} e^{-z} dz$$

Cabe recalcar que ésta integral esta definida desde 0 hacia ∞ , el termino fg para la integración por parte tiende a anularse ya que $\tau > 3$. La integral sobre z es conocida cómo *función gamma* $\Gamma(3 - \tau)$ y está tabulada. Para algunas aplicaciones es beneficioso recordar que $\Gamma(x + 1) = x\Gamma(x)$ y que $\Gamma(1) = 1$, pero en éste caso la integral es fácilmente resoluble debido a que τ es una constante, de modo que,

$$P_\infty \propto c^{\tau-2} \propto (p - p_c)^{(\tau-2)/\sigma} = (p - p_c)^\beta \quad (2.40)$$

donde se define a β cómo,

$$\beta = \frac{\tau - 2}{\sigma} \quad (2.41)$$

El exponente β sirve para describir cómo P_∞ tiende a cero cuando p tiende a p_c .

Por otro lado, se puede calcular el tamaño medio del *cluster* $\langle s \rangle$ que diverge en el umbral de percolación p_c . Así cómo muestra la ecuación (2.28), se tiene que $S \propto \sum s^2 n_s$ ya que el denominador de la ecuación (2.30) sigue siendo finita en la ecuación (2.28). El mismo conjunto de técnicas pueden que se usó anteriormente puede volverse a utilizar para calcular P_∞ ,

$$\begin{aligned} \langle s \rangle &= \sum_s \frac{s^2 n_s}{p_c} \propto \int s^2 n_s ds \\ &\propto \int s^{2-\tau} e^{-cs} ds \\ &\propto c^{\tau-3} \int z^{2-\tau} e^{-z} ds \end{aligned}$$

Entonces finalmente si uno quiere ver que sucede cerca de p_c , nuevamente puede reemplazar $z = cs$, lo que hace que llegue a $\Gamma(3 - \tau)$, entonces:

$$\begin{aligned} \langle s \rangle &\propto c^{\tau-3} \\ &\propto |p - p_c|^{(\tau-3)/\sigma} \\ &\propto |p - p_c|^{-\gamma} \end{aligned}$$

con

$$\gamma = \frac{3 - \tau}{\sigma} \quad (2.42)$$

esto da el exponente crítico para el valor medio $\langle s \rangle$, sabiendo que $\gamma > 0$ ya que $2 < \tau < 3$.

Por lo tanto, si se reagrupa las ecuaciones (2.40), (2.41), (2.11) y (2.42)

$$P_\infty \propto (p - p_c)^\beta \quad \text{con} \quad \beta = \frac{\tau - 2}{\sigma}$$

$$\langle s \rangle \propto |p - p_c|^{-\gamma} \quad \text{con} \quad \gamma = \frac{3 - \tau}{\sigma}$$

Los exponentes β y γ describen el comportamiento crítico de cantidades típicas asociadas a la transición de percolación, y se denominan exponentes críticos. Además, al igual que los fenómenos críticos en equilibrio, la percolación muestra la universalidad del comportamiento crítico y de los exponentes. Esta propiedad de universalidad es una característica general de las transiciones de fase, donde el parámetro de orden desaparece continuamente en el punto crítico (transición de fase de segundo orden). Entonces, el comportamiento de tipo ley de potencia y las funciones singulares encontradas en el umbral de percolación son un ejemplo típico de transición de fase crítica, donde el inicio de una fase macroscópicamente ordenada (por ejemplo, la presencia de una estructura global conexa) se anticipa por grandes fluctuaciones en las propiedades estadísticas del sistema [31]. En el punto crítico, cuando estas fluctuaciones llegan al orden del tamaño del sistema, el orden macroscópico aumenta y el sistema entra en una nueva fase.

Los valores exactos de los exponentes críticos no dependen de los detalles del modelo de percolación. En general, solo dependen de la dimensión del sistema d y de las simetrías del parámetro de orden. Por lo tanto, aunque el valor exacto de p_c depende de la geometría de la red, los exponentes críticos son independientes de ella [32]. Tampoco depende del tipo de percolación (de *bonds* o de sitios).

Los exponentes β y γ no son los únicos exponentes críticos que caracterizan la transición de percolación. Por ejemplo, la distribución del tamaño de los *clusters* de percolación, está descrita por otros exponentes τ y σ . Sin embargo, existen relaciones entre ellos (cómo veremos más adelante) de manera que conociendo sólo dos se puede obtener el resto [33].

2.12. Exponentes críticos

La teoría de la percolación ha sido ampliamente validada para diferentes clases de redes, a través tanto de estudios analíticos [33, 34] cómo de simulaciones computacionales [35, 36]. En la Tabla ??, se enumeran los valores de los exponentes críticos, β , γ , σ y τ para la percolación en diferentes dimensiones y también con diferentes topologías para la red.

Exponente	1D	2D	3D	4D	5D	RED ER	RED LE
β	0	5/36	0.41	0.64	0.84	1	$1/(\lambda - 3)$
γ	1	43/18	1.80	1.44	1.18	1	1
σ	1	36/91	0.45	0.48	0.49	1/2	$(\lambda - 3)/(\lambda - 2)$
τ	2	187/91	2.18	2.31	2.41	5/2	$(2\lambda - 3)/(\lambda - 2)$
$D(p = p_c)$	1	91/48	2.53	3.06	3.54	4	$2(\lambda - 2)/(\lambda - 3)$

Cuadro 1: Los exponentes críticos de la teoría de percolación para distintas dimensiones $D = 1, 2, 3, 4, 5$, la red aleatoria (Erdős y Rényi Network, “ER”) y la red libre de escala (LE) [34, 35, 37].

2.13. Escaleo de tamaño finito (Finite-Size Scaling, FSS)

Las definiciones de la sección anterior son aplicables a sistemas de tamaño infinito; desafortunadamente es imposible simular un sistema de tamaño infinito para determinar p_c , β y γ . Para estimar con precisión estos valores uno debe investigar su escaleo con el tamaño del sistema L [38]. Si se considera el problema de percolación para $p \neq p_c$ en que la longitud de correlación es finita,

$$\xi \propto |p - p_c|^{-\nu} \implies |p - p_c| \propto \xi^{-\frac{1}{\nu}}$$

El tamaño del *cluster* gigante para $p > p_c$ se puede expresar en términos de la longitud de correlación finita

$$P_\infty \propto (p - p_c)^\beta \propto \xi^{-\frac{\beta}{\nu}}$$

y de manera similar para el tamaño promedio de los clusters se tiene

$$\langle s \rangle \propto |p - p_c|^{-\gamma} \propto \xi^{\frac{\gamma}{\nu}}$$

Estos resultados corresponden a redes infinitas.

Para redes de tamaño finito nada sucede mientras $L \gg \xi$. La única escala de longitud relevante es la longitud de correlación ξ . Sin embargo, cuando $L \ll \infty$, L da una escala de longitud. Esto ya se ha encontrado antes:

$$P_\infty(L, \xi) = \rho(L, \xi) = \frac{M(L, \xi)}{L^d}$$

donde $M(L, \xi)$ es la masa del *cluster* de percolación.

Entonces teniendo en cuenta las ecuaciones ?? y ?? se tiene que

$$P_\infty(L, \xi) = \begin{cases} L^{D-d} & L \ll \xi \\ \xi^{D-d} & L \gg \xi \end{cases}$$

$$P_{\infty}(L, \xi) = \begin{cases} L^{-\frac{\beta}{\nu}} & L \ll \xi \\ \xi^{-\frac{\beta}{\nu}} & L \gg \xi \end{cases}$$

$$P_{\infty}(L, \xi) = \xi^{-\frac{\beta}{\nu}} f\left(\frac{L}{\xi}\right) \quad (2.43)$$

con

$$f\left(\frac{L}{\xi}\right) = \begin{cases} \left(\frac{L}{\xi}\right)^{-\frac{\beta}{\nu}} & \frac{L}{\xi} \ll 1 \\ \text{constante} & \frac{L}{\xi} \gg 1 \end{cases} \quad (2.44)$$

De manera similar, el tamaño promedio de los *clusters* resulta

$$\langle s(L, \xi) \rangle \propto \begin{cases} L^{\frac{\gamma}{\nu}} & L \ll \xi \\ \xi^{\frac{\gamma}{\nu}} & L \gg \xi \end{cases} \quad (2.45)$$

Luego una de las cantidades que calculó en el tema de percolación es el tamaño del segundo mayor *cluster* S_2 .

El parámetro S_2 se define cómo la probabilidad de que un nodo pertenezca al segundo *cluster* mayor. Su valor para $p < p_c$ es finito. Al aumentar p , S_2 también aumenta alcanzando un valor máximo en $p = p_c$, y luego disminuye hasta un valor finito para $p > p_c$. En el umbral de percolación S_2 crece con el tamaño del sistema. Entonces, resulta que S_2 es una función singular en p_c , y puede escribirse de la siguiente manera:

$$\max(S_2) = N^{d_f/d} \quad (2.46)$$

2.14. Mapas logísticos

El mapa logístico es una función matemática utilizada para modelar sistemas dinámicos complejos y caóticos a partir de ecuaciones dinámicas no lineales muy simples. El mapa fue popularizado en un artículo de 1976 por el biólogo Robert May [4] en parte cómo un modelo demográfico de tiempo discreto análogo a la ecuación logística escrita por Pierre François Verhulst [5]. Matemáticamente, el mapa logístico se escribe,

$$x_{n+1} = rx_n(1 - x_n) \quad (2.47)$$

donde x_n es un número comprendido entre $[0,1]$, que representa la relación entre la población existente y la población máxima posible. Ésta ecuación de diferencia no lineal pretende observar dos efectos:

- *Reproducción*, donde la población aumentará a un ritmo proporcional a la población actual cuando el tamaño de la población es pequeño.

- *Inanición*, (mortalidad dependiente de la densidad), donde la tasa de crecimiento disminuirá a una tasa proporcional al valor obtenido al tomar la ‘capacidad de carga’ teórica del medio ambiente menos la población actual.

Los valores habituales de interés para el parámetro r son del intervalo $[0,4]$, por lo que x_n permanece acotado en el $[0,1]$. El caso $r = 4$ del mapa logístico es una transformación no lineal tanto del mapa de desplazamiento de bits cómo el caso $\mu = 2$ del mapa logístico. Si $r > 4$, esto conduce a tamaños de población negativos. También se pueden considerar valores en r en el intervalo $[-2,0]$, de modo que x_n permanece acotado $[-0.5, 1.5]$.

2.14.1. El caos y el mapa logístico

La relativa simplicidad del mapa logístico lo convierte en un punto de entrada ampliamente utilizado para considerar el concepto de caos. Una descripción aproximada del caos es que los sistemas caóticos muestran una gran sensibilidad a las condiciones iniciales, es decir, es una propiedad del mapa logístico para la mayoría de los valores de r entre aproximadamente 3.57 y 4. Una fuente común de tal sensibilidad a las condiciones iniciales es que el mapa representa un plegado y estiramiento repetido del espacio en el que se define. En el caso del mapa logístico, la ecuación de diferencia cuadrática que lo describe puede considerarse cómo una operación de estiramiento y el plegado en el intervalo $[0,1]$ [41].

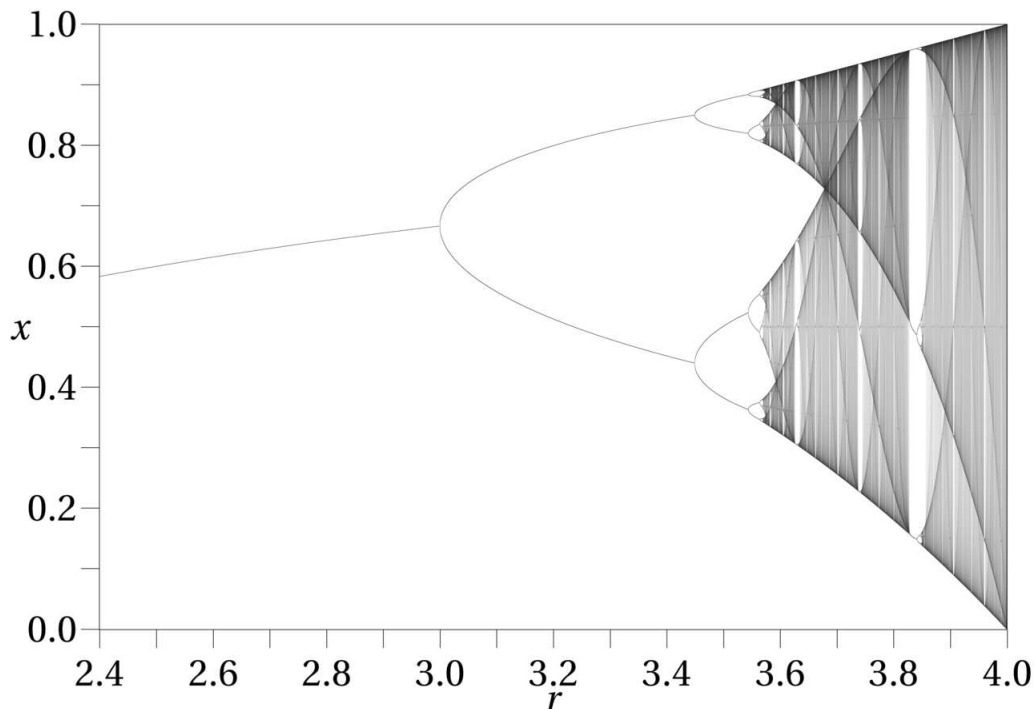


Figura 2.13: Diagrama de bifurcación del mapa logístico $x_{n+1} = rx_n(1 - x_n)$.

Una forma de observar la existencia del caos en un determinado mapa logístico dependiendo de las condiciones iniciales es ver el comportamiento del diagrama de bifurcación. En la Figura 2.13 se muestra el diagrama de bifurcación asociado al mapa logístico 2.47 donde el eje

horizontal muestra los posibles valores del parámetro r mientras que el eje vertical muestra el conjunto de valores de x visitados asintóticamente desde casi todas las condiciones iniciales por las iteraciones de la ecuación logística con ese valor de r .

2.15. El caos y la sincronización

Muchos sistemas no lineales deterministas muestran, además de soluciones de punto fijo y ciclos límite, conjuntos invariantes más complejos que actúan como atractores de su dinámica. Entre ellos encontramos atractores caóticos. La dinámica caótica es impredecible a largo plazo. Las pequeñas diferencias en las condiciones iniciales aumentan exponencialmente a medida que pasa el tiempo. Ésta firma cualitativa de la dinámica caótica se conoce como sensibilidad a las condiciones iniciales. Sin embargo, los sistemas caóticos se pueden sincronizar a pesar de su dinámica aparentemente irregular. Cuando se acoplan conjuntos de osciladores caóticos, el efecto atractivo del acoplamiento hace que las trayectorias individuales se acerquen. Si la fuerza de acoplamiento es lo suficientemente grande, puede contrarrestar la tendencia de las trayectorias a separarse debido a la dinámica caótica. Como resultado, es posible alcanzar la sincronización completa también en sistemas caóticos. Los primeros estudios sobre la sincronización del caos fueron puramente teóricos. Sin embargo, más tarde se demostró que tal comportamiento sincrónico también podría lograrse en sistemas experimentales. Desde entonces, intensas investigaciones de diferentes sistemas han conducido a una imagen coherente de la sincronización del caos. El mayor número de variables disponibles también ha permitido el análisis de muchos esquemas de acoplamiento diferentes y se han identificado nuevas formas de sincronización [42].

3. Modelo de red utilizando mapas logísticos acoplados. Sincronización en redes adaptativas.

De todos los modelos que uno puede escoger se escogió el trabajo de Gong y Van Leeuwen [2], en éste se investigó la relación entre la actividad caótica de los estados de ciertos nodos y la evolución de una estructura de una red compleja. La motivación de su trabajo fue explorar cómo una red de nodos con dinámica caótica puede evolucionar hacia una estructura de mundo pequeño a través de un recableado adaptativo.

Para estudiar la relación entre la estructura de red y la dinámica de los nodos, Gong y Van Leeuwen [2] trabajaron con un modelo de red adaptativa propuesto por Kaneko [43, 44]. Para esto se usaron mapas logísticos acoplados, siendo éste de la forma:

$$x(t+1) = f(x(t)) = 1 - a[x(t)]^2 \quad (3.1)$$

La variable $x(t+1)$ toma valores comprendidos entre $(-1,1)$, y el parámetro $a \in [0, 2]$ determina el tipo de comportamiento del sistema. Para un valor pequeño de a , solamente pueden encontrarse soluciones de punto fijo. En $a = 1$ el punto fijo se convierte en un punto inestable y es reemplazado por la dinámica de período 2, es decir que los valores posibles x_n oscilan entre estos dos valores, luego en $a = 1.3$ la dinámica del sistema es de período 4, y finalmente para valores de $a = 1.7$ la dinámica del sistema se vuelva totalmente caótica. Es en éste tipo de dinámica en la que se quiere trabajar en éste caso. Entonces, en éste trabajo se usó $a = 1.7$ para estar en un régimen caótico y esto puede observarse en la Figura 3.1 que se presenta a continuación [42].

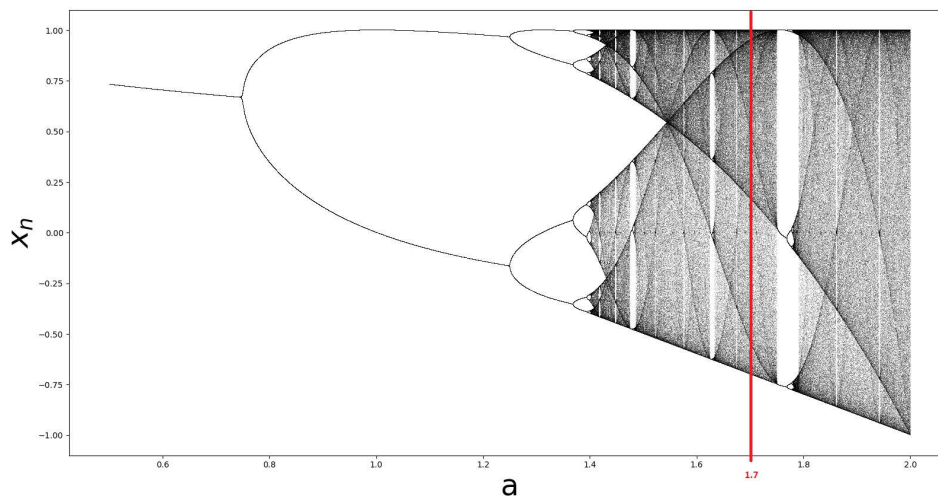


Figura 3.1: Diagrama de bifurcación del mapa logístico $f(x) = 1 - ax^2$. La línea roja indica el parámetro usado en éste trabajo para estar en un régimen caótico.

Para replicar los resultados de Gong y Van Leeuwen se genera una red *random*, no direccionada con N nodos y L_c enlaces en total. Se necesita que la suma total de todas las conexiones de todas las unidades del sistema sea $L_c \approx 5200$ y el numero total de las unidades $N = 300$, esto para asegurar que,

$$L_c \gg \frac{N}{2} \ln(N) \quad (3.2)$$

ya que con esto la red aleatoria resultante está completamente conectada. Luego cada nodo i de la red *random* esta asociado a un estado o actividad $x_i \in (-1, 1)$ con $0 \leq i \leq N - 1$ siendo estos estados escogidos de manera aleatoria.

Se consideró el siguiente modelo de red utilizando mapas logísticos acoplados de la forma,

$$x_{n+1}^i = (1 - \varepsilon)f(x_n^i) + \frac{\varepsilon}{M_i} \sum_{j \in B(i)} f(x_n^j) \quad (3.3)$$

donde x_n^i es la actividad de la i -ésima unidad (nuevamente con $x_n^i \in (-1, 1)$) en el n -ésimo tiempo de paso. M_i y $B(i)$ son los números y el conjunto de vecinos de la unidad i , respectivamente. El parámetro ε es la fuerza de acoplamiento. En el n -ésimo tiempo de paso, la coherencia entre la unidad i y j , $d_{ij}(n)$, es definida como,

$$d_{ij}(n) = |x_n^i - x_n^j| \quad (3.4)$$

La red se vuelve a conectar de forma adaptativa de acuerdo con la coherencia dinámica (distancia entre dos estados d_{ij}) entre sus unidades. La red al evolucionar gracias al recableado adaptativo utilizando los mapas lógicos acoplados pasa de tener un comportamiento aleatorio y evoluciona a una estructura de mundo pequeño o *small world* [1].

Se observaron la presencia de dos fases. Una fase donde el acoplamiento entre las unidades dinámicas es muy débil y la red permanece con estructura aleatoria. Para valores grandes del acoplamiento se produce una transición de fase, donde la red evoluciona hacia una red de mundo pequeño.

A continuación se explicará el proceso de *rewiring* del sistema para obtener las dos posibles fases del sistema. Siendo el *rewiring* o recableado adaptativo el redireccionamiento de los enlaces del sistema gracias a la activación caótica del modelo mencionado.

Se le asocia al parámetro T a uno de los posibles valores en el tiempo de paso que se le da a mapa lógico acoplado e *iteraciones* a otro valor posible asociado al intervalo de tiempo discreto relacionado al *rewiring* o recableado de cada nodo o unidad debido al criterio mencionado anteriormente.

Empezando por la estructura aleatoria inicial, se aplicará el siguiente algoritmo:

1. Escoger un valor aleatorio para la actividad o estado de un nodo entre los valores $(-1, 1)$, esto para todos los nodos del sistema.

2. Cálculo el estado del sistema de acuerdo a la ecuación (3.3), y descartar un tiempo transitorio inicial T .
3. Entonces una unidad o nodo i es escogido de manera aleatoria y se calculará el valor de $d_{ij}(T + 1)$ con todas las unidades de la red. Se obtiene un nodo $j = j_1$, para el cual el valor $d_{i,j_1}(T + 1)$ es el mínimo entre todos los nodos. Además, se obtiene un nodo $j = j_2$ para el cual $d_{i,j_2}(T + 1)$ es el máximo entre los vecinos de i .
4. Si la unidad j_1 es uno de los vecinos del nodo i , entonces no se harán cambios en la conexión. Ahora si lo anterior no sucede, la conexión entre las unidades i y j_2 es reemplazada por la conexión entre los nodos i y j_1 .
5. Luego volver al inicio y repetir.

4. Resultados en el modelo de red adaptativa de Gong y Van Leeuwen

En primera instancia se replicó uno de los resultados de Gong y Van Leeuwen, en particular, la evolución temporal del coeficiente de agrupamiento medio o simplemente *clustering* en función del tiempo discreto. El *clustering* se calcula cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo recableado adaptativo. Los parámetros son $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6\}$, $T = 200, 400, 800$, *iteraciones* = 10^5 (o tiempo), $a = 1.7$, $\delta = 0.1$ y $\langle k \rangle = 18$ (o cómo se comentó en la introducción teórica, que la cantidad de conexiones totales del sistema sea $L_c \approx 5200$).

En todos los casos de éste trabajo se utilizó una red constante de $N = 300$ nodos, por lo que se evitó repetir éste dato.

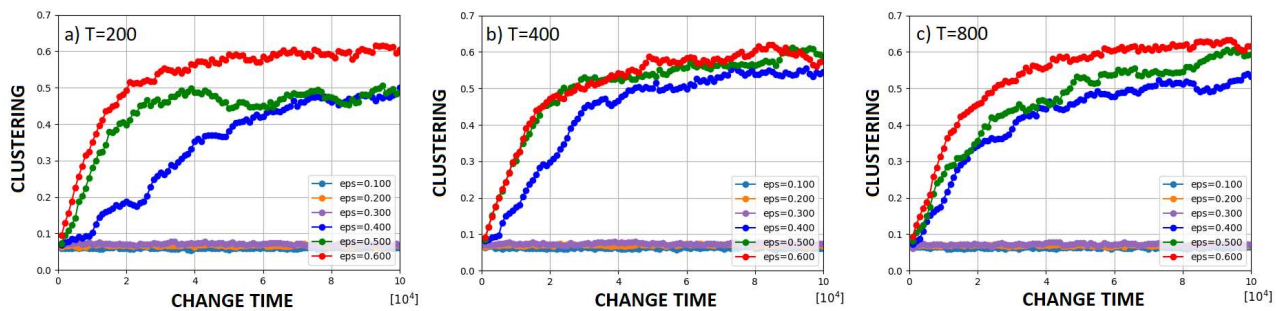


Figura 4.1: *Clustering* en función de las iteraciones calculándose cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo cableado adaptativo con $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$, $a = 1.7$ para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6\}$. a) Para $T=200$, b) para $T=400$ y c) para $T=800$.

Cómo puede observarse en la Figura 4.1, se calculó la evolución temporal del *clustering* del sistema para distintos valores del parámetro T dando cómo resultado una razón de cambio en el crecimiento del *clustering* para valores de $\varepsilon \leq 0.6$. También al variar T cambia considerablemente la velocidad de computo del programa, esto es, cada vez que aumenta T más lenta es la velocidad de computo.

En la Figura 4.2 puede observarse cómo cambia levemente el valor de ε para el cual hay un salto en los valores de *clustering* para distintos valores del parámetro T , además de una variación en la razón de cambio del *clustering* en función del tiempo. Cabe aclarar que ésta figura fue realizada con el promedio de los últimos 50 valores del *clustering* para cada valor de ε y T correspondiente.

Debido a lo anteriormente mencionado se consideró la opción de trabajar con un parámetro $T < 6000$ debido a los recursos computacionales que se tenían al momento de realizar éste trabajo. Entonces para seguir con un valor de $T < 6000$ se debe comparar los resultados con el nuevo parámetro T para poder afirmar que los resultados obtenidos sean consistentes con los resultados obtenidos por Gong y Van Leeuwen.

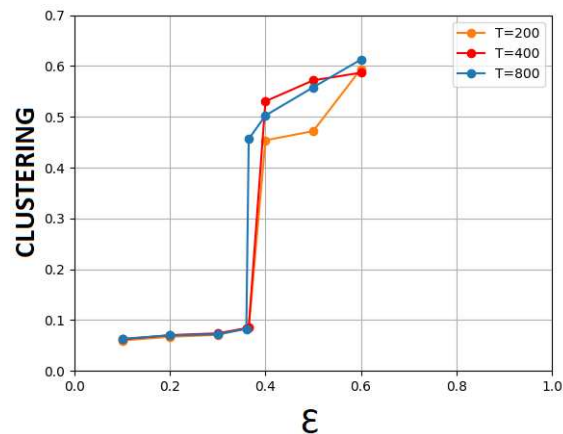


Figura 4.2: *Clustering* en función del parámetro de acoplamiento $\epsilon = \{0.100, 0.200, 0.300, 0.360, 0.365, 0.400, 0.500, 0.600\}$ y para distintos valores de $T = 200, 400, 800$, además con $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$ y $a = 1.7$.

4.1. Comparativa con el trabajo de Gong y Van Leeuwen

Teniendo en cuenta la diferencia entre el parámetro T usado en el trabajo de Gong y Van Leeuwen y éste, se comparó la evolución del *clustering* del sistema para ambos valores de $T = 800, 6000$. Dicha comparación puede apreciarse en la Figura 4.3. También se le recuerda al lector que los parámetros usados en esta subsección son $a = 1.7$ y $\langle k \rangle = 18$ ($L_c \approx 5200$).

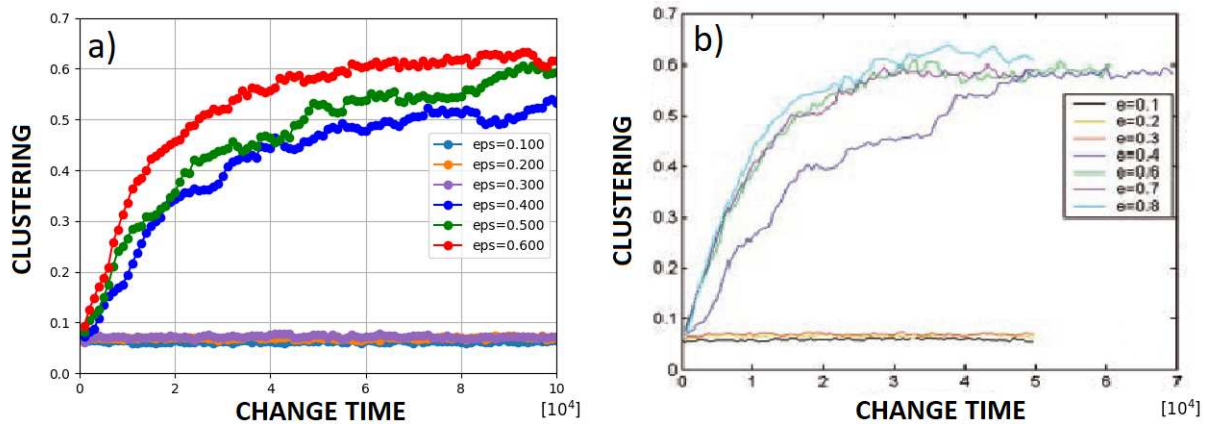


Figura 4.3: a) *Clustering* en función de las iteraciones calculándose cada vez que se cambia una conexión como resultado de un nuevo cableado adaptativo con $T = 800$, $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$ y $a = 1.7$. b) *Clustering* en función de las iteraciones calculándose cada vez que se cambia una conexión como resultado de un nuevo cableado adaptativo con $T = 6000$, $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$ y $a = 1.7$. Imagen tomada del trabajo de Gong y Van Leeuwen [2].

En la Figura 4.3 puede apreciarse que el comportamiento de la red para valores de $\epsilon \leq 0.3$ para ambos valores de T es de una red aleatoria y para valores de $\epsilon \geq 0.4$ el comportamiento

de la red es de una red de *small world* tal y cómo se concluyó en el trabajo en el cual se basó ésta investigación. En particular, para valores del factor de acople comprendidos entre $0.3 < \varepsilon < 0.4$ puede apreciarse una transición de fase en función de ε .

Estos datos arrojaron nuevamente una clara transición de fase para valores comprendidos entre $0.3 < \varepsilon < 0.4$.

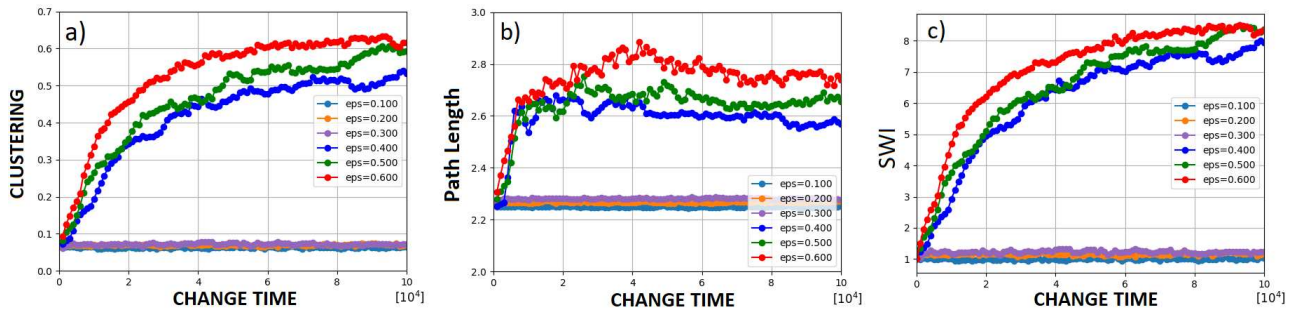


Figura 4.4: a) *clustering*, b) *path length* y c) *small world index* en función de las iteraciones calculándose cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo cableado adaptativo con $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$, $a = 1.7$ para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6\}$.

Si se observa la Figura 4.4 se pueden determinar los siguientes resultados sobre los parámetros calculados en ésta sección.

Respecto al *clustering*, es decir, el coeficiente de agrupamiento global que esta relacionado con la probabilidad de que los vecinos de un nodo también están conectados entre sí, éste ha mostrado tener valores bajos para factores de acople $\varepsilon \leq 0.3$, es decir que para estos valores hay pocos vecinos de un determinado nodo que también estén conectados entre sí. A su vez, esto esta asociado a un comportamiento de una red *random* y por el contrario, para valores de $\varepsilon \geq 0.4$ el *clustering* tiene un comportamiento de red *small world*, es decir, que se forman pequeñas comunidades si uno deja iterar el sistema en un tiempo suficiente largo.

Luego, si se observa el *path length*, esto es, la media más baja de las distancias entre todos los pares de nodos puede decirse al igual que el *clustering* que a partir de $\varepsilon \geq 0.4$ hay un aumento relativo de éste parámetro, esto es, que al formarse algunos clusters, (teniendo en cuenta que el sistema tiene una cantidad fijas de enlaces) si uno quiere recorrer todo el sistema esta obligado a pasar por una mayor cantidad de nodos en promedio para llegar a otro debido a la creación de estas comunidades. Además cómo éste cambio es relativo, el tamaño del *path length* sigue siendo considerablemente pequeño para $\varepsilon \geq 0.4$ cómo es esperado para una red *small world*.

Por último, respecto al *small world index* (SWI), puede observarse cómo incrementa el valor de éste parámetro a partir de que el factor de acoplamiento es $\varepsilon \geq 0.4$, es decir, que a partir de éste valor si se deja iterar un tiempo lo suficientemente largo, el sistema tendrá un comportamiento tipo *small world*. Pero por debajo de $\varepsilon \leq 0.3$ por más que se deje iterar el

sistema, el factor de acople no es lo suficientemente grande para hacer que en la red se armen pequeñas comunidades, por lo que el comportamiento es de una red *random*.

Además se calcularon los valores medios y desviaciones estándar de los tres parámetros mostrados en ésta sección. Estos valores medios se calcularon a partir de las 70000 iteraciones hasta las 100000 finales. Los promedios junto a sus desviaciones estándar fueron calculados en dos conjuntos para valores de $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}$, $\{0.4, 0.5, 0.6\}$ para tener un promedio de las dos distintas fases.

ε	Media (<i>clustering</i>)	STD (<i>clustering</i>)
0.1 - 0.3	0.068	0.002
0.4 - 0.6	0.568	0.015

Cuadro 2: Promedio y desviación estándar (STD) del *clustering* para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}$, $\{0.4, 0.5, 0.6\}$.

ε	Media (<i>path length</i>)	STD (<i>path length</i>)
0.1 - 0.3	2.266	0.002
0.4 - 0.6	2.660	0.016

Cuadro 3: Promedio y desviación estándar (STD) del *path length* para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}$, $\{0.4, 0.5, 0.6\}$.

ε	Media (<i>SWI</i>)	STD (<i>SWI</i>)
0.1 - 0.3	1.130	0.030
0.4 - 0.6	7.990	0.180

Cuadro 4: Promedio y desviación estándar (STD) del *small world index* (SWI) para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}$, $\{0.4, 0.5, 0.6\}$.

Respecto al valor de la media del *clustering* para cuando se esta en una red tipo *small world* que es 0.568, si uno compara éste valor con el de Gong y Van Leeuwen los valores son del mismo orden, ellos obtuvieron cómo resultado un valor aproximado de 0.584.

Luego, la Figura 4.5 puede ayudar a la observación de la aparición de pequeñas comunidades es el S_{cant} , esto es, la cantidad de elementos por clusters a lo largo de todas las 100000 iteraciones para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

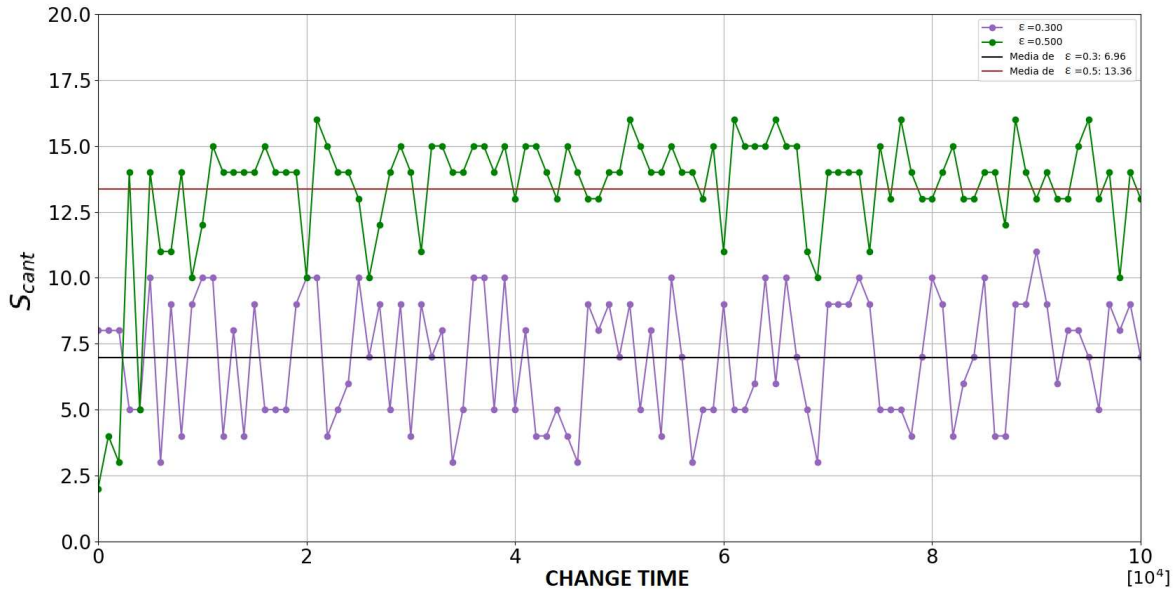


Figura 4.5: Cantidad de *clusters* formados a lo largo de toda la evolución del sistema para $\varepsilon = 0.3, 0.5$ con $T = 800$ con $\delta = 0.1, \langle k \rangle = 18, a = 1.7$.

ε	Media (S_{cant})	STD (S_{cant})
0.3	6.96	2.29
0.5	13.36	2.47

Cuadro 5: Promedio y desviación estándar de S_{cant} a lo largo de las 100000 iteraciones para $\varepsilon = 0.3, 0.5$ con $\delta = 0.1, \langle k \rangle = 18, a = 1.7$.

4.1.1. Otros parámetros para caracterizar el sistema

Para estudiar el tipo de transición de fase del sistema, se propusieron distintos tipos de parámetros, tales como, $\langle S \rangle$ el valor medio del tamaño de los clusters, S_{cant} la cantidad de clusters formados por iteración, S_1/N y S_2/N el tamaño del primer y segundo cluster más grande. Para caracterizar el sistema con más detalle, se estudio el comportamiento del mismo a partir de una cierta cantidad de iteraciones, siendo en éste caso a partir de las 100000 iteraciones, esto para asegurarse de estar cerca del valor de saturación del clustering, en el caso de $\langle k \rangle = 18$ (que es lo mismo que $L_c \approx 5200$) el valor de saturación del clustering es aproximadamente 0.568.

Una vez ubicados en éste punto, se dejó iterar unas 1000 veces más pero sin hacer ningún tipo de recableado o *rewiring*, es decir, se quiere ver la dinámica de los nodos relacionadas con la red. Aquí se trabajó con una ventana temporal de 1000 pasos más. Entonces en ésta instancia se calcularon el valor de los parámetros $\langle S \rangle, S_1/N, S_2/N$ y S_{cant} . Esto se hizo para valores de ε por debajo y por encima del punto crítico en donde se supone que hay una

transición de fase, esto es, $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

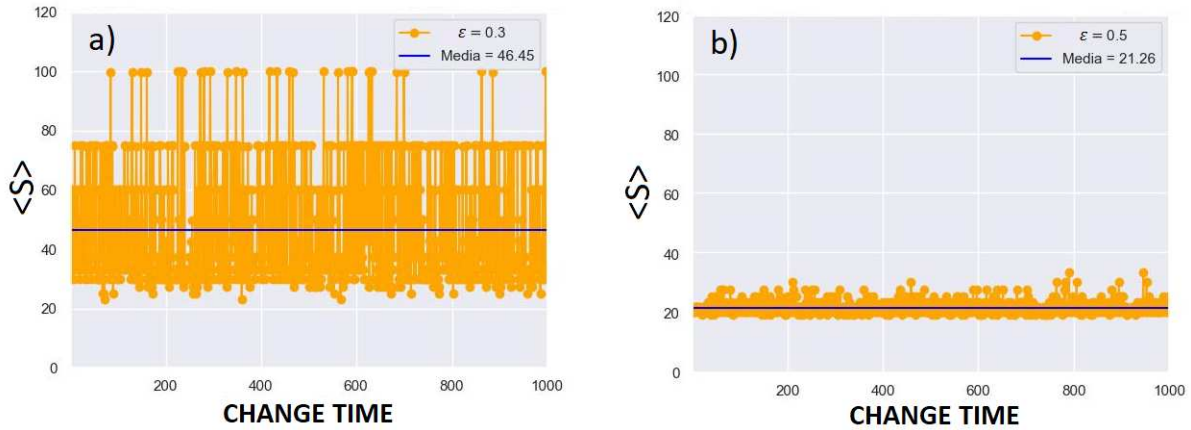


Figura 4.6: Valor medio del tamaño de los *clusters* a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

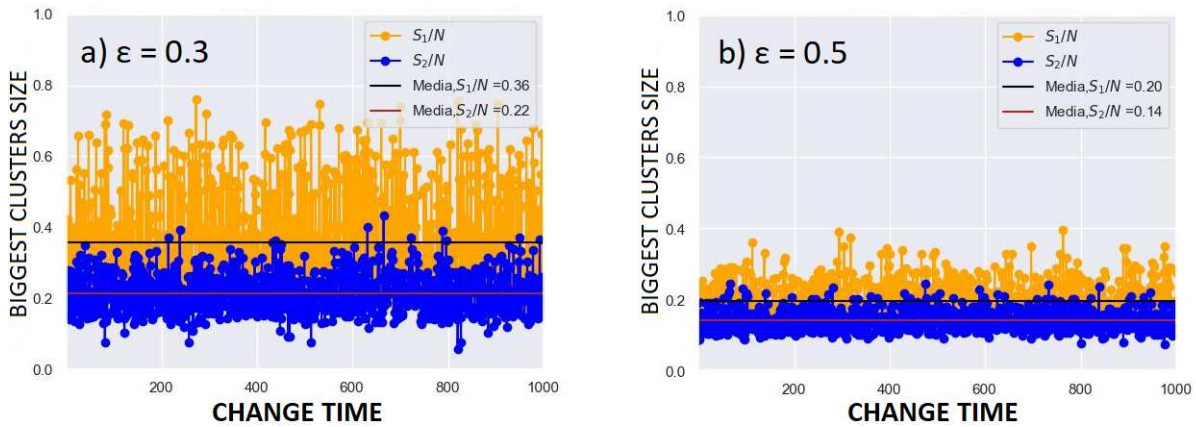


Figura 4.7: Tamaño del primer y segundo *cluster* más grande normalizados a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

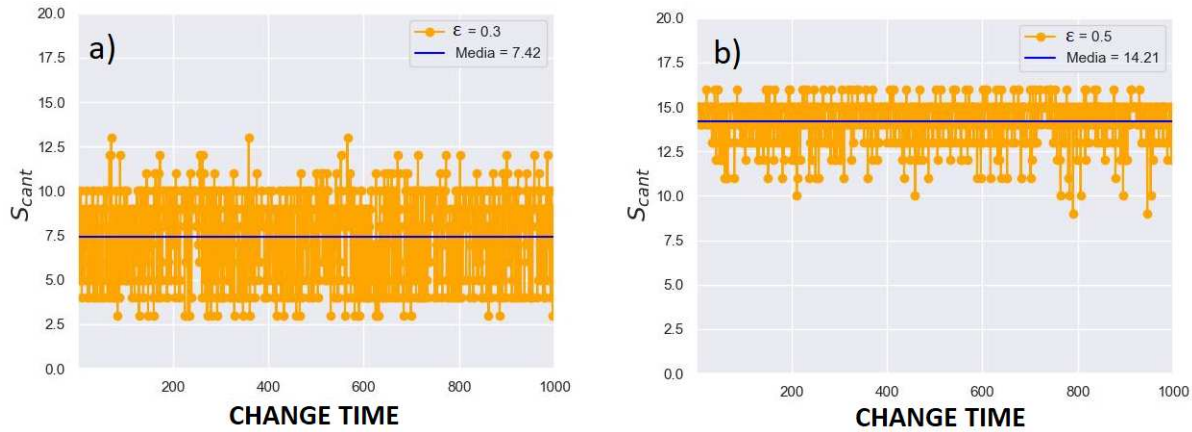


Figura 4.8: Cantidad de *clusters* formados a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

Se calculó en promedio el valor medio de los *clusters* $\langle S \rangle$, el tamaño del primer y segundo *cluster* más grande S_1/N y S_2/N y la cantidad de *clusters* S_{cant} a partir 100000 iteraciones en función de las 1000 iteraciones restantes para $\varepsilon = 0.3, 0.5$. Estos resultados pueden apreciarse en los Cuadros 6, 7 y 8.

ε	Media ($\langle S \rangle$)	STD ($\langle S \rangle$)
0.3	46.450	19.030
0.5	13.360	2.470

Cuadro 6: Promedio y desviación estándar (STD) de $\langle S \rangle$ para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

ε	Media (S_1/N)	STD (S_1/N)	Media (S_2/N)	STD (S_2/N)
0.3	0.360	0.140	0.210	0.050
0.5	0.200	0.050	0.140	0.030

Cuadro 7: Promedio y desviación estándar (STD) de S_1/N y S_2/N para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

ε	Media (S_{cant})	STD (S_{cant})
0.3	7.420	2.470
0.5	14.210	1.140

Cuadro 8: Promedio y desviación estándar (STD) de $\langle S \rangle$ para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

En las figuras 4.6 y 4.7 puede observarse cómo varían en tamaño los *clusters* dependiendo de los parámetros ε , esto es, por encima o por debajo del punto de transición. Para el caso de la figura 4.6 se observó un cambio en el valor medio del tamaño de los *clusters* ($\langle S \rangle$) cuando se cambia de fase, esto es, se observó un indicio de que a partir de un cierto valor de ε^* se empiezan a formar pequeñas comunidades si es que se deja evolucionar temporalmente al sistema un tiempo lo suficientemente grande gracias a éste factor de acoplamiento, en cambio, si uno ésta por debajo de éste valor se puede observar un comportamiento más cercano a una red aleatoria, esto es, no hay formación de comunidades. Por otro lado, respecto a la figura 4.7, se puede observar algo similar debido a que se forman varias comunidades modificando los valores del tamaño del cluster más grande (S_1/N) y el segundo más grande (S_2/N), es decir, estos tienden a bajar ya que comienzan a formarse comunidades y esto obliga a los clusters grandes ceder algún nodo a los demás *clusters*.

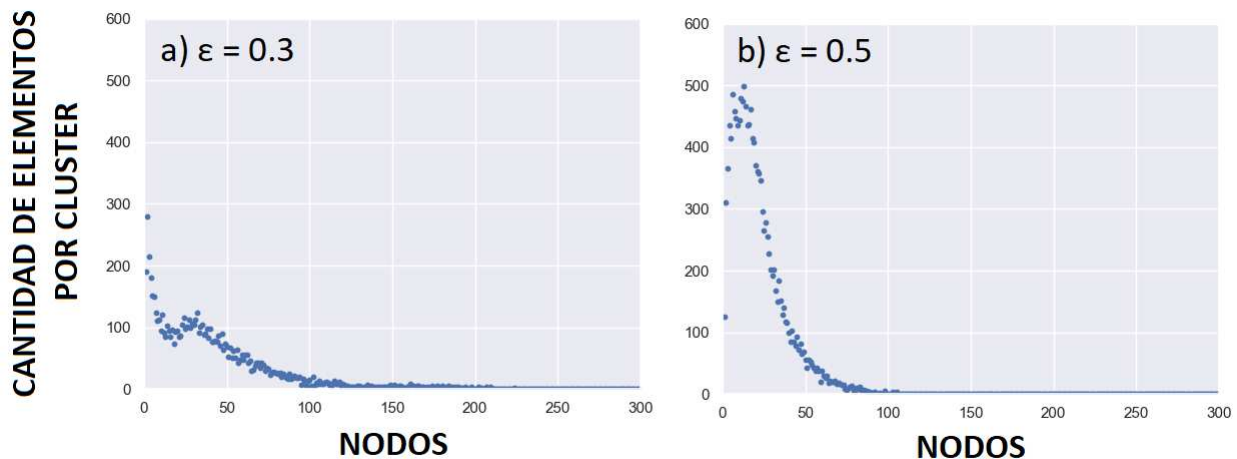


Figura 4.9: Histograma de la cantidad de elementos por *cluster* a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo con $T = 800$ y $\langle k \rangle = 18$ para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

Gracias a la Figura 4.9 puede observarse que la cantidad de elementos por *clusters* a partir de que el *clustering* haya saturado y se haya dejado de realizar nuevas reconexiones tiene una distribución de probabilidad cómo la de Poisson $\propto e^{-ax}$. Donde el factor a está íntimamente relacionado con el tamaño de los *clusters*.

Luego puede hacerse un cambio de escala logarítmico y hacer un ajuste lineal sobre ese mismo gráfico para ver su comportamiento. Haciendo lo anteriormente mencionado se obtuvo la Figura 4.10.

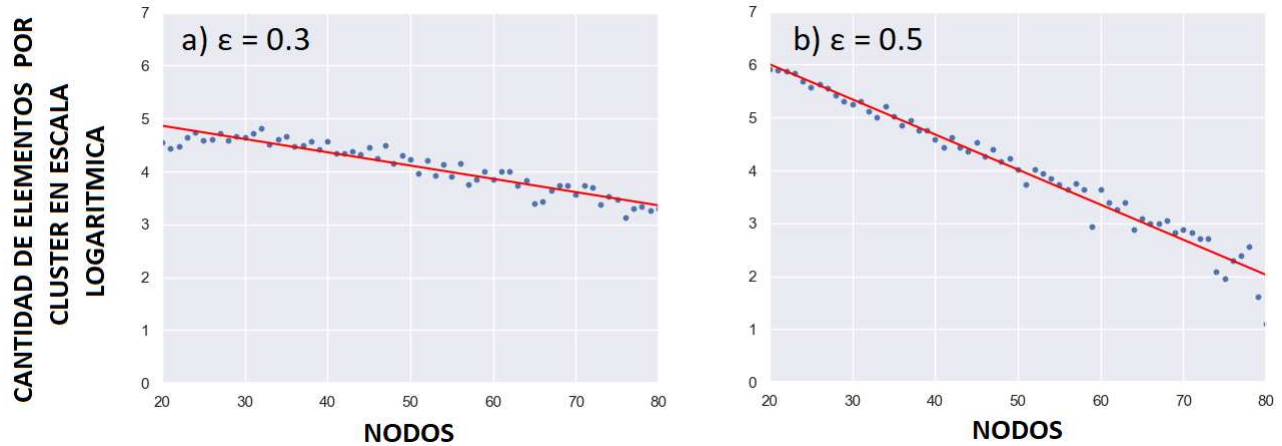


Figura 4.10: Logaritmo de la cantidad de elementos por *cluster* evaluadas en logaritmo natural a partir de la iteración 100000 hasta las 101000 iteraciones con $T = 800$ y $\langle k \rangle = 18$, pero con la restricción de hacer el ajuste lineal para una cantidad de elementos distintos de cero para tener una mejor aproximación en la función lineal. a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$ junto con sus respectivos ajustes lineales.

En el Cuadro 9 se adjunta los valores de las pendientes y ordenadas al origen de cada ajuste lineal.

ε	Pendiente	Ordenada al origen	Índice de correlación lineal
0.3	-0.025	5.364	-0.943
0.5	-0.066	7.331	-0.985

Cuadro 9: Ajuste lineal de la cantidad de elementos por *cluster* para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

Una vez calculadas las pendientes y ordenadas al origen, se puede tomar la inversa de la pendiente como un valor asociado a un tamaño característico de los *clusters* como puede apreciarse en el Cuadro 10.

ε	Tamaño característico de los clusters
0.3	40
0.5	15

Cuadro 10: Tamaño característico relacionado al ajuste lineal de S_{cant} para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

Nuevamente se puede observar que en éste caso el tamaño característico de los clusters cambia si está por abajo o por encima del punto crítico de transición de fase. Además, que para un valor de $\varepsilon = 0.3$, es decir por debajo del punto crítico, el tamaño característico es más grande que en el valor de $\varepsilon = 0.5$.

Además puede observarse que los valores de tamaño característicos obtenidos tienen un valor aproximado a los calculados de $\langle S \rangle$ en el Cuadro 6 para los dos factores de acople.

4.1.2. Clustering vs grados de los nodos

En esta sección se analizó el *clustering* como función del grado de los nodos ($C(k)$). Luego se estudió la evolución temporal de los mismos. Se obtuvo como resultado las siguientes gráficas de lo anteriormente mencionado para $\varepsilon = 0.3, 0.5$. Además se agregaron las gráficas en color *verde* de los valores medios de los *clustering* en función de los valores medios de los grados de los nodos, dando como resultado la Figura 4.11.

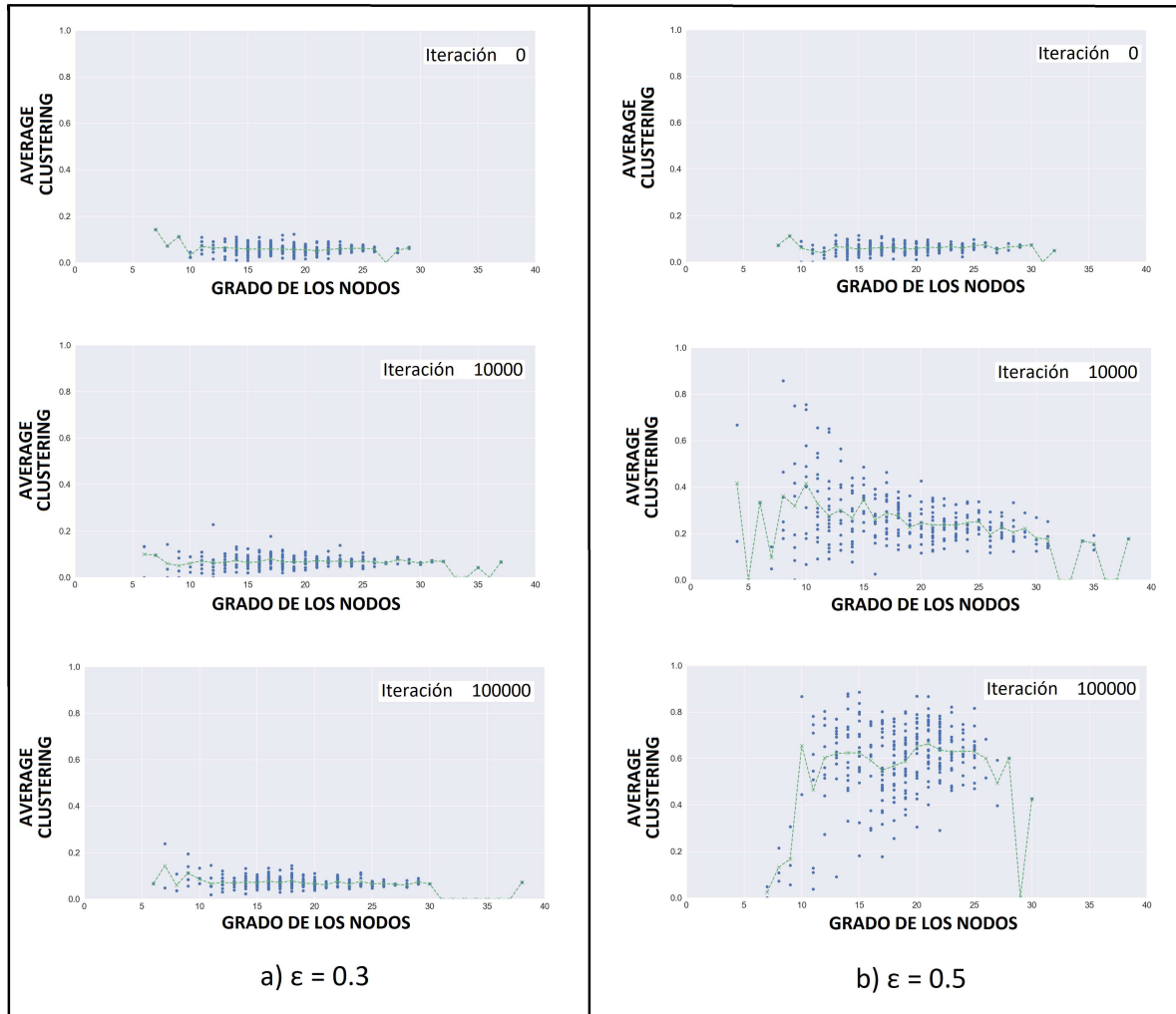


Figura 4.11: En azul el *clustering* en función del grado del nodo con $T = 800$, $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$, $a = 1.7$. En verde el valor medio del *clustering* en función del grado medio del nodo. La figura a) corresponde a $\varepsilon = 0.3$ en las iteraciones 0, 10000, 100000. La figura b) corresponde a $\varepsilon = 0.5$ en las iteraciones 0, 10000, 100000.

Puede observarse que para la Figura 4.11.a), es decir, la asociada a $\varepsilon = 0.3$, la red se comporta como una red *random* ya que es notorio el hecho de que el *clustering* no aumenta en función de los grados de los nodos ni de las iteraciones. Pero en cambio si se observa la Figura 4.11.b) asociada a $\varepsilon = 0.5$ puede verse que a partir de la iteración 10000, el *clustering* empieza a crecer y además si se observa la gráfica de las 100000 iteraciones puede verse

cómo hay nodos con *clustering* relativamente altos independientemente del grado del nodo. Entonces se puede decir que es posible encontrarse nodos de distintos grados con un *clustering* relativamente alto.

4.1.3. Estructura de comunidades

En esta sección se obtuvo como resultado las siguientes gráficas para las redes de los sistemas junto al valor de los estados de los nodos mediante el método de detección de comunidades de Louvain [56] para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

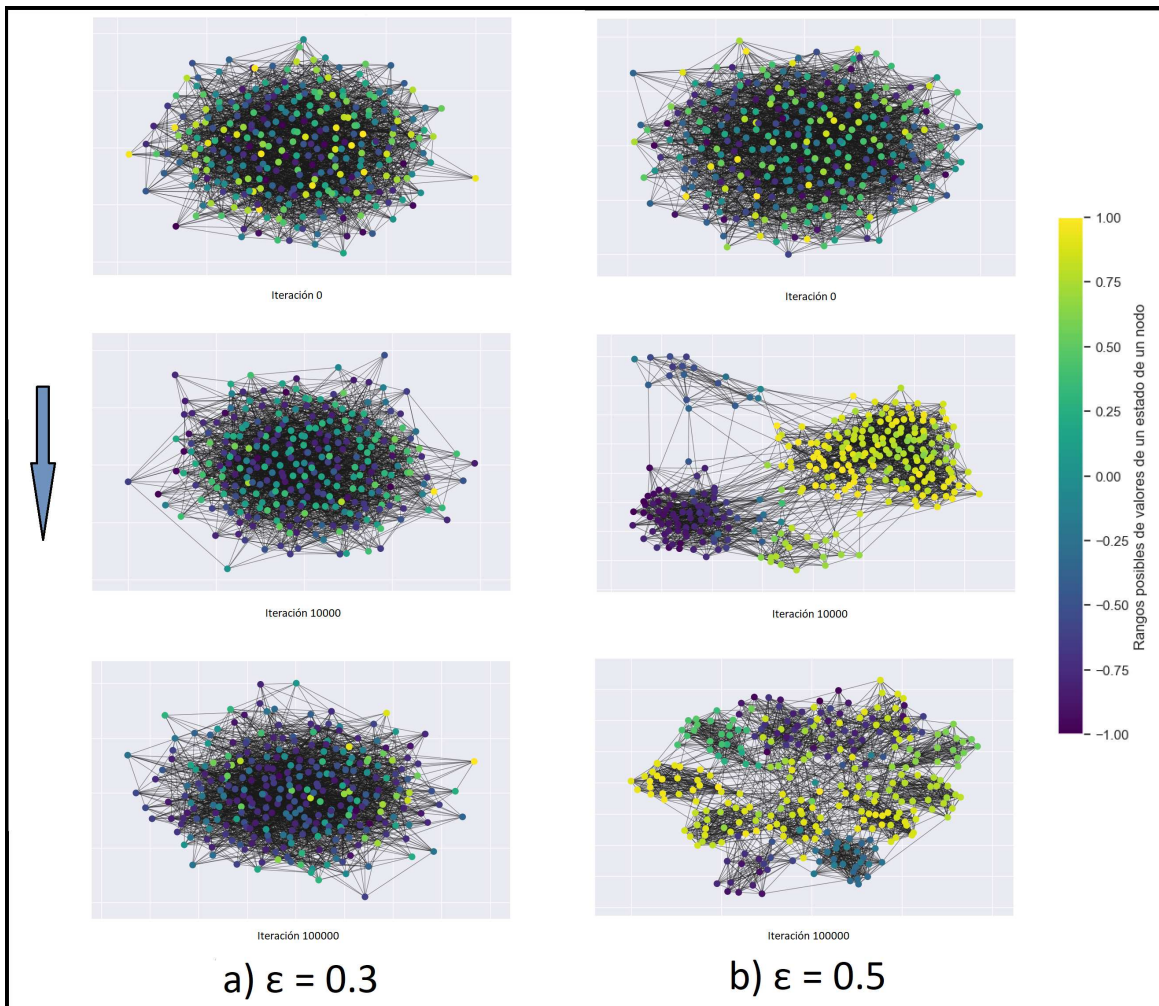


Figura 4.12: Estructura de comunidades y la relación entre los nodos con la dinámica de la red utilizando el algoritmo de Louvain de una red con $T = 800$, $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$, $a = 1.7$. La figura a) corresponde a $\varepsilon = 0.3$ en las iteraciones 0, 10000, 100000. b) La figura a) corresponde a $\varepsilon = 0.5$ en las iteraciones 0, 10000, 100000.

En la Figura 4.12.a) puede observarse que para valores relativamente bajos del factor de acople como $\varepsilon = 0.3$, no se formaron comunidades ni estructuras en la red independientemente de que al sistema se lo deje evolucionar un tiempo relativamente largo. Sin embargo,

si el factor de acople es lo suficientemente grande cómo por ejemplo $\varepsilon = 0.5$, se formara comunidades en función al estado del nodo.

Por otro lado, en la Figura 4.12.b) asociada al valor $\varepsilon = 0.5$ puede verse cómo estas comunidades se van creando a medida de que el tiempo de iteración va incrementando. Además de lo anteriormente mencionado, puede verse cómo existe una determinada jerarquía dentro de las comunidades, esto es, dentro de una comunidad se generan sub-comunidades. Si se visualiza la Figura 4.12.b) en la iteración 10000 puede verse cómo los estados con valor cercano a $x_n = 1.0$ (estado asociado al color *amarillo*) están formando una gran comunidad, pero puede visualizarse gracias a la barra de color que no todos los estados son exactamente iguales, sino que hay nodos con un rango de valores próximos a $x_n = 1.0$. Entonces, si se deja iterar el sistema lo suficiente cómo para que el *clustering* sature en un punto dado (cómo se observó en las secciones anteriores), ésta gran comunidad se separa en varias comunidades, esto es, empiezan a formarse *clusters* con estados ahora más parecidos entre ellos. En síntesis, la Figura 4.12 muestra una relación entre los estados de los nodos y la red que los contiene, y cómo existe una determinada Jerarquía, y a a partir de ella, se forman comunidades más pequeñas a medida de que el *clustering* va llegando a su punto de saturación dado.

4.1.4. Distribución de grado

En ésta sección se obtuvo cómo resultado los siguientes histogramas del número de nodos con esa cantidad de conexiones para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

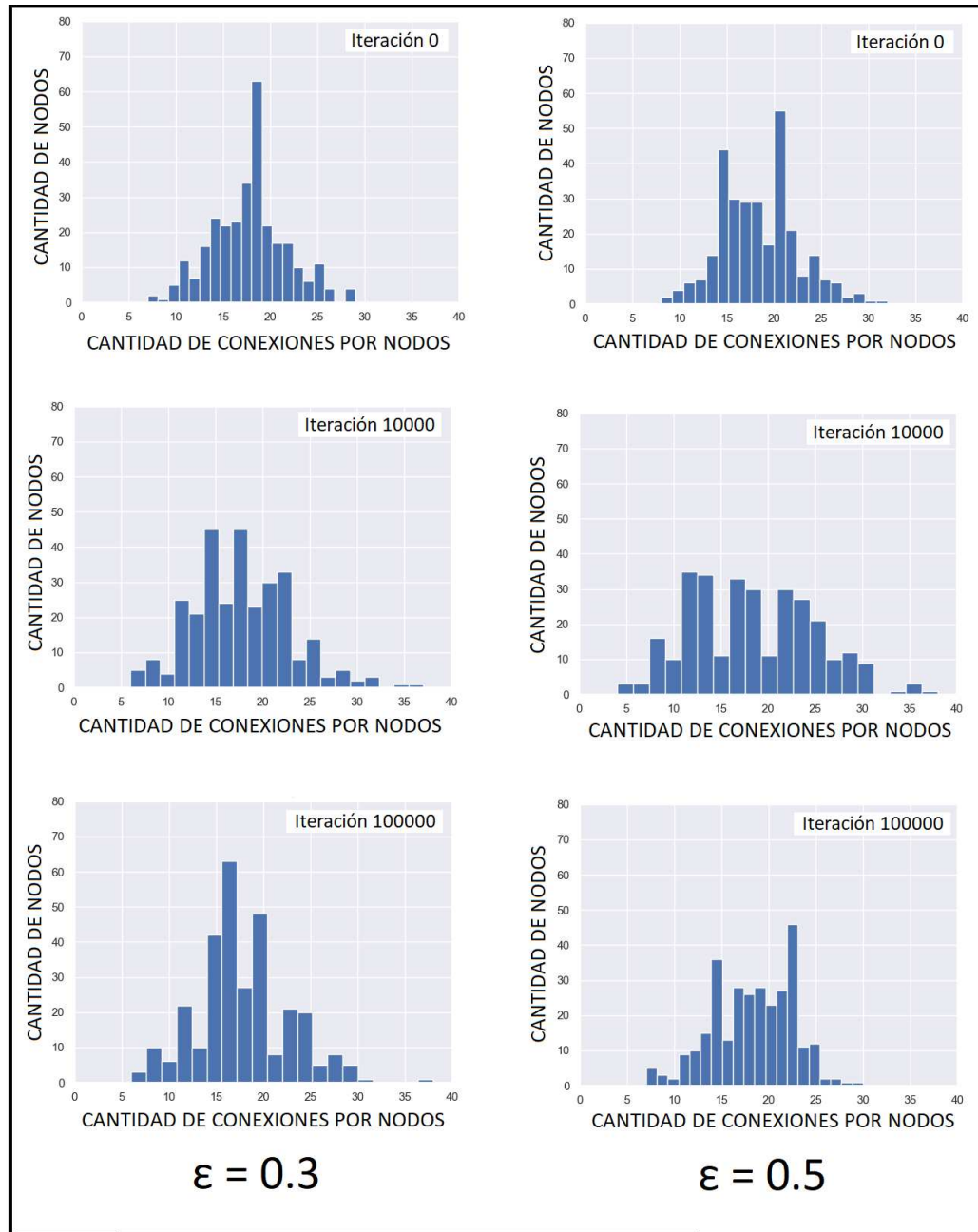


Figura 4.13: Histograma de los grados de los nodos con $T = 800$, $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$, $a = 1.7$. La figura a) corresponde a $\varepsilon = 0.3$ y , a) en las iteraciones 0, 10000 y 100000. La figura b) corresponde a $\varepsilon = 0.5$ y , a) en las iteraciones 0, 10000 y 100000.

Se puede observar una distribución de tipo poisson para los grados de los nodos cuando la red tiene un comportamiento de red *random*, en particular con las redes iniciales. Por un

lado para $\varepsilon = 0.3$ se ve que no hay un cambio significativo en la distribución de grados ya que en síntesis la red nunca deja de tener un comportamiento de red aleatoria. Por otro lado para $\varepsilon = 0.5$ puede observarse cómo se aplanan esta distribución un poco en el caso de la iteración 10000, luego esta distribución de grados para la iteración 100000 puede verse cómo se desplaza levemente hacia la derecha. En el caso de la iteración 10000 indica cómo hay una tendencia a que más nodos alcancen una cantidad de conexiones similares a la de los demás, en el caso de la iteración 100000 puede observarse cómo hay una leve tendencia a que se formen algunos nodos con más conexiones que el resto, aunque no hay un gran indicio de que se formen *hubs*.

4.1.5. Relación entre la estructura de la red y los estados dinámicos

En esta sección se realizaron algunos análisis sobre la red del sistema y su relación con los estados de los nodos. En primera instancia, en la Figura 4.14 se puede observar por un lado la matriz de adyacencia (a), esto es, una representación de las conexiones del sistema. Por otro lado, nuevamente en la Figura 4.14 se tiene la matriz distancia (b), esto es, una representación de la diferencia en valor absoluto de los estados de los nodos. La matriz 4.14.b) da una información de cómo las conexiones entre un par de nodos es dependiente de los estados de los nodos. Sin embargo, en general, en la Figura 4.14 no puede sacarse mucha información ya que son matrices asociadas a una matriz generada aleatoriamente y sin orden de los estados de ningún tipo.

En las figuras venideras se podrá observar con más detalle cómo pueden llegarse a formarse pequeñas comunidades en función del parámetro ε y debido al ordenamiento de las matrices en función a sus estados.

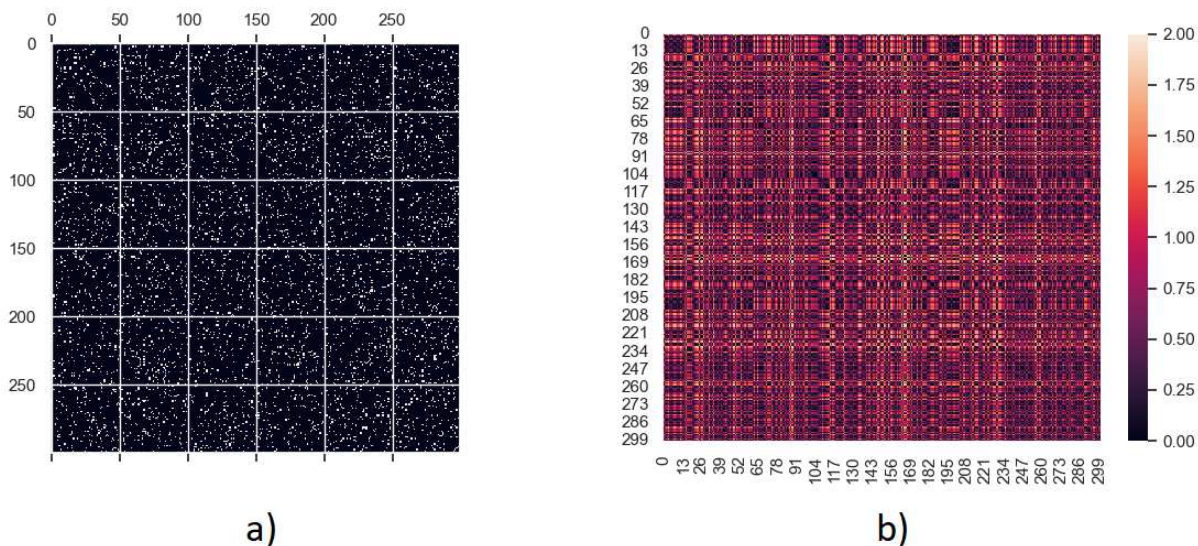


Figura 4.14: Matrices asociadas al parámetro $\langle k \rangle = 18$. a) Un ejemplo de la gráfica de la matriz de adyacencia de una red aleatoria. b) Un ejemplo de la gráfica de la matriz distancia de una red aleatoria.

Si se define el parámetro $\delta = 0.1$ y a la matriz de adyacencia colorizada cómo MAC , esto es, reemplazar cada elemento de la matriz por el elemento d_{ij} y luego se la ordena por estados de menor a mayor para graficarla utilizando la visualización de datos *heatmap*, puede verse en la figura a) corresponde a MAC del sistema en la iteración número 1, b) a MAC del sistema en la iteración número 1000, c) a MAC del sistema en la iteración número 100000. Luego, si se define a la matriz de adyacencia MA , entonces, si se ordenan los estados de menor a mayor se tiene que la figura d) corresponde a MA del sistema en la iteración número 1, e) a MA del sistema en la iteración número 1000, f) a MA del sistema en la iteración número 100000.

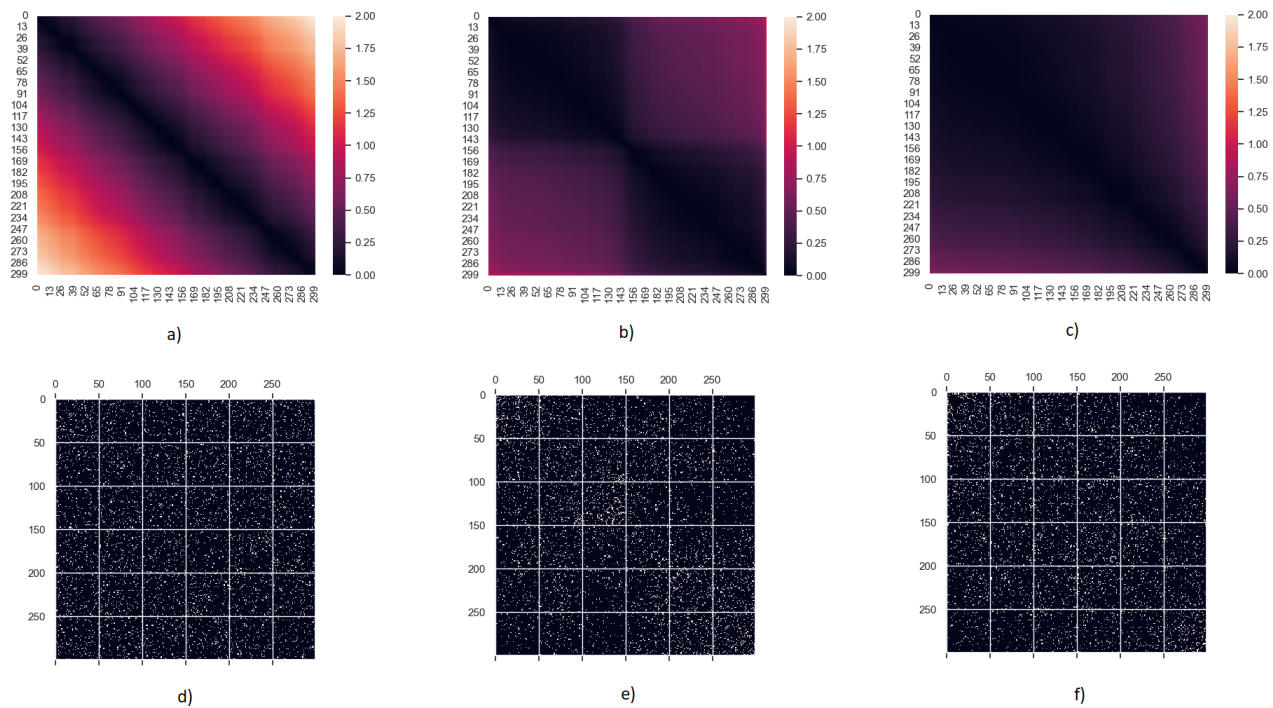


Figura 4.15: Figuras demostrativas para $\varepsilon = 0.3$ con $T = 800$, $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$, $a = 1.7$.

Por un lado la gráfica de la matriz distancia indica la distancia entre los nodos, por otro lado la gráfica de la matriz adyacencia indica cómo los nodos se conectan entre si y forman ciertas comunidades.

Para $\varepsilon = 0.3$ puede observarse cómo la figura matriz distancia 4.15.a,b,c) indica cómo los nodos no forman comunidades para una red *random* a pesar de dejar evolucionar el sistema un tiempo suficientemente largo. Además puede observarse en la figura matriz adyacencia 4.15d,e,f) cómo no tienden a conectarse los nodos entre sí a pesar de la evolución temporal.

Para $\varepsilon = 0.5$ puede observarse cómo la figura matriz distancia 4.16.a,b,c) muestra cómo algunos nodos empiezan a reducir sus distancias y formar comunidades. De manera similar puede observarse en la figura matriz adyacencia 4.16d,e,f) cómo los nodos empiezan a conectarse y formar pequeñas comunidades.

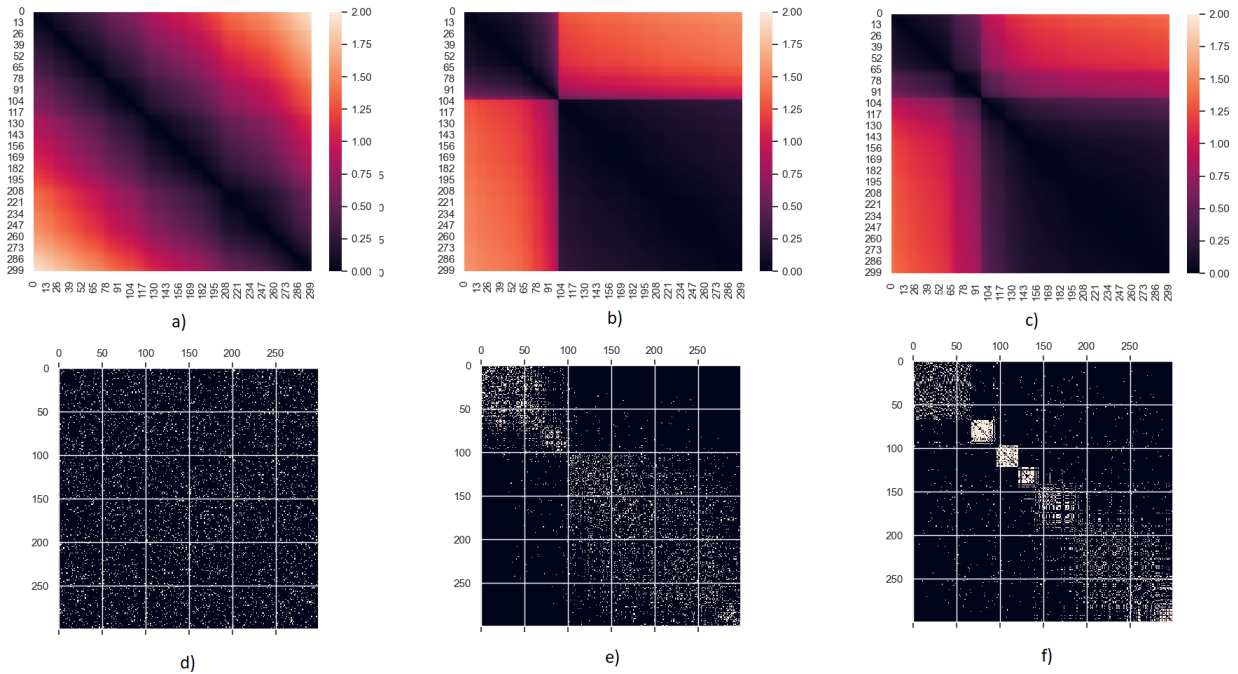


Figura 4.16: Figuras demostrativas para $\varepsilon = 0.5$ con $T = 800$, $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$, $a = 1.7$.

Hasta ésta parte del trabajo se observó una transición de fase en un modelo de red adaptativa, ésta transición de fase puede verse que se da para un valor de ε^* tal que $0.3 < \varepsilon^* < 0.4$.

La transición en la estructura de la red se caracterizó principalmente estudiando el *clustering* en función de ε para distintos valores de T . Se contrastó la estructura de la red y la formación de *clusters* sincronizados para las diferentes fases. También se estudió el path length viendo que éste no varía mucho en función de ε debido a que se tienen una cantidad de conexiones fijas y solo se re-direccionan a lo largo de la evolución del sistema, y cómo se menciono anteriormente se estudiaron los parámetros $\langle S \rangle$ el valor medio del tamaño de los clusters, S_{cant} la cantidad de clusters formados por iteración, S_1/N y S_2/N el tamaño del primer y segundo cluster más grande.

Todo lo observado hasta ahora indica que para éste modelo de mapas caóticos, con una red fija de $N = 300$ nodos y el grado promedio de los nodos $\langle k \rangle = 18$ existe un valor del parámetro de acoplamiento en donde hay un cambio de fase para un valor comprendido entre $0.3 < \varepsilon^* < 0.4$.

4.1.6. Búsqueda del punto crítico de la transición de fase

Cómo se dijo anteriormente, se observó en el comportamiento del *clustering* que la transición de fase con $T = 800$, $\langle k \rangle = 18$ y $a = 1.7$ se encontraba para valores comprendidos entre $0.3 < \varepsilon < 0.4$. Entonces se realizaron distintas iteraciones para estos valores de ε para observar

el tipo de comportamiento de la red dando cómo resultado la Figura 4.17, es decir, que a partir de $\varepsilon \approx 0.365$ el sistema tiende a comportarse cómo un sistema tipo *small world*.

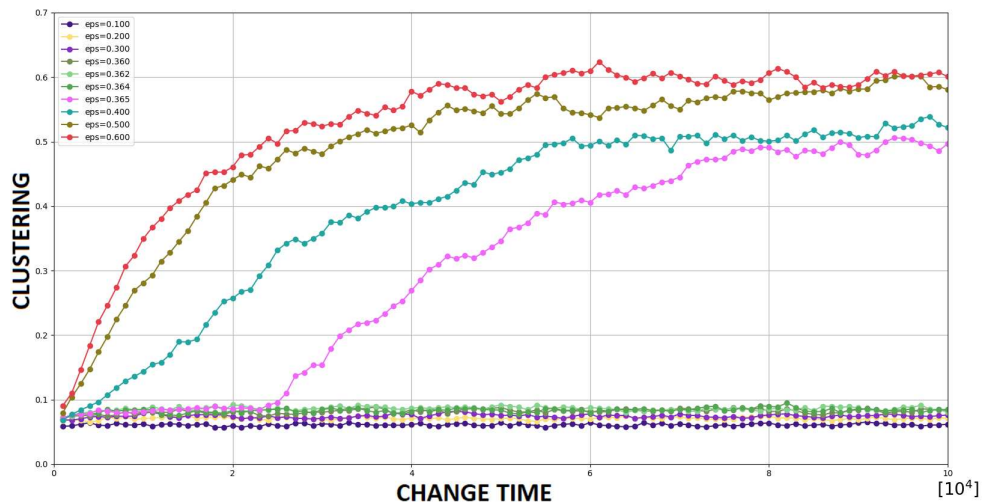


Figura 4.17: *Clustering* en función del tiempo calculándose cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo cableado adaptativo con $T = 800$, $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$, $a = 1.7$ para distintos valores de $\varepsilon = \{0.100, 0.200, 0.300, 0.362, 0.364, 0.365, 0.400, 0.500, 0.600\}$.

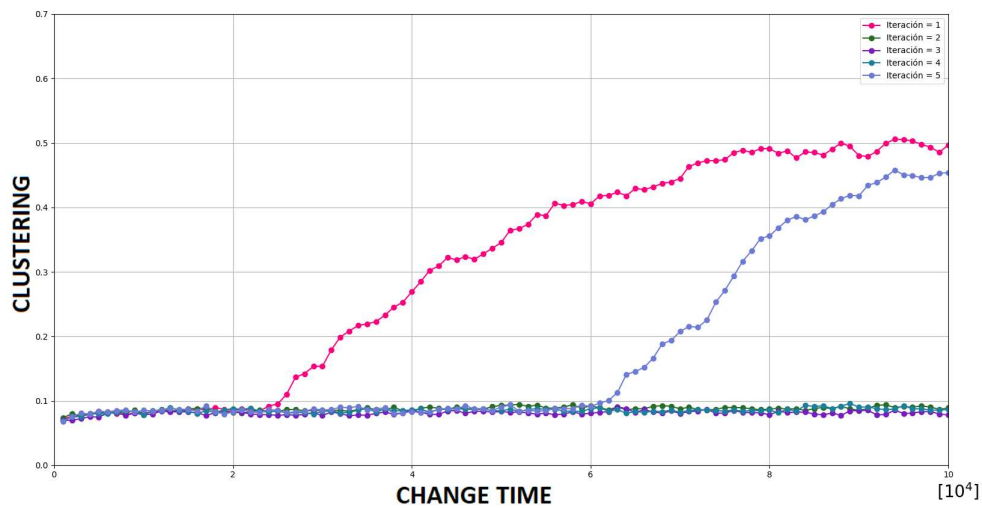


Figura 4.18: *Clustering* en función del tiempo cerca del valor crítico, calculándose cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo cableado adaptativo con $T = 800$, $\delta = 0.1$, $\langle k \rangle = 18$, $a = 1.7$ para $\varepsilon = 0.365$ con distintas condiciones iniciales.

En consecuencia a esto se realizaron varias iteraciones para éste valor de $\varepsilon = 0.365$ con distintas condiciones iniciales, o lo que es lo mismo, distintas matrices asociadas a una red *random*. Gracias a esto se descubrió que el tipo de comportamiento de la red es muy sensible a estas condiciones iniciales con los parámetros mencionados. Dependiendo de la matriz y

los estados iniciales, el sistema puede llegar a comportarse cómo una red tipo *small world* si se deja iterar un tiempo suficientemente largo, o por otro lado puede seguir comportándose cómo una red totalmente aleatoria cómo muestra la Figura 4.18.

Éste comportamiento de la red para $\varepsilon = 0.365$ indica que se está cerca a un punto de metaestabilidad, es decir, que se encuentra en equilibrio aparente, pero que puede cambiar a un estado más estable dependiendo de las condiciones iniciales del sistema.

Resumen de los resultados para $\langle k \rangle = 18$

Clustering, path length y small world index

En síntesis, los resultados para el modelo de red adaptativa de Gong y Van Leeuwen con los parámetros $a = 1.7$, $\delta = 0.1$, $T = 800$ y $\langle k \rangle = 18$ ($L_c = 5200$) fueron:

- *Clustering*: Se observaron valores altos de *clustering* en un tiempo lo suficientemente largo para factores de acople $\varepsilon > 0.365$, esto es compatible con un comportamiento de red *small world*, es decir, una tendencia de los nodos a agruparse en grupos densamente interconectados. Otra manera de verlo es que tiene una estructura altamente modular, con grupos de nodos que están fuertemente conectados entre sí. Por otro lado, todo lo contrario para valores de acoplamiento $\varepsilon < 0.365$, esto es, se vio un comportamiento tipo *red random*. Por último, para valores $\varepsilon = 0.365$ se vieron comportamientos de un punto metaestable, por lo que el comportamiento de ésta red asociada a éste valor de acople es fuertemente dependiente de las condiciones iniciales del sistema (matriz de adyacencia inicial y estados iniciales de los nodos).

Respecto a los valores medios de éste parámetro, para valores $\varepsilon \geq 0.4$ relacionados a una fase *small world* que es aproximadamente $C_f \approx 0.568$ y para valores $\varepsilon \leq 0.3$ relacionados a una fase *random* que es aproximadamente $C_0 \approx 0.068$ resultaron valores muy aproximados a los obtenidos por Gong y Van Leeuwen siendo los valores $C_f \approx 0.584$ y $C_0 \approx 0.058$ [2].

- *Path length*: No se observó un cambio relativo de éste parámetro para los valores de acoples calculados $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6\}$.

Respecto a los valores medios de éste parámetro, para valores $\varepsilon \geq 0.4$ relacionados a una fase *small world* que es aproximadamente $L_f \approx 2.660$ y para valores $\varepsilon \leq 0.3$ relacionados a una fase *random* que es aproximadamente $L_0 \approx 2.266$ resultaron valores muy aproximados a los obtenidos por Gong y Van Leeuwen siendo los valores $L_f \approx 2.660$ y $L_0 \approx 2.300$ [2].

- *Small world index*: Debido a que éste parámetro está constituido de manera tal que se pueda medir la relación entre *clustering* y el *path length* de una red, es posible detectar que para $\varepsilon \geq 0.4$ la red tiene un comportamiento de red *small world*. Por el contrario para $\varepsilon \leq 0.3$ se encontró un comportamiento de las redes tipo *random*.

Respecto a los valores medios de éste parámetro, para valores $\varepsilon \geq 0,4$ relacionados a una fase *small world* que es aproximadamente $SWI_f \approx 7.990$ y para valores $\varepsilon \leq 0,3$ relacionados a una fase *random* que es aproximadamente $SWI_0 \approx 1.130$.

- La cantidad de *clusters* formados (S_{cant}): Se observó una clara diferencia para la cantidad de comunidades formadas en función de la fase. Para las redes tipo *small world* se vio una media para $\varepsilon = 0.5$ de $S_{cant} = 13.36$. Por otro lado para las redes *random* se midió de $S_{cant} = 6.96$. Hay un contraste entre los dos resultados ya que cuando uno tiene una red *small world* se espera que se formen más comunidades que cuando tiene una red *random*.

Ventana temporal de los 1000 pasos sin rewiring

En ésta parte del trabajo se estudió la dinámica de los nodos con la misma red. Es por eso que se dejó de hacer el recableado o *rewiring* al estar en el punto de saturación del *clustering*.

- Valor medio de los *clusters* ($\langle S \rangle$): Por un lado se observó una dispersión de ($\langle S \rangle$) para una red *random* con $\varepsilon = 0.3$ es mucho mayor que la red tipo *small world* con $\varepsilon = 0.5$. Éste comportamiento de la red *random* relacionado a la desviación estándar podría estar indicando el componente aleatorio de la red.

Luego la media del valor medio del tamaño de los *clusters* dió cómo resultado 46.450 para $\varepsilon = 0.5$ y 13.360 para $\varepsilon = 0.3$. Es decir, cómo la red es fija, si se quiere crear más comunidades al tener un ε más grande cómo $\varepsilon = 0.5$ está obligado a reducir el tamaño de los mismas. Es por eso que es esperable un valor más bajo de éste parámetro para las redes *small world*.

- El tamaño de los dos *clusters* más grandes normalizado ($S_1/N, S_2/N$): Por un lado se observó cómo la dispersión de estos dos parámetros para una red *random* con $\varepsilon = 0.3$ es mucho mayor que la red tipo *small world* con $\varepsilon = 0.5$. Éste comportamiento de la red *random* relacionado a la desviación estándar podría estar indicando el componente aleatorio de la red. Con respecto a la desviación estándar de la red *random*, ésta se vio reflejada debido a la dispersión anteriormente mencionada.

Luego la media del tamaño de los dos *clusters* más grandes normalizados dieron cómo resultado para $\varepsilon = 0.5$: $\langle S_1/N \rangle = 0.360$ y $\langle S_2/N \rangle = 0.210$, y para $\varepsilon = 0.3$: $\langle S_1/N \rangle = 0.200$ y $\langle S_2/N \rangle = 0.140$. La interpretación es análoga a la explicación que se dió para $\langle S \rangle$.

- La cantidad de *clusters* formados (S_{cant}): Por un lado se observó cómo la dispersión es mayor para $\varepsilon = 0.3$, es decir, una red *random* que para $\varepsilon = 0.5$, es decir, para una red tipo *small world*.

Luego la media de la cantidad de *clusters* formados para $\varepsilon = 0.5$ es $\langle S_{cant} \rangle = 14.210$ y para $\varepsilon = 0.3$ es $\langle S_{cant} \rangle = 7.420$. La interpretación es similar a las anteriores, pero con la diferencia que $\langle S_{cant} \rangle$ para una red *small world* es más grande ya que se esperan una cantidad mayor de comunidades para esta fase.

- La cantidad de elementos por *clusters*: En ésta sección se llegó a estimar mediante una distribución del tipo Poisson a los tamaños característicos de los *clusters*. Siendo para $\varepsilon = 0.5 : S_{carac} = 15$ y para $\varepsilon = 0.3 : S_{carac} = 40$. Estos valores son muy próximos a los calculados en S_{cant} .

Clustering vs grados de los nodos

En ésta parte del trabajo se observó cómo para las redes *small world* los nodos con distintos grados pueden alcanzar un valor de clustering alto haciendo que en promedio se mantenga un *clustering* alto para muchos nodos con distinto grado. Por otro lado para las redes *random* muchos nodos de distintos grados alcanzan solo valores bajos de clustering, así que en promedio se ven nodos con distintos grados pero bajo *clustering*.

Estructura de comunidades

En ésta parte del trabajo se puede observar cómo dependiendo de los nodos se pueden formar las comunidades para un ε alto y además hay una determinada jerarquía dentro de cada *cluster*.

Distribución de grado

Aquí se observó cómo se mantiene una distribución de grados tipo poisson para redes aleatorias, es decir, para valores bajos de $\varepsilon = 0.3$, y cómo la distribución de grados va cambiando levemente para redes *small world* para $\varepsilon = 0.5$.

Relación entre la estructura de la red y los estados dinámicos

En ésta sección se hizo incapié en las matrices de adyacencia y distancia de los sistemas en las dos fases. Por un lado se observó cómo para valores bajos de $\varepsilon = 0.3$ las redes tienen un comportamiento *random* y no se forman comunidades. Esto puede verse bien gracias a la matriz de adyacencia que indica que nodos si están conectados y la matriz distancia que indica la distancia de sus estados. Por el lado contrario, gracias a las figuras de estas matrices, puede observarse que para valores altos de $\varepsilon = 0.5$ pueden formarse comunidades.

Estudiando el modelo caótico con distintos $\langle k \rangle$

Para ver cómo es el comportamiento de éste punto crítico se puede volver a analizar el problema con los mismos parámetros usados en el caso anterior salvo $\langle k \rangle$, que se debe cambiar. Entonces se estudió el problema variando $\langle k \rangle$. Es decir, no hubo cambio en los parámetros $a = 1.7$, $\delta = 0.1$ y $T = 800$. Así que por simplicidad no se mencionaran estos últimos parámetros mencionados en los siguientes cálculos y figuras.

4.2. Estudio del modelo caótico con $\langle k \rangle = 9$

En ésta sección se realizaron los cálculos nuevamente para $\langle k \rangle = 9$, es decir, lo que varía aquí es la cantidad de vecinos promedio que tiene cada nodo, en éste caso es la mitad que en la sección anterior. Aquí se obtuvo cómo resultado una red que tiende a desconectarse debido a la baja cantidad de conexiones en promedio $\langle k \rangle = 9$.

4.2.1. Clustering, path length y small world index

En ésta sección se calcularon nuevamente el *clustering*, *path length* y *small world index* para $\varepsilon = 0.5$ para ésta nueva red con $\langle k \rangle = 9$.

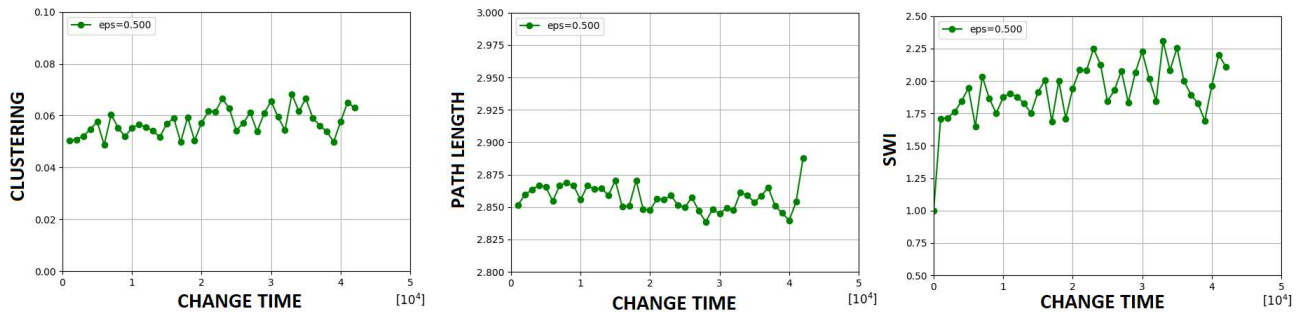


Figura 4.19: a) *clustering*, b) *path length* y c) *small world index* todo en función de las iteraciones calculándose cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo cableado adaptativo con $\langle k \rangle = 9$ para $\varepsilon = \{0.5\}$.

Cómo puede observarse en la Figura 4.19 en éste caso se iteró hasta los 42000 pasos de tiempo debido a la desconexión de la red.

4.2.2. Estructura de comunidades

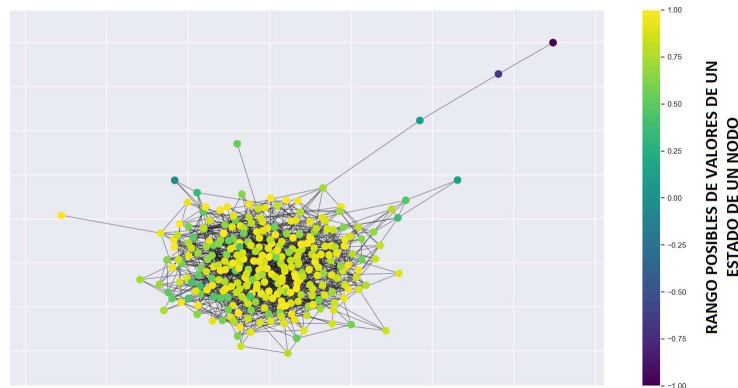


Figura 4.20: Estructura de comunidades y la relación entre los nodos con la dinámica de la red utilizando el algoritmo de Louvain de una red con $\langle k \rangle = 9$ en la iteración 42000.

En la Figura 4.20 puede observarse cómo la red ésta a punto de separarse, esto es, si se deja iterando al sistema, los dos puntos con estados próximos a 0 van a desconectarse de los nodos con estado proximos a 1. Debido a la desconexión de la red $\langle k \rangle = 9$ se decidió dejar de lado ese caso en particular y se trabajó con valores más grandes de $\langle k \rangle$, en particular con $\langle k \rangle > 18$.

4.3. Estudio del modelo caótico con $\langle k \rangle = 36$

En ésta sección se realizaron los cálculos nuevamente para $\langle k \rangle = 36$, es decir, lo que varía aquí es la cantidad de vecinos promedio que tiene cada nodo, en éste caso es el doble que en el problema original de Gong y Van Leeuwen.

4.3.1. Clustering, path length y small world index

Estos parámetros calculados para $\langle k \rangle = 36$ dieron resultados análogos a los anteriores relacionado a $\langle k \rangle = 18$ cómo lo muestra la Figura 4.21. Se puede observar una transición de fase para un parámetro de acople que está entre los valores $0.3 < \varepsilon < 0.4$. Con la diferencia de que los valores del *clustering* para valores del factor de acople calculados $\varepsilon \geq 0.4$ son más cercanos para los distintos valores de acople, repitiéndose esto para el *path length* y el *small world index*.

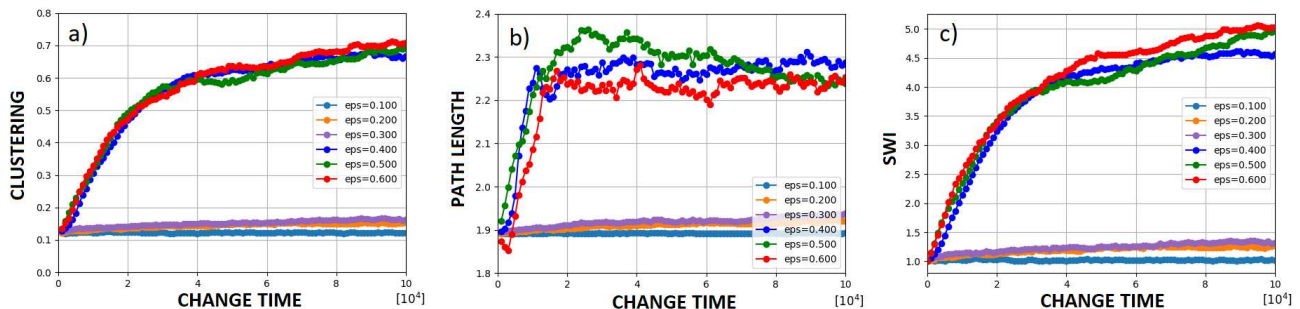


Figura 4.21: a) *clustering*, b) *path length* y c) *small world index* todo en función de las iteraciones calculándose cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo cableado adaptativo con $\langle k \rangle = 36$ para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6\}$.

ε	Media (<i>Clustering</i>)	STD (<i>Clustering</i>)
0.1 - 0.3	0.145	0.001
0.4 - 0.6	0.675	0.010

Cuadro 11: Promedio y desviación estándar (STD) del *clustering* para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}$, $\{0.4, 0.5, 0.6\}$.

ε	Media (<i>Path length</i>)	STD (<i>Path length</i>)
0.1 - 0.3	1.910	0.002
0.4 - 0.6	2.260	0.010

Cuadro 12: Promedio y desviación estándar (STD) del *path length* para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}$, $\{0.4, 0.5, 0.6\}$.

ε	Media (<i>SWI</i>)	STD (<i>SWI</i>)
0.1 - 0.3	1.200	0.010
0.4 - 0.6	4.740	0.090

Cuadro 13: Promedio y desviación estándar (STD) del *small world index* (SWI) para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}$, $\{0.4, 0.5, 0.6\}$.

Las mediciones de estos tres últimos parámetros son análogas a las medidas con $\langle k \rangle = 18$. Respecto a la evolución temporal de los tres parámetros se puede observar que las curvas tienden a converger a diferencia de las medidas anteriormente cómo lo muestra la Figura 4.21. Luego, respecto a las medias de estos parámetros mostradas en los Cuadros 11, 12 y 13 hay un leve aumento salvo en el coeficiente del *small world index*, aunque se sigue cumpliendo que éste valor sea mayor que 1 así de esta manera se asegura estar trabajando en una red *small world*. La razón por la cual éste valor no sigue creciendo es debido al aumento de la cantidad de conexiones en promedio ya que esto hace que el *rewiring* tenga menos impacto en la red a diferencia del caso anterior, y debido a esto el cociente entre el *clustering* de la red medida y el *clustering* de la red *random* es más cercano a 1 que antes. Respecto al *path length*, no se espera un cambio significativo independientemente del valor del factor de acople.

ε	Media (S_{cant})	STD (S_{cant})
0.3	6.307	2.130
0.5	12.650	0.053

Cuadro 14: Promedio y desviación estándar (STD) de S_{cant} a lo largo de las 100000 iteraciones para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

Según la Figura 4.22 referido a S_{cant} da cómo resultado que las mediciones temporales son análogas a las medidas con $\langle k \rangle = 18$. En el Cuadro 14 puede observarse que en la media hubo un notorio cambio para $\varepsilon = 0.5$ en donde hubo casi dos veces más de comunidades formadas por el aumento de $\langle k \rangle$ a diferencia de la red asociada a $\langle k \rangle = 18$.

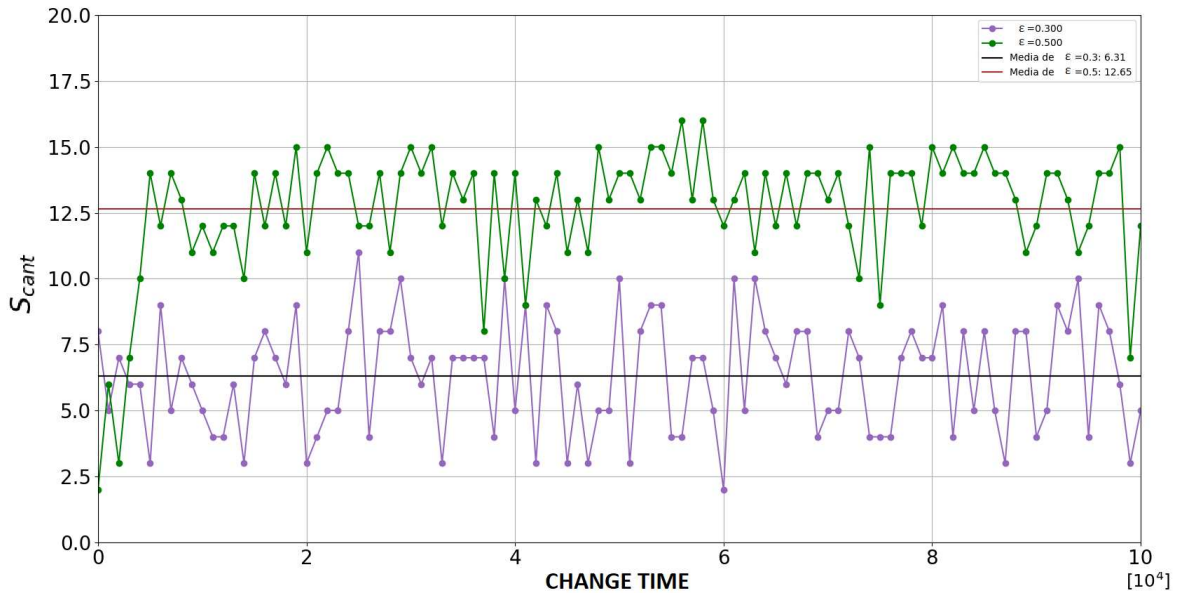


Figura 4.22: Cantidad de clusters formados a lo largo de toda la evolución del sistema para $\varepsilon = 0.3, 0.5$ con $\langle k \rangle = 36$.

4.3.2. Otros parámetros para caracterizar el sistema

En esta sección se calcularon nuevamente los parámetros $\langle S \rangle$, S_1/N , S_2/N y S_{cant} para una nueva red con $\langle k \rangle = 36$ en una ventana temporal de 1000 pasos sin realizar un recableado adaptativo.

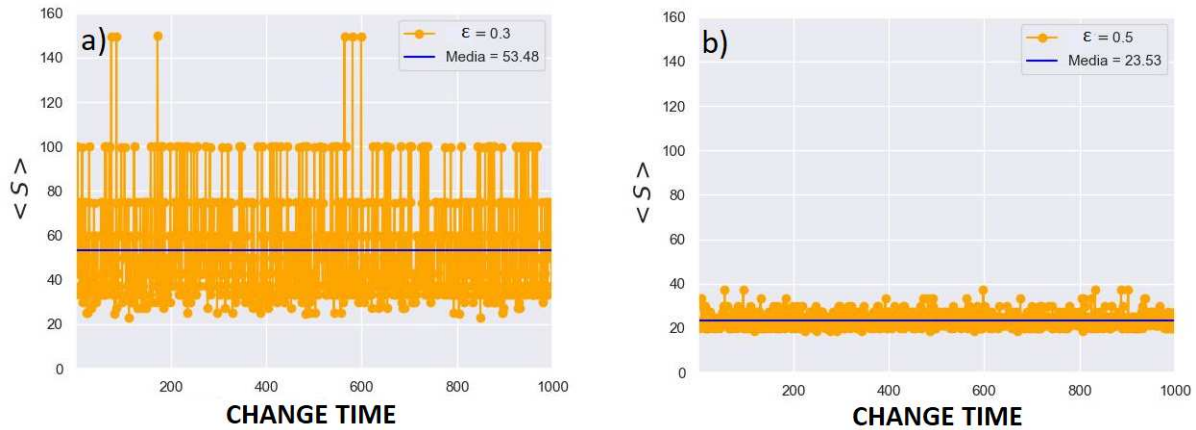


Figura 4.23: Valor medio del tamaño de los clusters a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

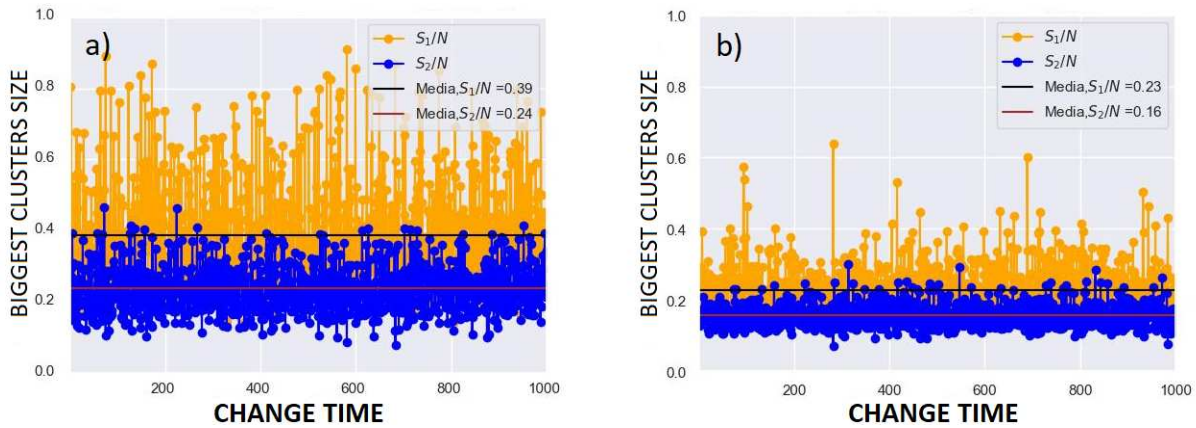


Figura 4.24: Tamaño del primer y segundo cluster más grande normalizados a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

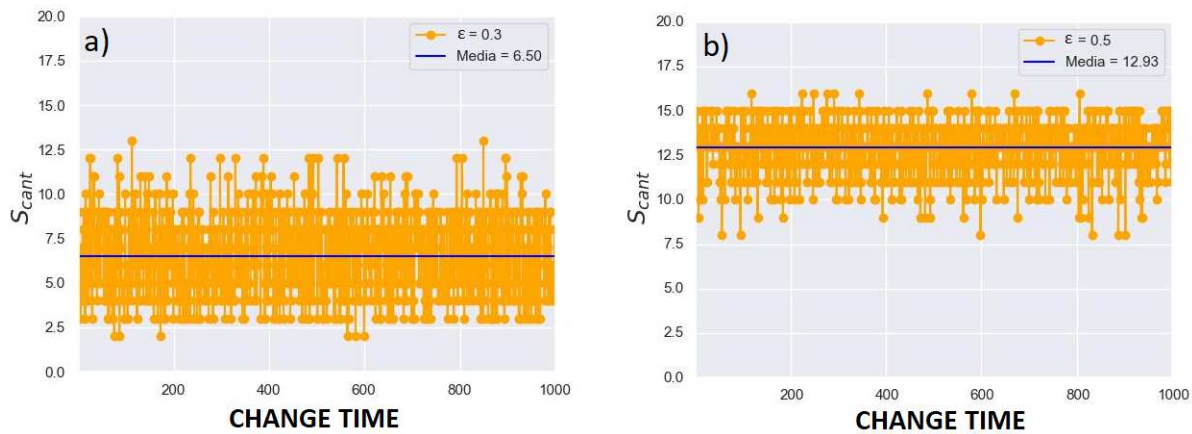


Figura 4.25: Cantidad de *clusters* formados a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

ε	Media ($\langle S \rangle$)	STD ($\langle S \rangle$)
0.3	53.48	22.32
0.5	23.53	3.02

Cuadro 15: Promedio y desviación estándar (STD) de $\langle S \rangle$ para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

Si se observa las Figuras 4.23, 4.24 y 4.25 puede apreciarse que son análogas a las medidas con $\langle k \rangle = 18$. Respecto a los valores medios que se pueden observar en los Cuadros 15, 16 y 17 hubo un leve incremento debido al aumento de $\langle k \rangle$ en comparación a las medidas con $\langle k \rangle = 18$.

ε	Media (S_1/N)	STD (S_1/N)	Media (S_2/N)	STD (S_2/N)
0.3	0.39	0.15	0.24	0.06
0.5	0.23	0.07	0.16	0.03

Cuadro 16: Promedio y desviación estándar (STD) de S_1/N y S_2/N para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

ε	Media (S_{cant})	STD (S_{cant})
0.3	6.50	2.33
0.5	12.93	1.48

Cuadro 17: Promedio y desviación estándar (STD) de S_{cant} para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

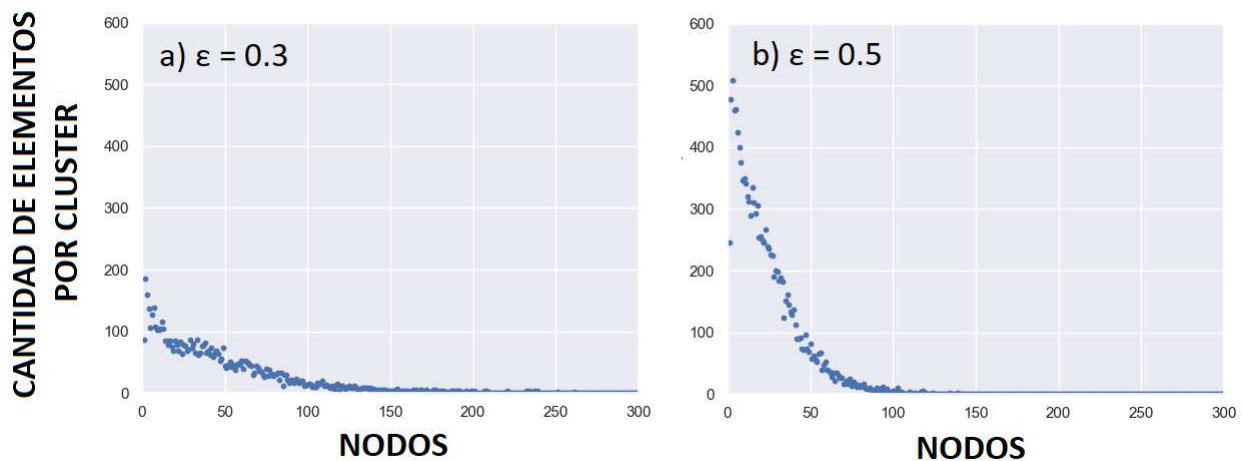


Figura 4.26: Histograma de la cantidad de elementos por *cluster* a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo con $\langle k \rangle = 36$ para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

Entonces, en la figura 4.26 puede verse que las dos gráficas tienen una distribución de Poisson del tipo e^{-ax} , por lo que se consideró hacer una regresión lineal, y los resultados pueden observarse en la Figura 4.27.

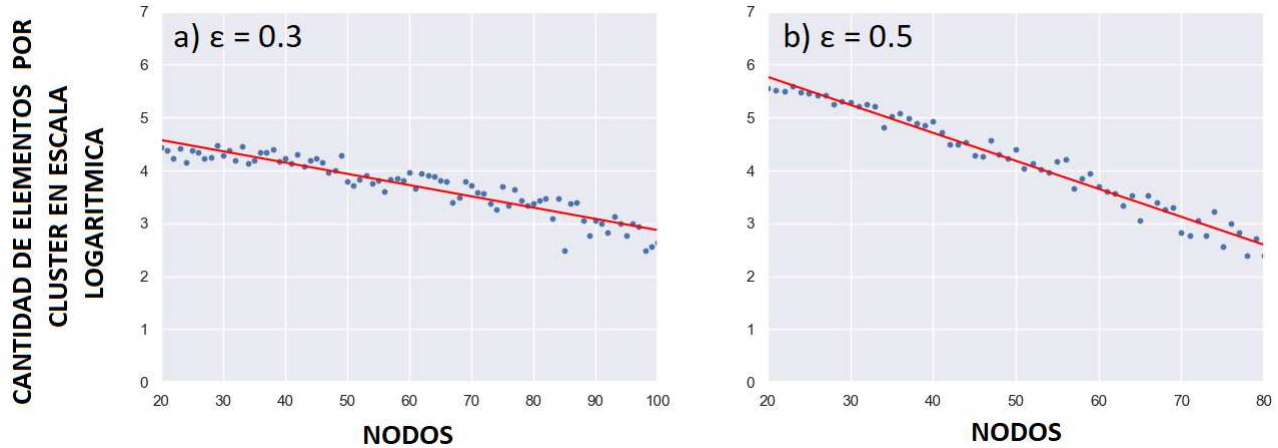


Figura 4.27: Logaritmo de la cantidad de elementos por *cluster* evaluadas en logaritmo natural a partir de la iteración 100000 hasta las 101000 iteraciones con $\langle k \rangle = 36$, pero con la restricción de hacer el ajuste lineal para una cantidad de elementos distintos de cero para tener una mejor aproximación en la función lineal. a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$ junto con sus respectivos ajustes lineales.

ε	Pendiente	Ordenada al origen	Índice de correlación lineal
0.3	-0.024	5.160	-0.960
0.5	-0.055	6.927	-0.982

Cuadro 18: Ajuste lineal de la cantidad de elementos por *cluster* para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

Cómo se hizo anteriormente se puede calcular un tamaño característico de los *clusters* teniendo en cuenta que la cantidad de elementos por *cluster* sigue una ley proporcional $e^{-ax} = e^{-x/b}$ donde $b = 1/a$ donde a es la pendiente mostrada en el Cuadro 18 y el tamaño característico de los *clusters* esta descrito en el Cuadro 19.

ε	Tamaño característico de los clusters
0.3	41
0.5	18

Cuadro 19: Tamaño característicos relacionado al ajuste lineal de la cantidad de elementos por *cluster* para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

El tamaño característico de los *clusters* mostrados en la Figura 19 dieron del mismo orden que los medidos para una red de $\langle k \rangle = 18$.

4.3.3. Clustering vs Grados de los nodos

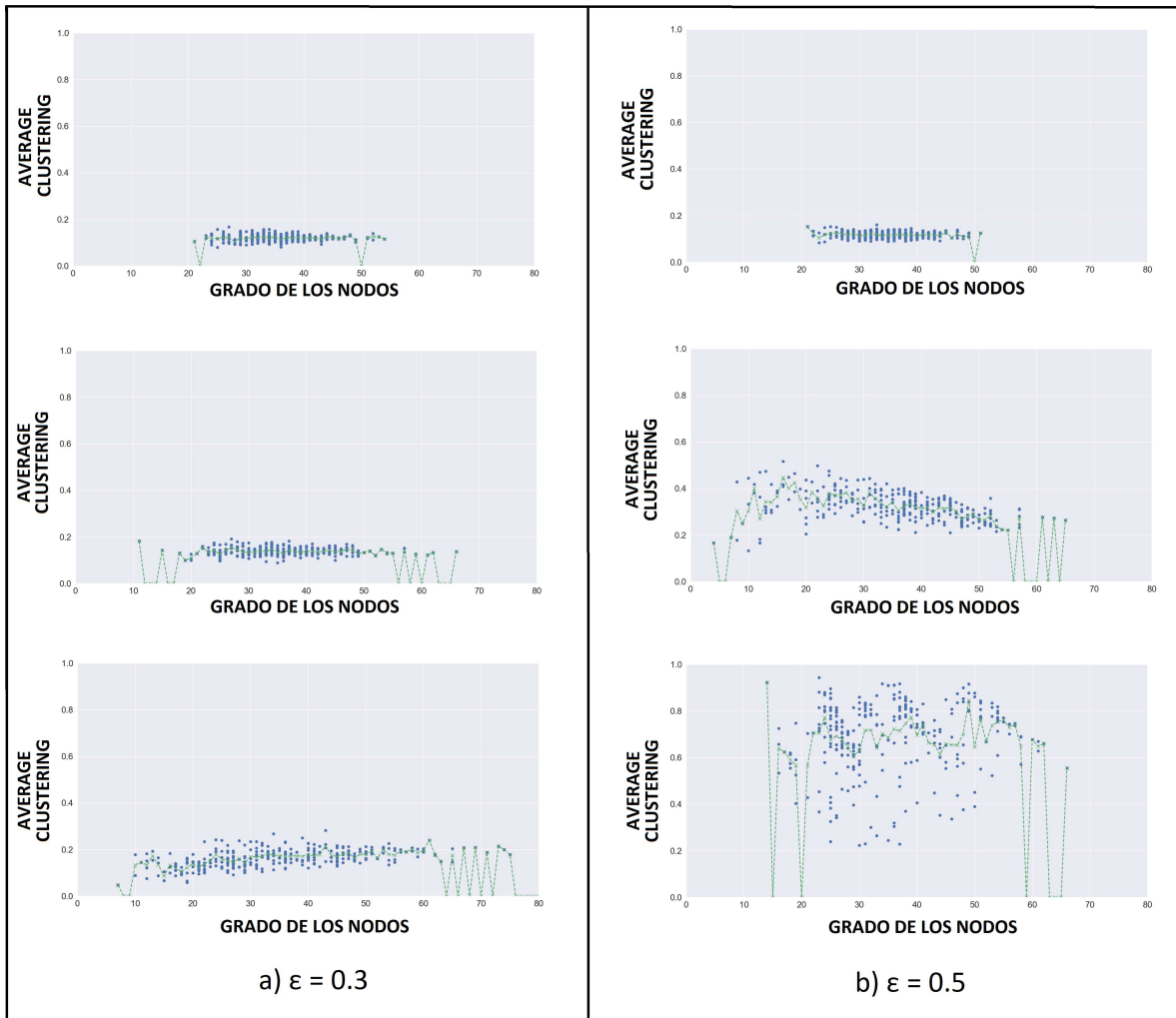


Figura 4.28: En azul el *Clustering* en función del grado del nodo con $\langle k \rangle = 36$ y en verde el valor medio del *clustering* en función del grado medio del nodo. La figura a) corresponde a $\epsilon = 0.3$ en las iteraciones 0, 10000, 100000. b) La figura a) corresponde a $\epsilon = 0.5$ en las iteraciones 0, 10000, 100000.

Puede apreciarse en la Figura 4.28 que los resultados medidos para éste nuevo valor de $\langle k \rangle$ fueron análogos a los medidos anteriormente pero con la diferencia que para la red *small world* se vió que los nodos con distintos grados tienen incluso un valor más alto de *clustering*.

4.3.4. Estructura de comunidades

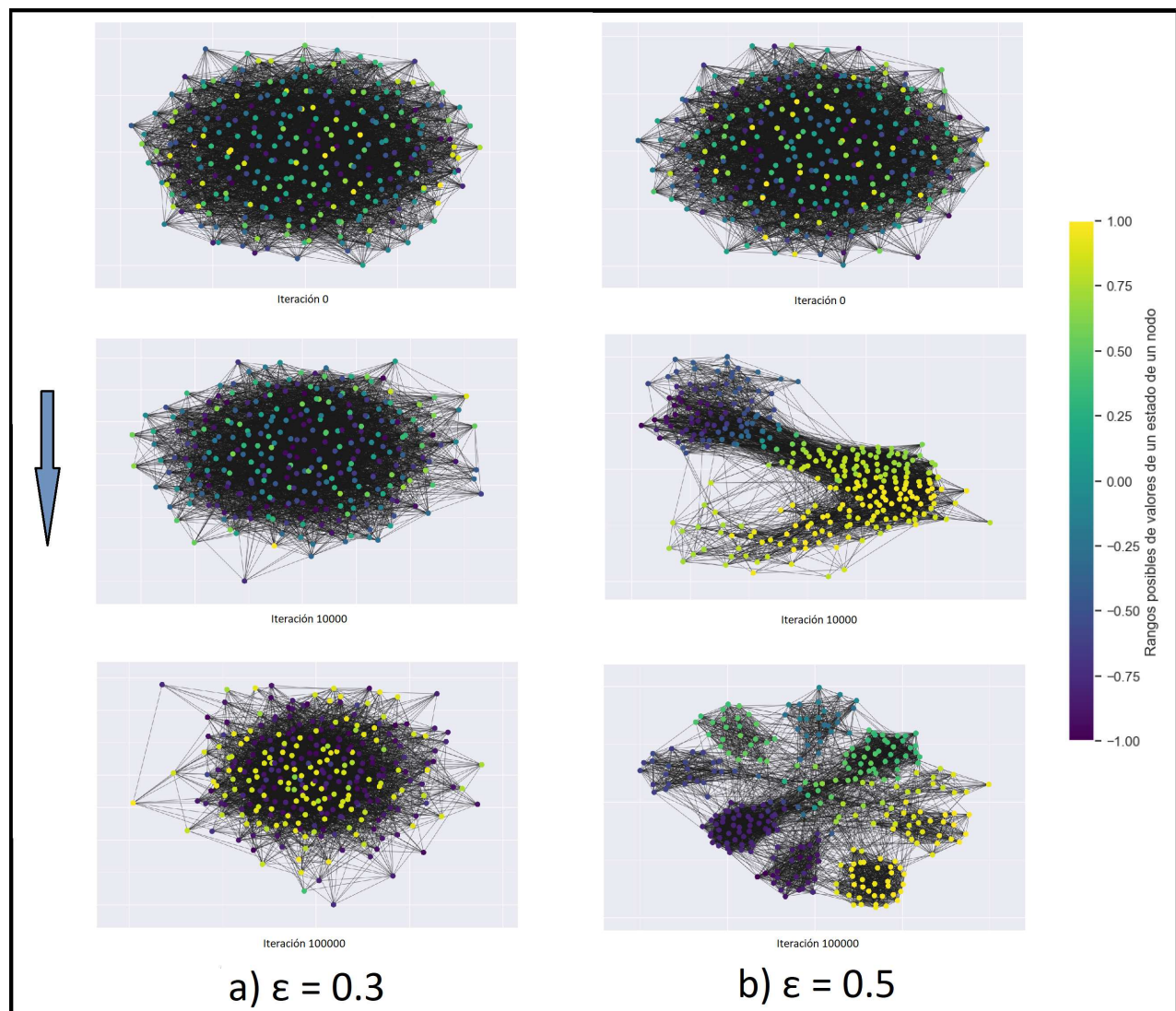


Figura 4.29: Estructura de comunidades y la relación entre los nodos con la dinámica de la red utilizando el algoritmo de Louvain de una red con $\langle k \rangle = 36$. La figura a) corresponde a $\varepsilon = 0.3$ en las iteraciones 0, 10000, 100000. b) La figura a) corresponde a $\varepsilon = 0.5$ en las iteraciones 0, 10000, 100000.

Los resultados de la estructura de comunidades para éste nuevo valor de $\langle k \rangle$ son análogos a los medidos anteriormente cómo puede apreciarse en la Figura 4.29.

4.3.5. Distribución de Grado

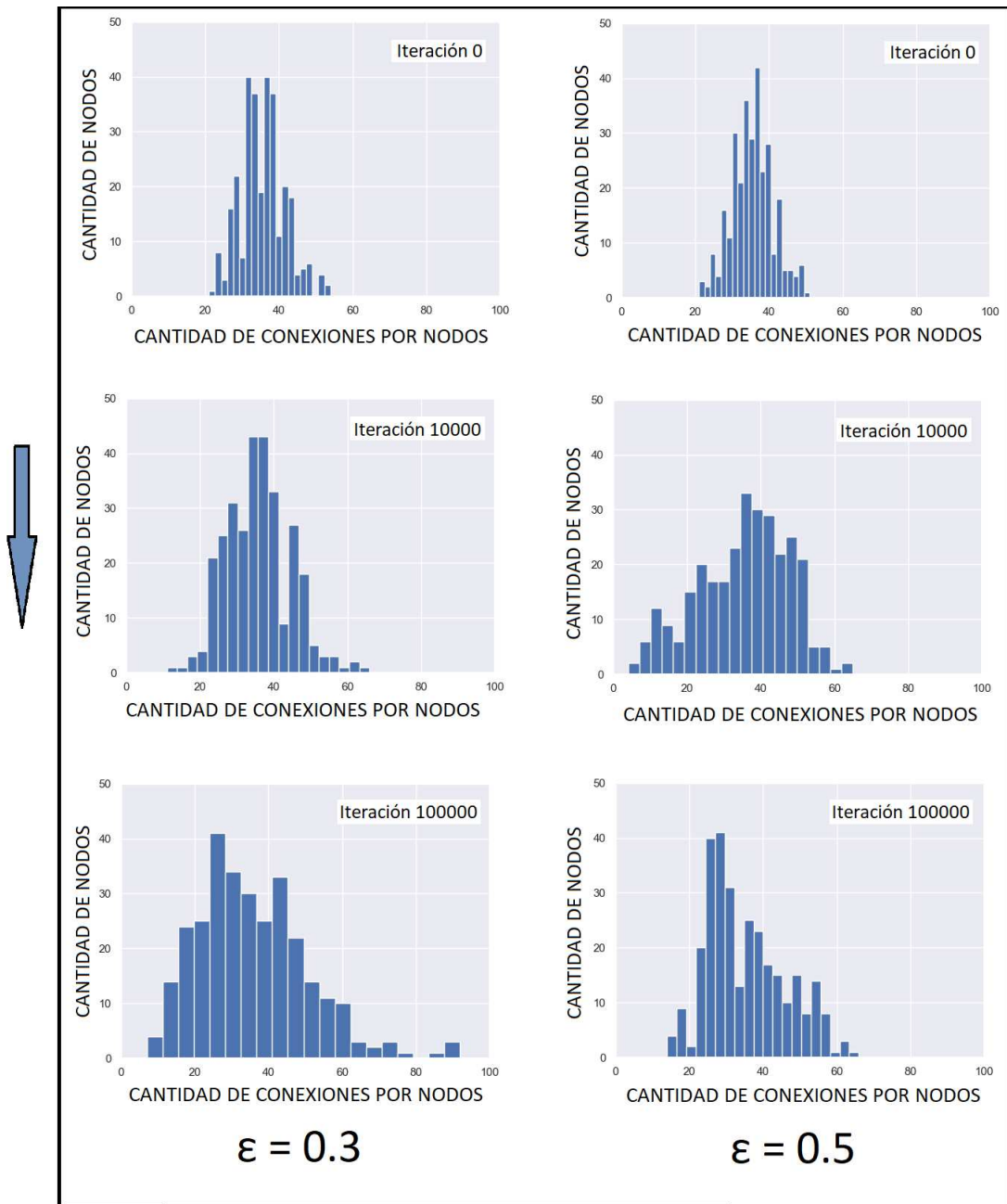


Figura 4.30: Histograma de los grados de los nodos con $\langle k \rangle = 36$. La figura a) corresponde a $\epsilon = 0.3$ y , a) en las iteraciones 0, 10000 y 100000. La figura b) corresponde a $\epsilon = 0.5$ y , a) en las iteraciones 0, 10000 y 100000.

Puede apreciarse en la Figura 4.30 que los resultados obtenidos de la distribución son similares a los obtenidos para $\langle k \rangle = 18$ pero aquí el cambio de la distribución a medida que el sistema evoluciona es más notorio. La distribución en la iteración 100000 para ambos valores de $\epsilon = 0.3, 0.5$ se mueve levemente hacia la izquierda.

4.3.6. Relación entre la estructura de la red y los estados dinámicos

En esta sección se realizaron nuevamente algunos análisis sobre la red del sistema con $\langle k \rangle = 36$ y su relación con los estados de los nodos.

En las figuras venideras se podrá observar con más detalle cómo pueden llegarse a formarse pequeñas comunidades en función del parámetro ε y debido al ordenamiento de las matrices en función a sus estados.

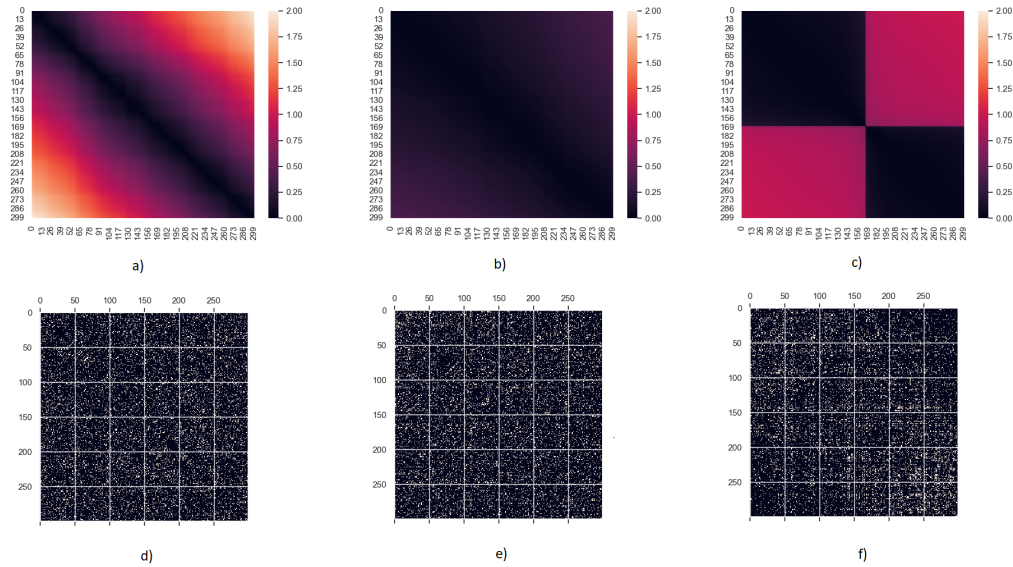


Figura 4.31: Figuras demostrativas para $\varepsilon = 0.3$

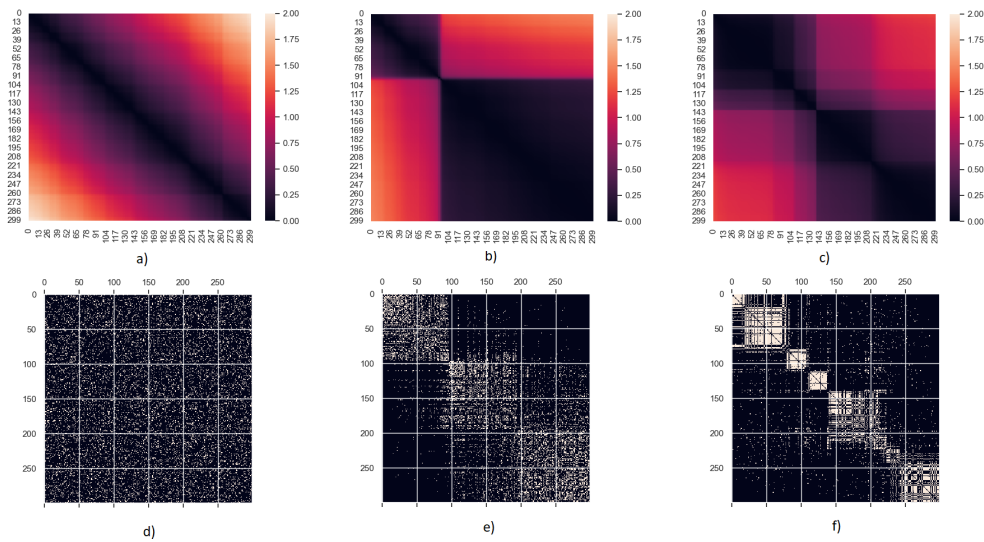


Figura 4.32: Figuras demostrativas para $\varepsilon = 0.5$

Los resultados obtenidos aquí para las matrices diferencia (colorizada) y de adyacencia son

similares cómo puede observarse en las Figuras 4.31 y 4.32. Por un lado en la matriz diferencia (colorizada) se observa que hay más nodos que logran acercarse en el espacio de los estados, y en la matriz de adyacencia hay más grupos de nodos conectados, todo esto debido al aumento de $\langle k \rangle$.

4.3.7. Búsqueda del punto crítico de la transición de fase

En esta sección se iteró varias veces hasta encontrar un punto de $\varepsilon = 0.330$ el cual es muy sensible a las condiciones iniciales, por lo que se iteró nuevamente éste punto varias veces de manera de ver éste comportamiento de punto metaestable.

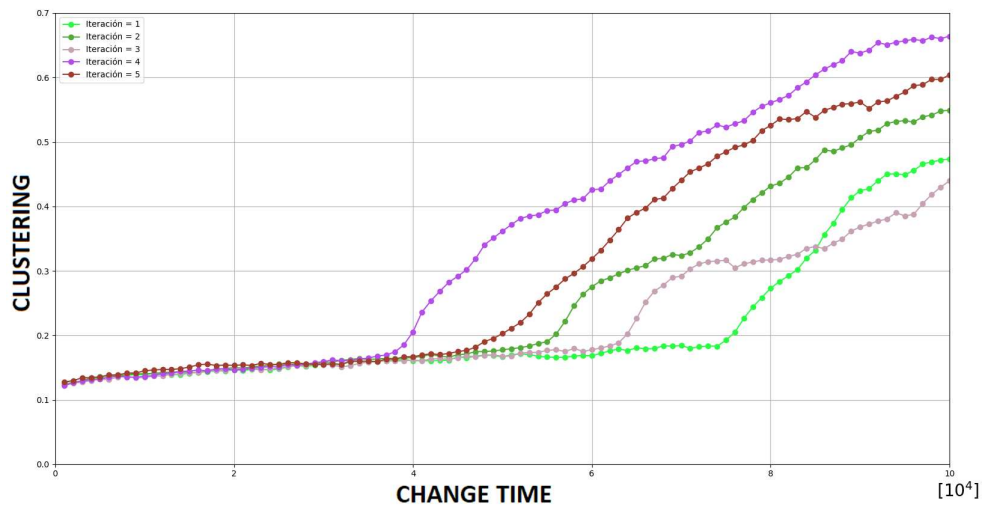


Figura 4.33: *Clustering* en función del tiempo cerca del valor crítico, calculándose cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo cableado adaptativo con $\langle k \rangle = 36$ para $\varepsilon = 0.330$ con distintas condiciones iniciales.

A diferencia de sistema con $\langle k \rangle = 18$ puede observarse en la Figura 4.33 cómo el factor de acople para éste nuevo sistema cambió, en particular hubo una disminución.

Resumen de los resultados para $\langle k \rangle = 36$

Clustering, path length y small world index

Todas las comparativas serán hechas con el sistema de $\langle k \rangle = 18$. Entonces, los resultados para el modelo de red adaptativa de Gong y Van Leeuwen con $\langle k \rangle = 36$ fueron:

- *Clustering, path length y small world index*: Hubo una tendencia más convergente con respecto evolución temporal de estos parámetros para las dos fases estudiadas. Por el lado del valor medio, en ambas fases se notó un leve incrementode debido al aumento de conexiones promedio por nodo.

- La cantidad de *clusters* formados (S_{cant}): La evolución temporal de éste parámetro al igual que su media es análoga a la anterior medición del sistema con menos conexiones en promedio.

Ventana temporal de los 1000 pasos sin rewiring

- El valor medio de los *clusters* ($\langle S \rangle$), el tamaño de los dos *clusters* más grandes ($S_1/N, S_2/N$), la cantidad de *clusters* formados (S_{cant}) y la cantidad de elementos por *clusters*: Las mediciones temporales de estos cuatro parámetros son análogas a las medidas en el sistema anterior con menos conexiones en promedio para $\langle k \rangle = 18$. En cuanto a los valores medios, hubo un leve incremento en éste caso siendo del mismo orden.

Clustering vs grados de los nodos

Los resultados de estas mediciones de $C(k)$ fueron análogas a las mediciones de la red con menos conexiones en promedio.

Estructura de comunidades

Los resultados de estas mediciones de las estructuras de comunidades fueron análogas a las mediciones de la red con menos conexiones en promedio.

Distribución de grado

Los resultados de estas mediciones fueron similares a las mediciones de la red con menos conexiones en promedio. Pero con la diferencia de un claro corrimiento de la distribución de probabilidad en las iteraciones finales para ambos ε .

Relación entre la estructura de la red y los estados dinámicos

Los resultados de estas mediciones fueron similares a las mediciones de la red con menos conexiones en promedio. Pero con la diferencia de un pequeño aumento de nodos más cercanos en el espacio de los estados y más estados conectados.

4.4. Estudio del modelo caótico con $\langle k \rangle = 54$

En esta sección se realizaron los cálculos nuevamente para $\langle k \rangle = 54$, es decir, lo que varía aquí es la cantidad de vecinos promedio que tiene cada nodo, en éste caso es tres veces más grande que el caso de Gong y Van Leeuwen.

4.4.1. Clustering, path length y small world index

Estos parámetros calculados para $\langle k \rangle = 54$ dieron resultados diferentes a los anteriores, esto es, se puede observar en la Figura 4.34 una transición de fase para un parámetro de acople que esta entre los valores $0.1 < \varepsilon < 0.2$.

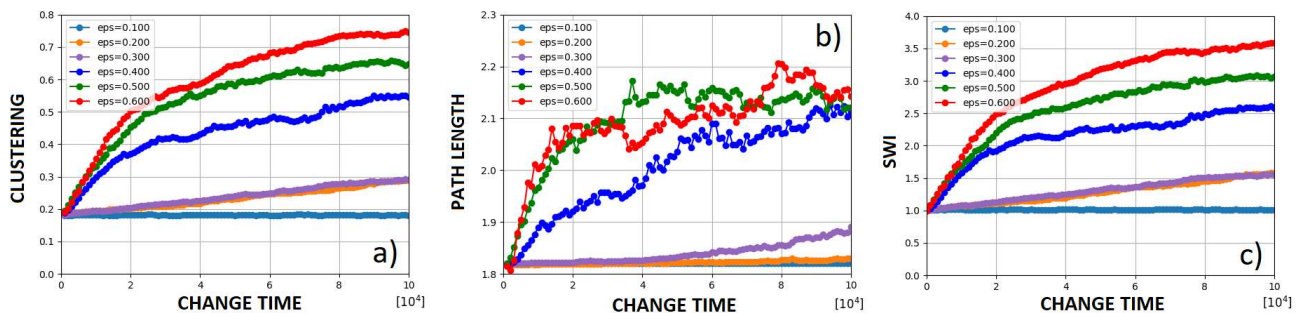


Figura 4.34: a) *Clustering*, b) *path length* y c) *small world index* todo en función de las iteraciones calculándose cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo cableado adaptativo con $\langle k \rangle = 54$ para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6\}$.

ε	Media (<i>Clustering</i>)	STD (<i>Clustering</i>)
0.1 - 0.3	0.245	0.007
0.4 - 0.6	0.634	0.015

Cuadro 20: Promedio y desviación estándar (STD) del *clustering* para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}, \{0.4, 0.5, 0.6\}$.

ε	Media (<i>Path length</i>)	STD (<i>Path length</i>)
0.1 - 0.3	1.838	0.005
0.4 - 0.6	2.130	0.0190

Cuadro 21: Promedio y desviación estándar (STD) del *path length* para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}, \{0.4, 0.5, 0.6\}$.

ε	Media (<i>SWI</i>)	STD (<i>SWI</i>)
0.1 - 0.3	1.337	0.034
0.4 - 0.6	3.003	0.062

Cuadro 22: Promedio y desviación estándar (STD) del *small world index* (*SWI*) para $\varepsilon = \{0.1, 0.2, 0.3\}$, $\{0.4, 0.5, 0.6\}$.

En las mediciones al sistema con el nuevo $\langle k \rangle$ es notoria la diferencia de la evolución temporal respecto a las mediciones con $\langle k \rangle = 18$ cómo puede apreciarse en la Figura 4.34. En primera instancia se puede observar cómo la transición de fase ahora está en un intervalo diferente de ε , además las gráficas del *clustering* para distintos valores de ε no tienden a converger. Esto último mencionado con respecto al *clustering* también pasa para las evoluciones temporales del *path length* y el *small world index*.

Luego, en relación a la media de estos parámetros cómo puede apreciarse en los Cuadros 20, 21 y 22. Aquí hubo un aumento notorio para la media del *clustering*. Por otro lado el *path length* es del orden al sistema anterior, y finalmente el *small world index* tuvo una disminución en la media respecto a la red con $\langle k \rangle = 18$. Por un lado los resultados del *clustering* son esperados debido al aumento de las conexiones en promedio. Por último hubo una disminución respecto al valor del *small world index* para $\varepsilon = 0.5$ pero éste sigue siendo mayor que 1 por lo que nos indica un comportamiento de red de mundo pequeño, y la razón de su disminución es la misma que el caso $\langle k \rangle = 36$, es decir, el aumento de conexiones por nodo en promedio.

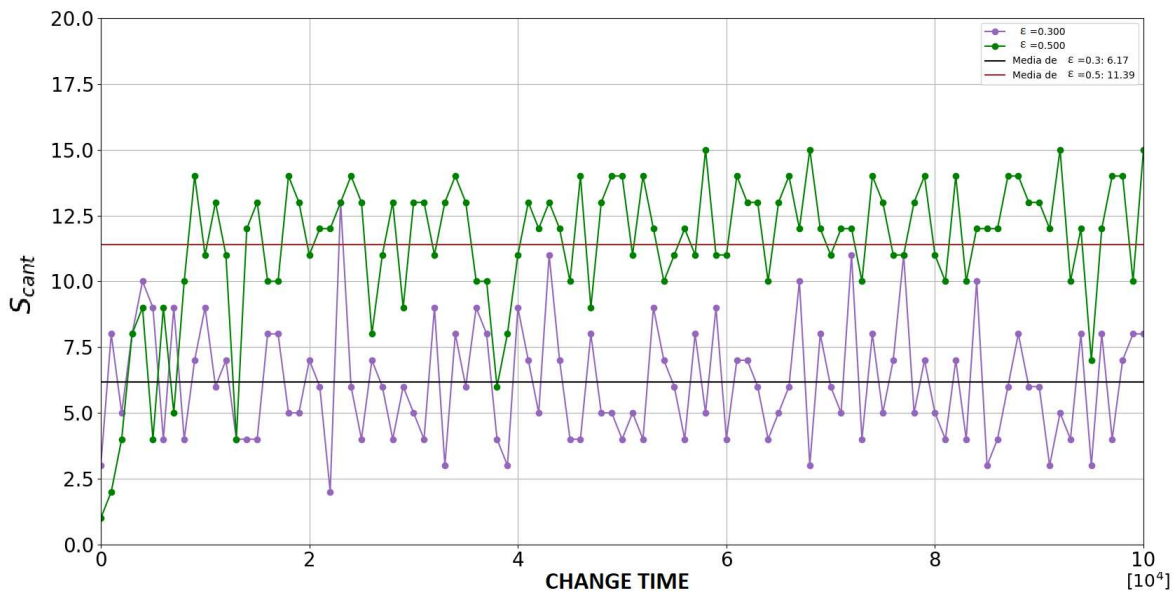


Figura 4.35: Cantidad de clusters formados a lo largo de toda la evolución del sistema para $\varepsilon = 0.3, 0.5$ con $\langle k \rangle = 54$.

ε	Media (S_{cant})	STD (S_{cant})
0.3	6.168	2.220
0.5	11.386	2.75

Cuadro 23: Promedio y desviación estándar (STD) de S_{cant} a lo largo de las 100000 iteraciones para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

Respecto a la evolución temporal de S_{cant} se puede observar en la Figura 4.35 que esta es muy similar a la de $\langle k \rangle = 18$. Luego puede observarse en el Cuadro 23 que su media para una red de mundo pequeño es notoriamente mayor debido al aumento de conexiones por nodos en promedio.

4.4.2. Otros parámetros para la caracterización del sistema

En esta sección se calcularon nuevamente los parámetros $\langle S \rangle$, S_1/N , S_2/N y S_{cant} para una nueva red con $\langle k \rangle = 54$ en una ventana temporal de 1000 pasos sin realizar un recableado adaptativo.

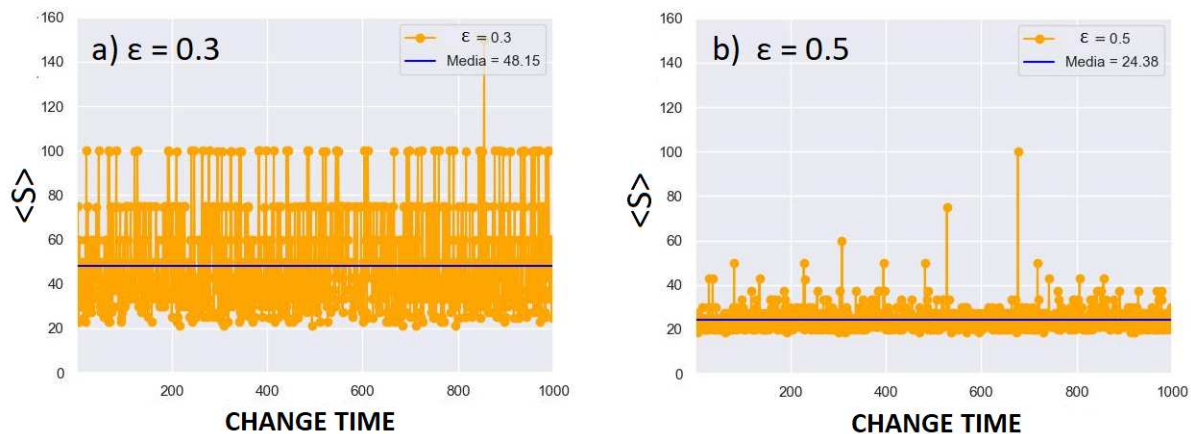


Figura 4.36: Valor medio del tamaño de los clusters a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

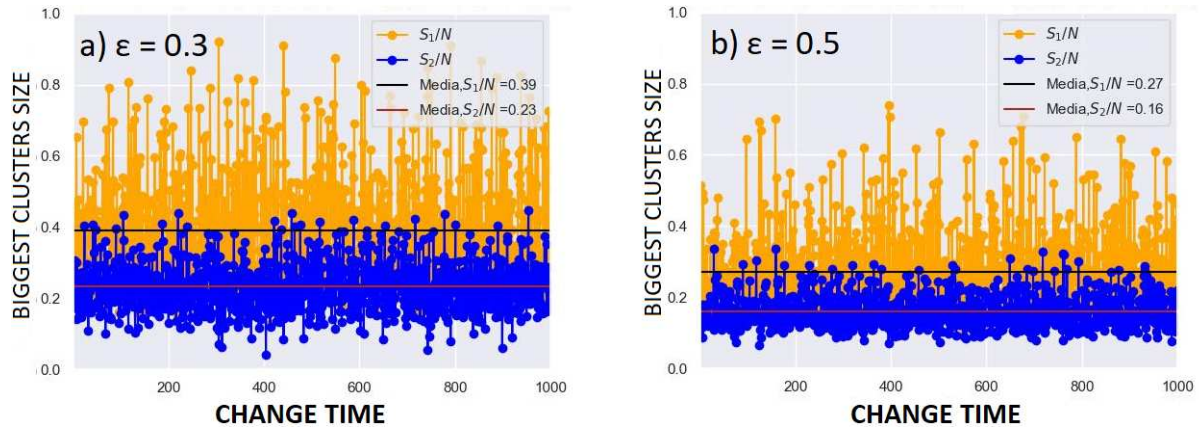


Figura 4.37: Tamaño del primer y segundo cluster más grande normalizados a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo para a) $\epsilon = 0.3$ y b) $\epsilon = 0.5$.

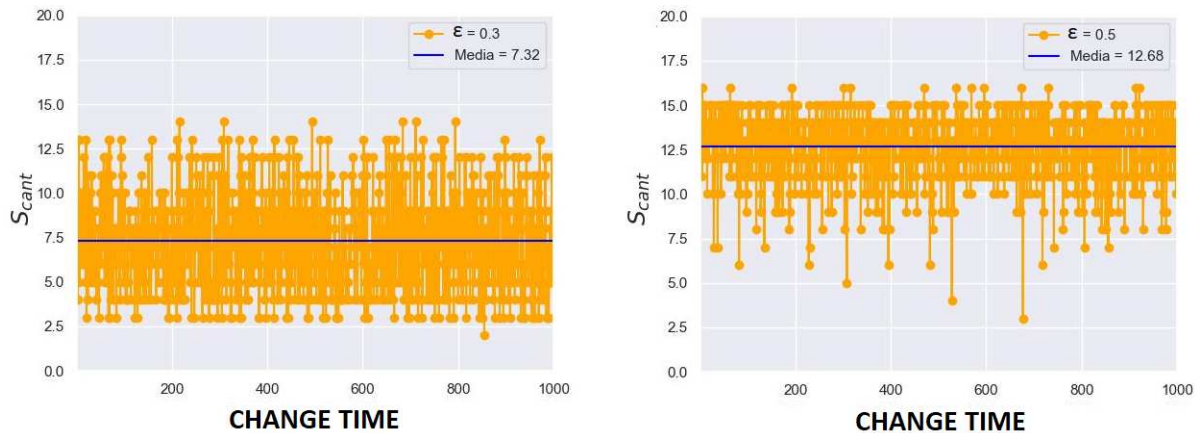


Figura 4.38: Cantidad de *clusters* formados a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo para a) $\epsilon = 0.3$ y b) $\epsilon = 0.5$.

ϵ	Media ($\langle S \rangle$)	STD ($\langle S \rangle$)
0.3	48.15	20.94
0.5	24.38	5.40

Cuadro 24: Promedio y desviación estándar (STD) de $\langle S \rangle$ para $\epsilon = 0.3, 0.5$.

En esta sección se observó una alta dispersión de las evoluciones temporales para estos tres parámetros en las Figuras 4.36, 4.37 y 4.38 a diferencia de los calculados para la red asociada a $\langle k \rangle = 18$. Esto es debido a la cantidad de enlaces que tiene la red en comparación a la que se tiene de referencia. Esto es debido a que al tener tantas conexiones, las posibilidades de conexión con otros nodos aumentan haciendo que varíen todos estos parámetros.

Respecto a los valores medios cómo puede observarse en los Cuadros 24, 25 y 26 se notó un incremento considerable del valor medio de $\langle S \rangle$ cuando la red evoluciona temporalmente

ε	Media (S_1/N)	STD (S_1/N)	Media (S_2/N)	STD (S_2/N)
0.3	0.39	0.15	0.23	0.07
0.5	0.27	0.11	0.16	0.04

Cuadro 25: Promedio y desviación estándar (STD) de S_1/N y S_2/N para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

ε	Media (S_{cant})	STD (S_{cant})
0.3	7.32	2.74
0.5	12.68	1.92

Cuadro 26: Promedio y desviación estándar (STD) de S_{cant} para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

para la red de mundo pequeño en comparación a la red asociada a $\langle k \rangle = 18$. Los demás parámetros tienen un orden similar a los calculados en esta sección.

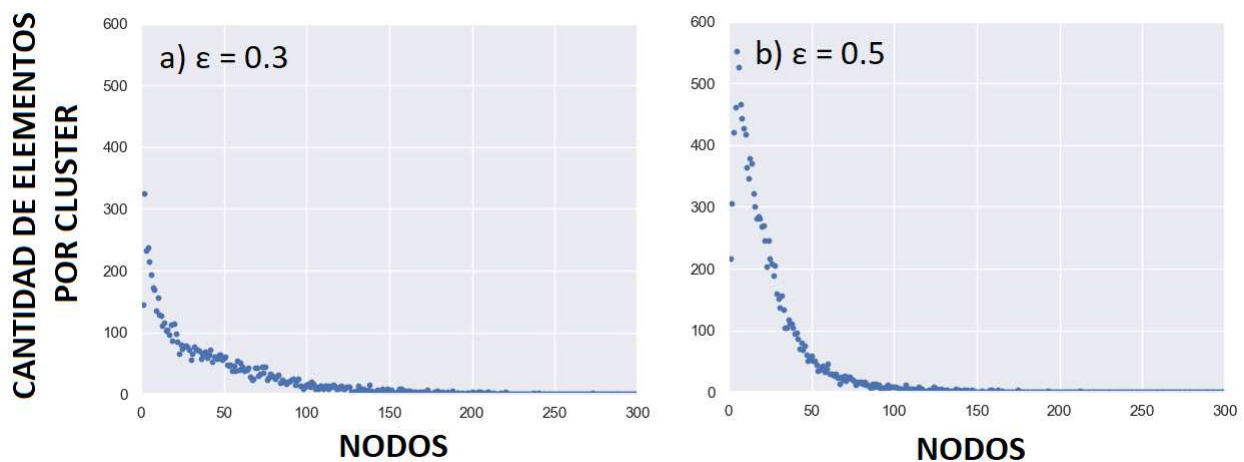


Figura 4.39: Histograma de la cantidad de elementos por *cluster* a partir de que el *clustering* haya saturado en función de 1000 pasos de tiempo con $\langle k \rangle = 54$ para a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$.

Entonces, en la figura 4.39 puede verse que las dos gráficas tienen una distribución de Poisson del tipo e^{-ax} , por lo que se consideró hacer una regresión lineal, y cómo resultado se obtuvo lo siguiente.

ε	Pendiente	Ordenada al origen	Índice de correlación lineal
0.3	-0.022	5.019	-0.940
0.5	-0.046	6.372	-0.983

Cuadro 27: Ajuste lineal de la cantidad de elementos por *cluster* para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

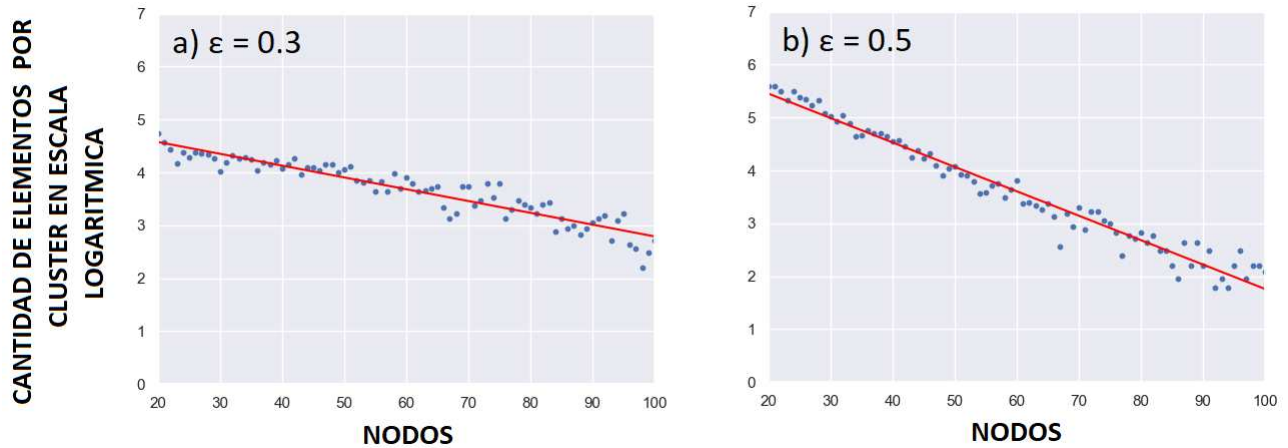


Figura 4.40: Logaritmo de la cantidad de elementos por *cluster* evaluadas en logaritmo natural a partir de la iteración 100000 hasta las 101000 iteraciones con $\langle k \rangle = 54$, pero con la restricción de hacer el ajuste lineal para una cantidad de elementos distintos de cero para tener una mejor aproximación en la función lineal. a) $\varepsilon = 0.3$ y b) $\varepsilon = 0.5$ junto con sus respectivos ajustes lineales.

Cómo se hizo anteriormente se puede calcular un tamaño característico de los *clusters* teniendo en cuenta que la cantidad de elementos por *cluster* sigue una ley proporcional $e^{-ax} = e^{-x/b}$ donde $b = 1/a$ donde a es la pendiente mostrada en el Cuadro 27 y el tamaño característico de los *clusters* esta descrito en el Cuadro 28.

ε	Tamaño característico de los clusters
0.3	45
0.5	21

Cuadro 28: Tamaño característico relacionado al ajuste lineal de la cantidad de elementos por *cluster* para $\varepsilon = 0.3, 0.5$.

Respecto al histograma de la cantidad de elementos por *clusters* en la Figura 4.39 y el tamaño característico de los *clusters* en la Figura 28 dieron del mismo orden que el parámetro asociado a $\langle k \rangle = 18$.

4.4.3. Clustering vs Grados de los nodos

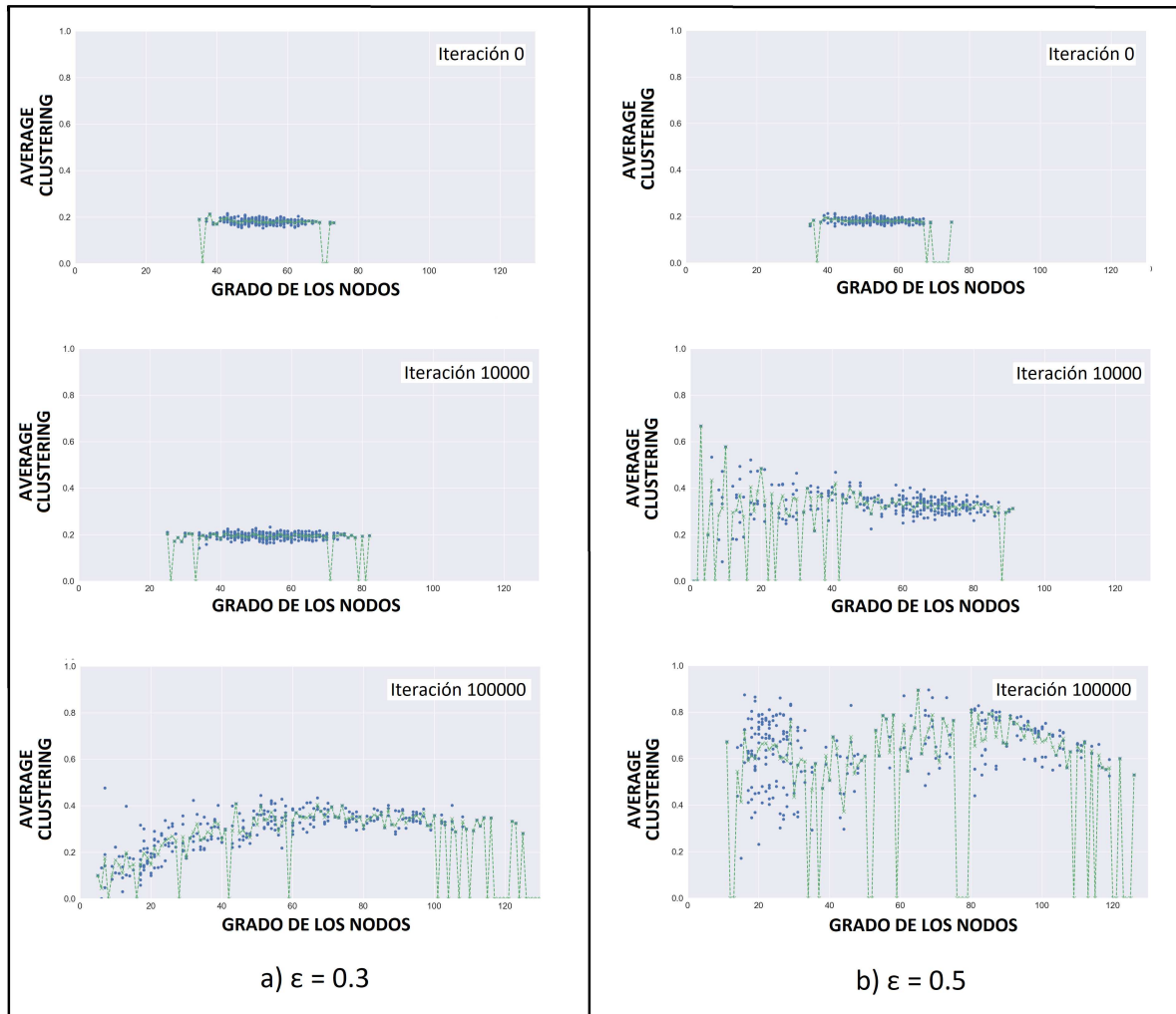


Figura 4.41: En azul el *clustering* en función del grado del nodo con $\langle k \rangle = 54$ y en verde el valor medio del *clustering* en función del grado medio del nodo. La figura a) corresponde a $\varepsilon = 0.3$ en las iteraciones 0, 10000, 100000. b) La figura a) corresponde a $\varepsilon = 0.5$ en las iteraciones 0, 10000, 100000.

En esta sección se observaron ciertos cambios que pueden apreciarse en la Figura 4.41. Por un lado, que para la red de *small world* con $\varepsilon = 0.5$ en la última iteración cómo en promedio el *clustering* aumenta para nodos con distintos grados, en particular, con nodos de alta conectividad y baja conectividad. Esto indica la creación de *hubs*, esto es, nodos que tienen un alto grado de conectividad. Debido a la alta cantidad de conexiones los nodos con grado alto van a tender a conectarse con nodos de bajo grado, a éste tipo de redes se les llama redes disasortativas. Por otro lado, para $\varepsilon = 0.3$ puede verse en la última iteración cómo hay un incremento de *clustering* para una alta variedad de grados de nodos, a su vez, el *clustering* se mantiene relativamente constante para casi toda la variedad de grados de los nodos.

4.4.4. Estructura de comunidades

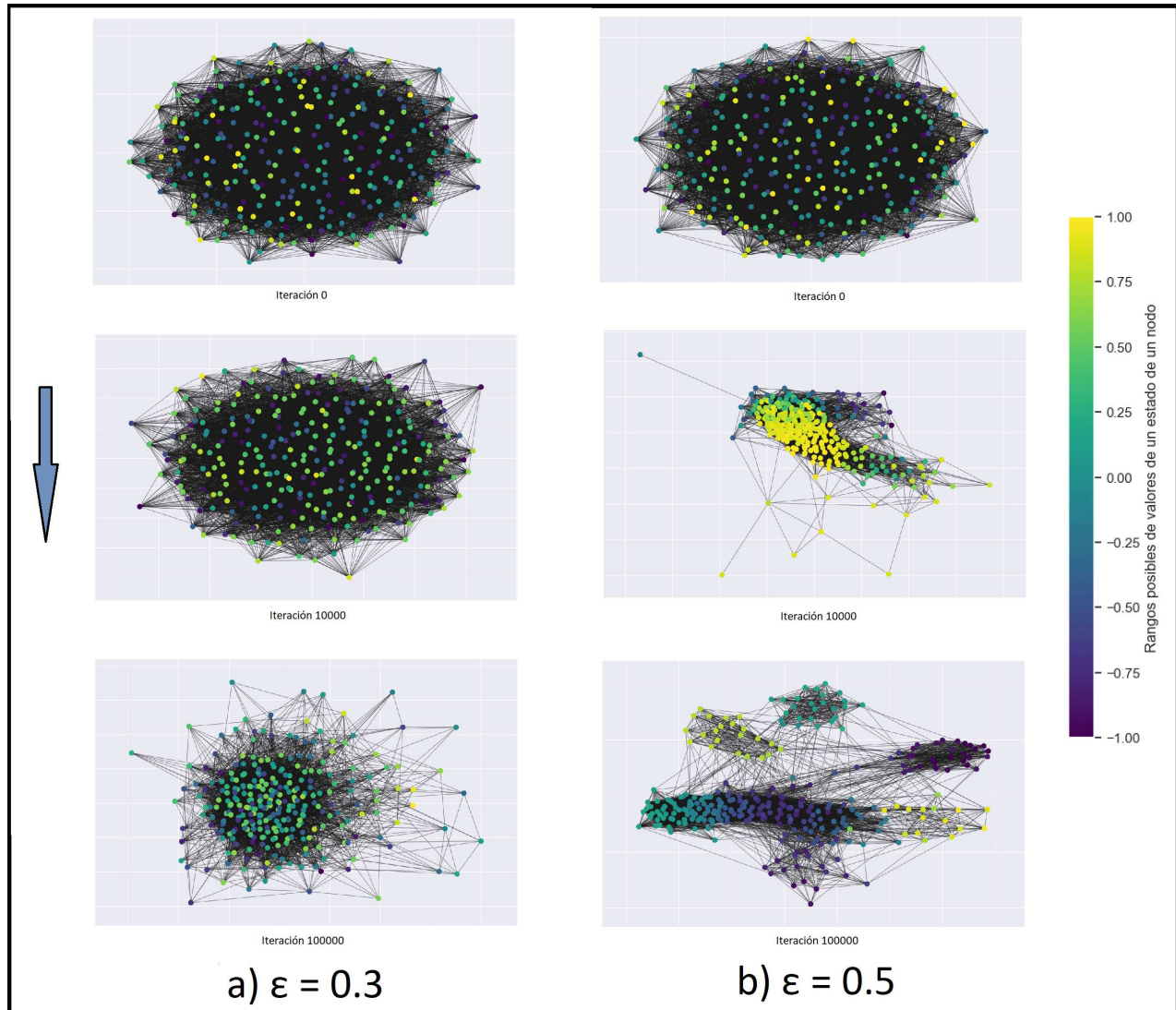


Figura 4.42: Estructura de comunidades y la relación entre los nodos con la dinámica de la red utilizando el algoritmo de Louvain de una red con $\langle k \rangle = 54$. La figura a) corresponde a $\epsilon = 0.3$ en las iteraciones 0, 10000, 100000. b) La figura a) corresponde a $\epsilon = 0.5$ en las iteraciones 0, 10000, 100000.

En esta sección es notorio el aumento de la cantidad de enlaces en la red gracias a la Figura 4.42. Respecto a la fenomenología de la red, el comportamiento es similar al anterior pero con la diferencia en cómo se agrupan los nodos, ya que al haber más enlaces es posible crear más grupos con nodos de un estado más cercano.

4.4.5. Distribución de Grado

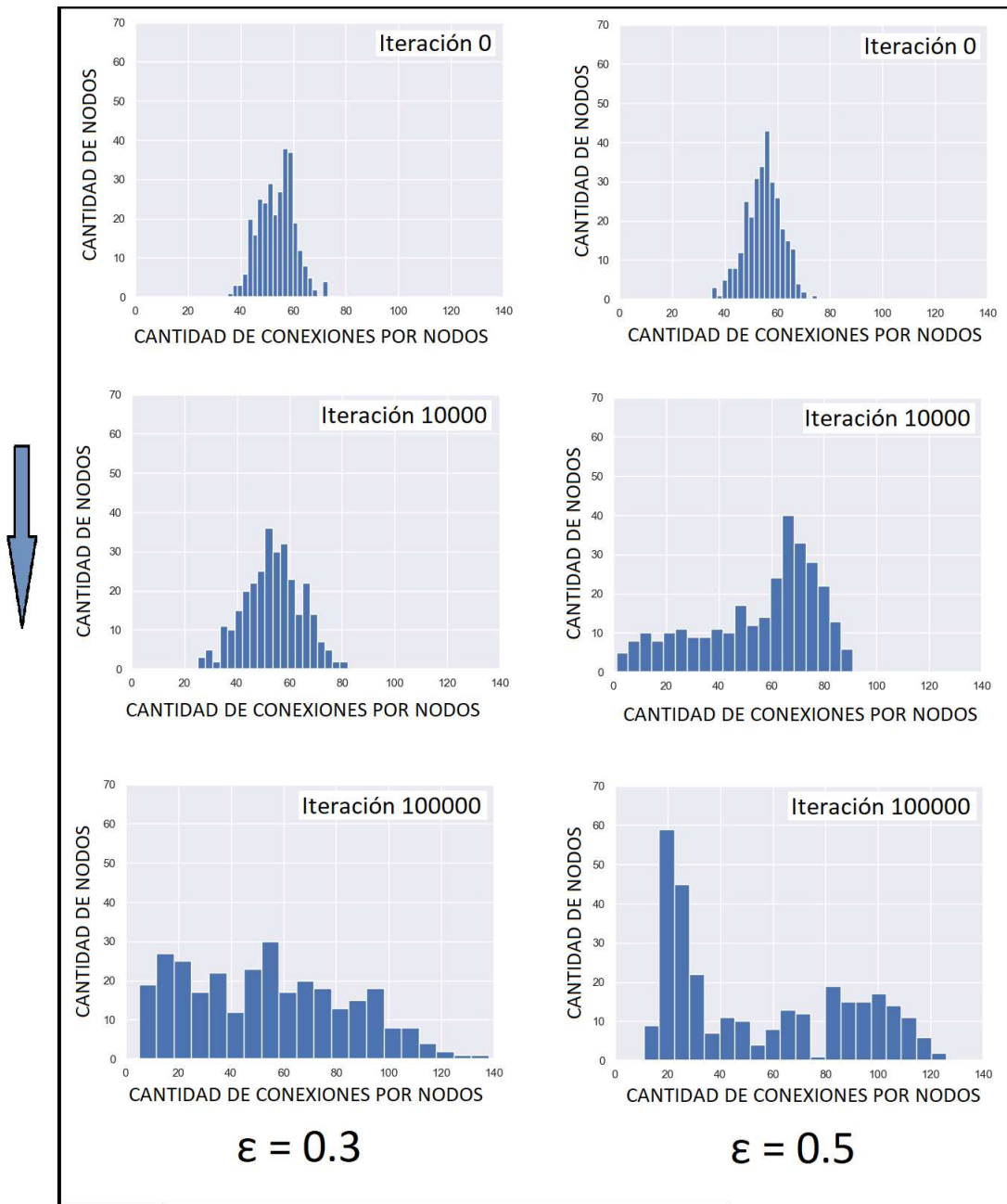


Figura 4.43: Histograma de los grados de los nodos con $\langle k \rangle = 54$. La figura a) corresponde a $\epsilon = 0.3$ y , a) en las iteraciones 0, 10000 y 100000. La figura b) corresponde a $\epsilon = 0.5$ y , a) en las iteraciones 0, 10000 y 100000.

Gracias a la Figura 4.43 puede observarse que es notoria cómo cambia la distribución de probabilidad para las últimas iteraciones, perdiendo totalmente el comportamiento de una red aleatoria.

4.4.6. Relación entre la estructura de la red y los estados dinámicos

En esta sección se realizaron nuevamente algunos análisis sobre la red del sistema con $\langle k \rangle = 54$ y su relación con los estados de los nodos.

En las Figuras 4.44 y 4.45 se podrá observar con más detalle cómo pueden llegarse a formarse pequeñas comunidades en función del parámetro ε y debido al ordenamiento de las matrices en función a sus estados.

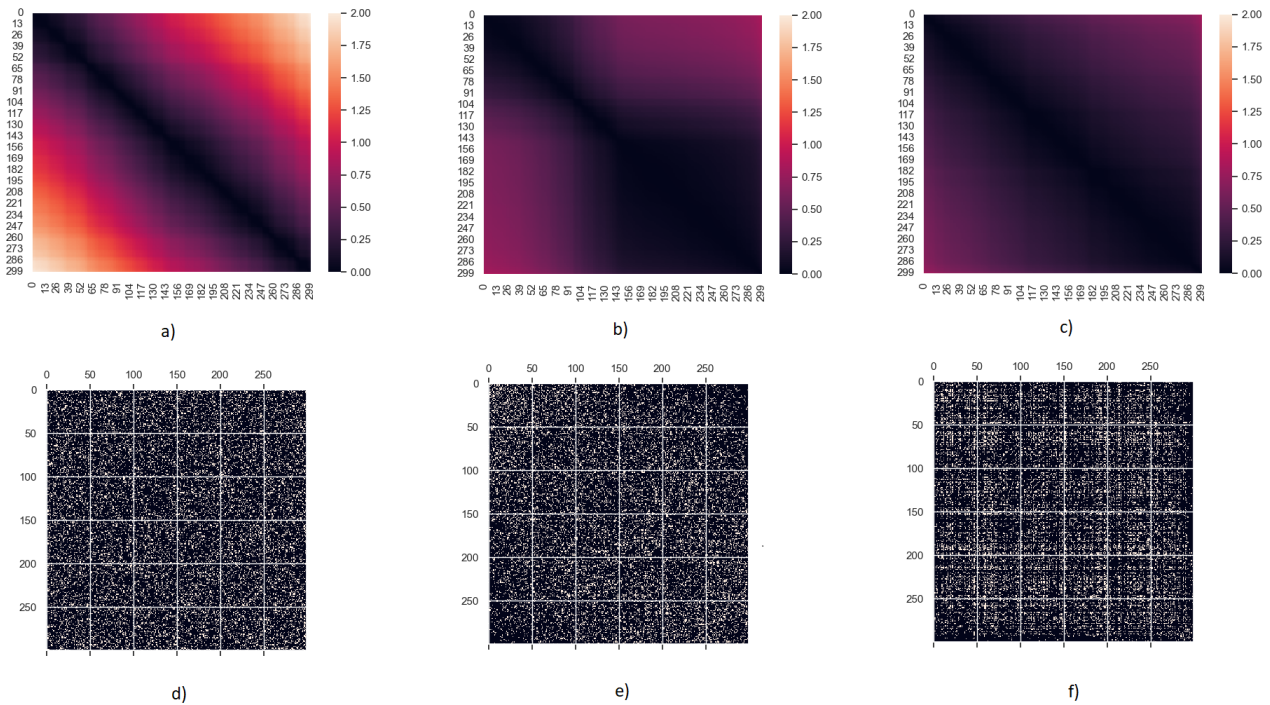


Figura 4.44: Figuras demostrativas para $\varepsilon = 0.3$

En esta sección se observó un comportamiento similar para la red *random* con $\varepsilon = 0.3$ en la Figura 4.44 con la matriz diferencia (colorizada), esto es que es notorio de que hay más nodos conectados que con la red asociada a $\langle k \rangle = 18$ a pesar de tener un bajo valor de acople. Luego respecto a la red *small world* para $\varepsilon = 0.5$ en la Figura 4.45 es notorio cómo hay una cantidad de nodos más cercanos en el espacio de los estados para la matriz diferencia (colorizada). Además en la matriz de adyacencia se puede ver cómo aumenta la cantidad de nodos conectados a diferencia de antes.

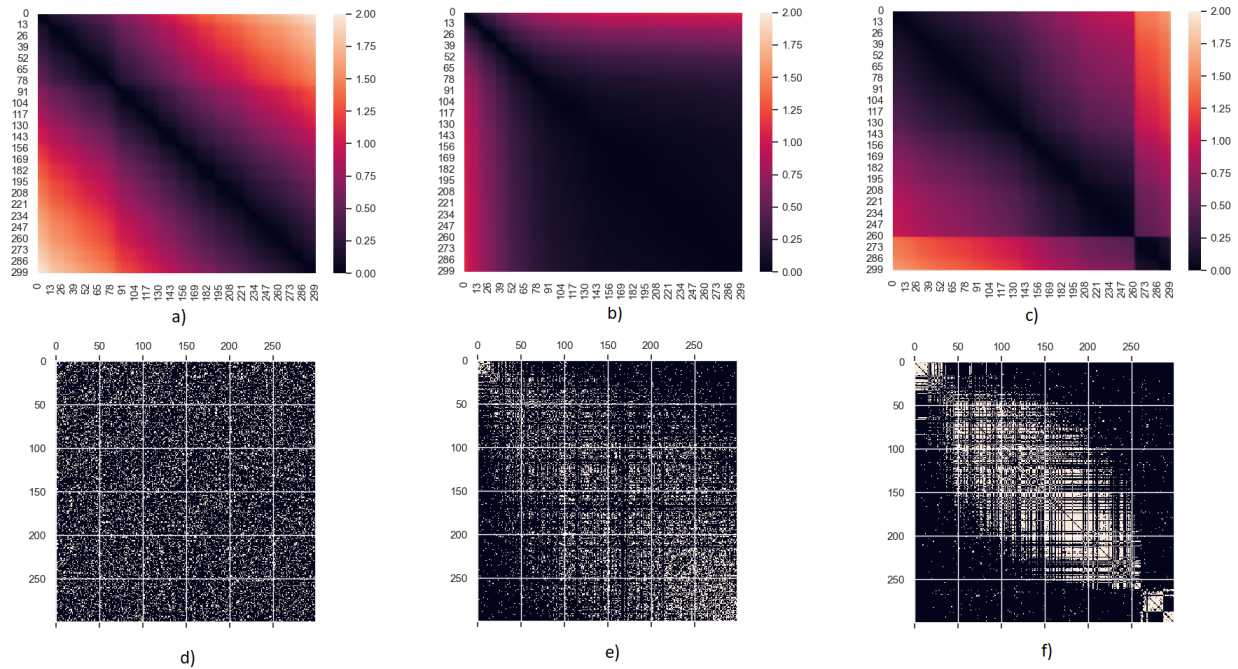


Figura 4.45: Figuras demostrativas para $\varepsilon = 0.5$

4.4.7. Búsqueda del punto crítico de la transición de fase

En éste caso, al buscar el *punto crítico* pudo observarse que a priori éste se encontraba en entre dos valores $0.1 < \varepsilon < 0.2$ cómo se puede observarse en la Figura 4.34. Pero al iterar dentro de éste intervalo del factor de acople se encontró un cambio en el tipo de transición cómo puede notarse en la Figura 4.46.

La Figura 4.46 muestra que para éste nuevo valor de $\langle k \rangle$ la transición de fase no sucede para un punto en específico, es decir, deja de ser una transición de transición discontinua. Ahora puede verse cómo esta transición pasa a ser una transición de fase continua a diferencia de antes.

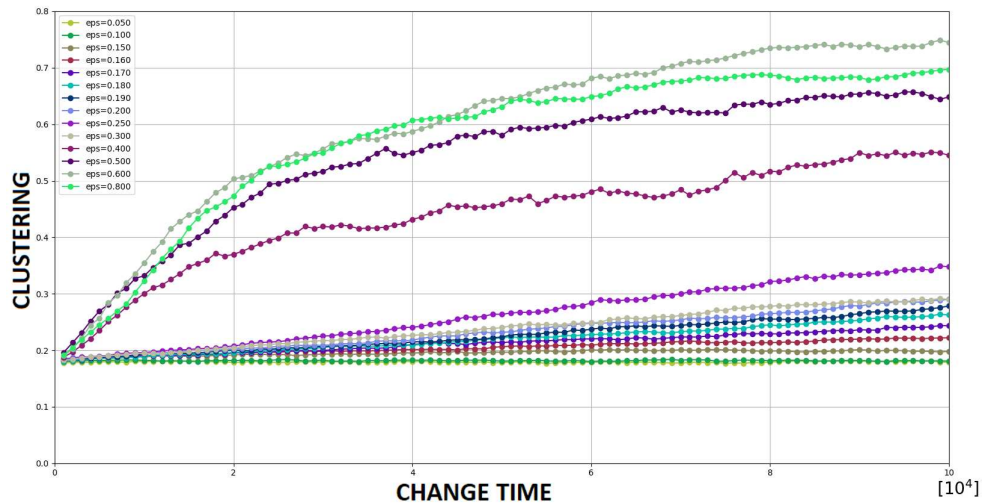


Figura 4.46: *Clustering* en función del tiempo cerca del valor crítico, calculándose cada vez que se cambia una conexión cómo resultado de un nuevo cableado adaptativo con $\langle k \rangle = 54$ para $\varepsilon = \{0.05, 0.100, 0.150, 0.160, 0.170, 0.180, 0.190, 0.200, 0.250, 0.300, 0.400, 0.500, 0.600, 0.800\}$.

Resumen de los resultados para $\langle k \rangle = 54$

Clustering, path length y small world index

En síntesis, los resultados para el modelo de red adaptativa de Gong y Van Leeuwen con $\langle k \rangle = 54$ fueron:

- *Clustering, path length y small world index*: En cuanto a la evolución temporal de estos parámetros, es notorio el indicativo del cambio del tipo de transición de fase. Respecto al valor medio de estos parámetros hubo un leve aumento en estos pero siendo análogos a los anteriormente calculados.
- La cantidad de *clusters* formados (S_{cant}): La evolución temporal de éste parámetro al igual que su media es análoga a la anterior medición del sistema con menos conexiones en promedio.

Ventana temporal de los 1000 pasos sin rewiring

- El valor medio de los *clusters* ($\langle S \rangle$), el tamaño de los dos *clusters* más grandes ($S_1/N, S_2/N$), la cantidad de *clusters* formados (S_{cant}) y la cantidad de elementos por *clusters*: Las mediciones temporales de estos cuatro parámetros son análogas a las medidas en el sistema anterior con menos conexiones en promedio para $\langle k \rangle = 18$. En cuanto a los valores medios, hubo un leve incremento en éste caso siendo del mismo orden.

Clustering vs grados de los nodos

Lo más destacado en esta sección fue notar el comportamiento de red, es decir, una red asortativa cómo también la creación de nodos *hubs* ambas para las redes *small world*.

Estructura de comunidades

En esta sección los resultados fueron análogos a los calculados anteriormente. Con la diferencia de al tener más enlaces disponibles, puede verse cómo pueden crearse comunidades con nodos con estados más cercanos.

Distribución de grado

Es notoria la diferencia en las últimas iteraciones de cómo cambia la distribución de grado respecto a la distribución de una red aleatoria.

Relación entre la estructura de la red y los estados dinámicos

En general en esta sección puede verse gracias a la matriz diferencia cómo los nodos tienden a estar más cerca y gracias a la matriz adyacencia cómo los nodos se conectan formando más clusters, todo esto gracias al aumento de $\langle k \rangle$.

5. Conclusiones

En éste trabajo se investigó la relación entre la actividad caótica de los estados de los nodos de una red y la evolución de la estructura de la red a partir de la interacción de los nodos. Como punto de partida se utilizó el trabajo de Gong y Van Leewuen [2] que propuso un modelo para investigar la relación entre la actividad caótica de los estados de ciertos nodos y la evolución de una estructura de una red compleja. Ellos observaron que la dinámica permite la emergencia de estructuras de red de mundo pequeño para cierto rango de parámetros.

En esta tesis se estudió con detalle el modelo, caracterizando una transición de fase entre un estado donde una red inicial aleatoria no ve modificada su estructura y una fase que permite la emergencia de redes complejas con estructura de mundo pequeño.

Para caracterizar esta transición se variaron diferentes parámetros tales como el parámetro a relacionado con la dinámica del mapa logístico, el parámetro δ asociado a una distancia de referencia en el espacio de los estados que determinaba la conexión entre un par de nodos, el parámetro $\langle k \rangle$ que indica el valor medio del grado de los nodos de una red (esta relacionado a la cantidad de conexiones total de la red), el parámetro T que indicaba uno de los posibles valores en el tiempo de paso que se le da al mapa logístico acoplado, el otro parámetro posible era *iteraciones* que representa al intervalo de tiempo discreto relacionado al *rewiring* o recableado de cada nodo.

En una primera etapa se usaron los mismos parámetros del trabajo de Gong y Van Leewuen tales como, $T = 800$, $a = 1.7$, $\delta = 0.1$ pero variando $\varepsilon \in [0,1]$ para ver el comportamiento de la red del mismo. Una vez que los resultados de Gong y Van Leewuen fueron reproducidos para un valor de $\langle k \rangle = 18$ se realizaron nuevos cálculos pero ahora variando éste parámetro $\langle k \rangle$. Se estudió el efecto que produce la variación de éste parámetro en la estructura de red emergente y en la transición de fase.

Por un lado, se observó que al disminuir el valor medio del grado de los nodos el algoritmo genera estructuras de red con nodos desconectados. Por otro lado, al incrementar el grado medio de los nodos se observó que la transición entre las fases se vuelve continua.

La caracterización de éste cambio de una transición de fase discontinua a una transición de fase continua queda abierta como continuación de éste trabajo final.

6. Código python

En esta sección se adjuntó el código *main* que se elaboró y utilizó para reproducir el trabajo de Gong y Van Leeuwen [2]. No se adjuntaron los códigos para la realización de figuras y cómputos secundarios.

```

from pathlib import Path
import numpy as np
import random
import networkx as nx
import os

N = 300 # Numero de nodos de la red.
T = 800 # Tiempo discreto asociado al mapa l gistico acolplado.
a = 1.7 # Parametro que define el comportamiento laminar y/o
        # caotico del sistema.

delta = 10**-1 # Es el parametro de referencia que se tiene para
               # determinar la conexion entre dos nodos i y j con
               # la funcion coherencia o distancia.

cantidad_de_iteraciones = 100000 # Cantidad de iteraciones
                                  # a realizar.

epsilon = np.arange(0.1,0.7,0.1) # Variedad de factores de acople
                                  # a calcular.

for k in range(len(epsilon)):      # Se cambia de formato a
    epsilon[k]=format(epsilon[k], ".3f") # los valores de acople.
epsilon=list(epsilon)

#####FUNCIONES_AUXILIARES#####

#-----
# Funcion para contar la cantidad de elementos que se forman por
# clusters y la cantidad de clusters en funcion del parametro delta.
def CLUSTERS(x,delta,i):
    y = x
    CLUSTER = [] # x inmutable, vario el arreglo CLUSTER
    CLUSTER.append(x[i])
    y = np.delete(y,int(x[i]))
    for j in range(len(x)):
        dij = abs(x[i] - x[j])
        if dij < delta and i != j:
            CLUSTER.append(x[j])

```

```

        y = np.delete(y, int(x[j]))
        if len(y)==0:
            exit
    return CLUSTER, y, len(CLUSTER)
#-----
# Ordenamiento de un arreglo mediante el metodo "quicksort".
def sort(array):
    less = []
    equal = []
    greater = []

    if len(array) > 1:
        pivot = array[0]
        for x in array:
            if x < pivot:
                less.append(x)
            elif x == pivot:
                equal.append(x)
            elif x > pivot:
                greater.append(x)
        return sort(less)+equal+sort(greater)
    else:
        return array
#-----
# Funcion que me devuelve el segundo valor mas chico del arreglo.
def segundo_menor(numeros):
    if isinstance(numeros, list):
        if len(numeros) < 2:
            return None

        if len(numeros) == 2 and numeros[0] == numeros[1]:
            return numeros[0]

        duplicados = set()
        unicos = []

        for n in numeros:
            if n not in duplicados:
                duplicados.add(n)
                unicos.append(n)

        unicos.sort()
        return unicos[1]

    raise TypeError("El parametro numeros debe ser una lista.")

```

```

#
# Funcion que me devuelve el segundo valor mas grande del arreglo.
def segundo_mayor(numeros):
    if isinstance(numeros, list):
        if len(numeros) < 2:
            return None

        if len(numeros) == 2 and numeros[0] == numeros[1]:
            return None

        duplicados = set()
        unicos = []

        for n in numeros:
            if n not in duplicados:
                duplicados.add(n)
                unicos.append(n)

        unicos.sort()
        return unicos[-2]

    raise TypeError("El parametro numeros debe ser una lista.")
#
# Siendo A un arreglo de dos 2xN ordeno el arreglo A[0] de menor
# a mayor y en funcion de este orden, re ordeno el arreglo A[1].
def burbuja_ARRAY(A,N):
    for i in range(1,N):
        for j in range(0,N-i):
            if(A[1][j+1] < A[1][j]):
                aux=A[1][j+1]
                A[1][j+1] = A[1][j]
                A[1][j] = aux

                aux = A[0][j+1]
                A[0][j+1] = A[0][j]
                A[0][j] = aux

    return A
#
# Mapa logistico
def f(x,a):
    f = 1.0 - a*x*x
    return f
#
# Defino una funcion tal que me permita ir cambiando los elementos

```

```
# Mi, es decir, los numeros de vecinos de la unidad i para cada
# sumaria asociada al conjunto de vecinos del nodo i.
```

```
def vector(M0,X0,M,N, epsilon , a):
    Z=np.dot(M0, f(X0, a))
    for i in range (N):
        if M[i] == 0:
            Z[i] = 0
        else:
            Z[i] = (epsilon/M[i])*Z[i]
    return Z
```

```
#
```

```
#####
```

```
#####PROGRAMA_PRINCIPAL#####
```

```
for k in range(len(epsilon)):
```

```
#—————Matriz de adyacencia—————
```

```
p = 0.06 # Grado medio del nodo <k> = 18
```

```
#p = 0.03 # Grado medio del nodo <k> = 9
```

```
#p = 0.12 # Grado medio del nodo <k> = 36
```

```
#p = 0.18 # Grado medio del nodo <k> = 54
```

```
p_sort=random.random()
```

```
M0 = np.empty((N,N))
```

```
for i in range(N):
```

```
    p_sort=random.random()
```

```
    for j in range(N):
```

```
        p_sort=random.random()
```

```
        # Con esto se asegura que la cantidad de conexiones
```

```
        # totales sea del orden de 5200.
```

```
        if p_sort < p:
```

```
            M0[i][j] = 1
```

```
        else:
```

```
            M0[i][j] = 0
```

```
# Diagonal de la matriz nula.
```

```
for i in range(N):
```

```
    M0[i][i] = 0
```

```
# Simetrizaci n de la matriz o red.
```

```
for i in range(N):
```

```

    for j in range(N):
        M0[i][j] = M0[j][i]

# Cantidad de elementos conectados a cada nodo.
M = []
for i in range(N):
    M.append(sum(M0[i]))
#-----

print("Epsilon:", epsilon[k])

# Proceso iterativo para calcular los estados de los nodos
# mediante el mapa logístico para 10000 iteraciones.

iteraciones = 0 # Seteo contador.

while iteraciones < cantidad_de_iteraciones:

    iteraciones = iteraciones + 1 # Contador.

    # Condicion inicial, arreglo de orden N con elemntos
    # elegidos de manera aleatoria con valores
    # comprendidos entre (-1,1).
    X0 = np.random.uniform(low=-0.999999999999, high=1, size=N)

    if iteraciones == 1:
        print("iteracion:_" , iteraciones)

    for l in range(T):
        # Evaluacion del mapa logístico acoplado
        # en un arreglo de orden N
        Y = (1.0-epsilon[k])*f(X0,a)+vector(M0,X0,M,N,epsilon[k],a)
        X0 = Y # Arreglo de N nodos en el estado j-ésimo .
        STATES = Y

    i=random.randint(0,N-1) # Elijo un nodo al azar al
        # terminar las T iteraciones

    DIST = [] # Defino lista vacia en donde se
        # almacenaran las distancias

    DIST_MAX = [] # Defino lista vacia en donde se
        # almacenaran las distancias de
        # los nodos que esten conectados.

```

```

# Recorro todos los nodos y mido la distancia
# entre todos los nodos.
for j in range(N):
    if i != j:
        dij=abs(Y[i]-Y[j])
        DIST.append(dij)
        if M0[i][j] == 1:
            DIST_MAX.append(dij)
    elif i == j: # No mido la distancia entre un mismo nodo.
        flag = -1000
        DIST.append(flag)

dij1 = segundo_menor(DIST) # j1 —> distancia minima dij
                        # entre todos los nodos
index_list_min = DIST.index(dij1)

if len(DIST_MAX) != 0: # Si hay nodos conectados
                        # al nodo i:
    dij2 = np.max(DIST_MAX) # j2 —> distancia maxima dij
                        # solamente entre los nodos
                        # vecinos de i.
    index_list_max = DIST.index(dij2)
#-----
#dij1(T+1) —> distancia minima
#dij2(T+1) —> distancia maxima

#Si j1 es vecino de i —> No hay cambios

#Si j2 es vecino de i —> La conexion entre i y j2
# es reemplazada por la conexion entre i y j1

# El nodo al cual se le calcula las distancias
# con los nodos restantes es el nodo i-esimo (i)

# Checkeo la posicion de los indices maximos y minimos
# y en funcion de eso se determina como cambiar los
# elementos de la matriz del sistema.

# Si el nodo i-esimo no esta conectado con ningun otro
# nodo, elimino ese nodo de la red y reitero.
# Esto solo se hace una vez ya que la idea de este
# trabajo es mantener una red constante.

if len(DIST_MAX) != int(0):
    if M0[i][index_list_min] == 1:

```

```

        pass
    else:
        M0[i][index_list_min] = 1
        M0[index_list_min][i] = 1
        M0[i][index_list_max] = 0
        M0[index_list_max][i] = 0

        M[i] = sum(M0[i])
        M[index_list_min] = sum(M0[index_list_min])
        M[index_list_max] = sum(M0[index_list_max])
#-----
else:
    M0 = np.delete(M0,(i), axis = 0)
    M0 = np.delete(M0,(i), axis = 1)
    N=N-1
    NODOS=np.arange(0,N) # Arreglo que se usa para
# identificar a los nodos
                                # por elemento a elemento.
    MATRIX_ORDEN=np.empty((N,N), dtype=int)
    X0=np.delete(X0,i)
    Y=np.delete(Y,i)
    M=np.delete(M,i)

    i=random.randint(0,N-1) # Elijo un nodo al azar
                                # al terminar las T iteraciones

    DIST=[] # Defino lista vacia en donde
                                # se almacenar las distancias
    DIST_MAX=[]

    for j in range(N):
        if i != j:
            dij=abs(Y[i]-Y[j]) # Recorro todos los nodos
                                # y mido la distancia
            DIST.append(dij)
            if M0[i][j] == 1:
                DIST_MAX.append(dij)
        elif i == j:
            flag=-1000
            DIST.append(flag) #Si k == j no mido la distancia
                                # y a ado un flag

    dij1 = segundo_menor(DIST) #j1 -> minimo
    index_list_min = DIST.index(dij1) #ENTRE TODOS LOS NODOS

```

```

if len(DIST_MAX) != 0:
    dij2 = np.max(DIST_MAX) #j2 —> maximo
    index_list_max = DIST.index(dij2) #ENTRE LOS NODOS
                                          #VECINOS UNICAMENTE

if M0[i][index_list_min] == 1:
    pass
else:
    M0[i][index_list_min] = 1
    M0[index_list_min][i] = 1
    M0[i][index_list_max] = 0
    M0[index_list_max][i] = 0

    M[i] = sum(M0[i])
    M[index_list_min] = sum(M0[index_list_min])
    M[index_list_max] = sum(M0[index_list_max])

G = nx.from_numpy_matrix(M0) # Cambio de numpy matrix
                             # a un grafo de networkx.

# Para finalizar, se calcula todos los parametros
# utilizados en esta tesis de grado y matrices
# asociadas a este grafo G.
#####

```

Referencias

- [1] D.J. Watts and S.H. Strogatz. *Collective dynamics of ‘small-world’ networks*. Nature, 393, pp. 440–442, (1998).
- [2] P. Gong and C. van Leeuwen. *Evolution to a small-world network with chaotic units*. Europhys. Lett., 67 (2), pp. 328–333, (2004).
- [3] T. Tsuchiya, D. Yamagishi. ‘*The Complete Bifurcation Diagram for the Logistic Map*’. 52a. Naturforsch, 52a (6–7): 513–516 (1997).
- [4] R.M. May. *Simple mathematical models with very complicated dynamics*. Nature, 261, pp. 459–467, (1976).
- [5] E.W. Weisstein, ‘Logistic Equation’. MathWorld.
<https://mathworld.wolfram.com/LogisticEquation.html>
- [6] O. Sporns, G. Tononi, and R. Kötter. *The human connectome: a structural description of the human brain*. PLoS computational biology, 1(4):e42, (2005).
- [7] A. Haimovici, E. Tagliazucchi, P. Balenzuela, and D.R. Chialvo. *Brain Organization into Resting State Networks Emerges at Criticality on a Model of the Human Connectome* Phys. Rev. Lett. 110, 178101, (2013).
- [8] P.M. Gleiser and D. Zanette. *The Synchronization structure in an adaptive oscillator network*, European Physical Journal B 53, 233-238 (2006).
- [9] I. J. Gómez Portillo, P. M. Gleiser. *An Adaptive Complex Network Model for Brain Functional Networks*. PLoS ONE 4(9):e6863 (2009).
- [10] A.L. Barabási and R. Albert. *Emergence of scaling in random networks*. Science, 286(5439):509–512, (1999)
- [11] R. Albert and A.L. Barabási. *Statistical mechanics of complex networks*. Reviews of modern physics, 74(1):47, (2002).
- [12] T.G. Lewis. *Network science: Theory and applications*. John Wiley Sons, (2011).
- [13] R. Cohen and S. Havlin. *Complex networks: structure, robustness and function*. Cambridge university press, (2010).
- [14] [https://en.wikipedia.org/Seven Bridges of Königsberg](https://en.wikipedia.org/Seven_Bridges_of_Königsberg)
- [15] S. Boccaletti, V. Latora, Y. Moreno, M. Chavez, and D. Hwang. *Complex networks : Structure and dynamics*. Physics Reports, 424(4-5):175–308, (2006).
- [16] J. Travers and S. Milgram. *An experimental study of the small world problem*. Sociometry, 32(4):425–443, (1969).
- [17] M. Barthélemy. *Spatial networks*. Physics Reports, 499(1-3):1–101, (2011).

- [18] G. Caldarelli. *Scale-free networks: complex webs in nature and technology*. Oxford University Press, (2007).
- [19] D. Lee, B. Kahng, Y.S. Cho, K. Goh, and D. Lee. *Recent advances of percolation theory in complex networks*. Journal of the Korean Physical Society, 73(2):152–164, (2018).
- [20] A.L. Barabási, R. Albert, and H. Jeong. *Mean-field theory for scale-free random networks*. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 272(1-2):173–187, (1999).
- [21] S. Strogatz. *The Emerging Science of Spontaneous Order. First Paperback Edition*, (pp. 229-259) New York, (2003).
- [22] D.J. Watts. *Small worlds: the dynamics of networks between order and randomness, volume 9*. Princeton university press, (2004).
- [23] O. Sporns. *Networks of the Brain*. MIT press, (2010).
- [24] V.J. Wedeen, P. Hagmann, W.I. Tseng, T.G. Reese, and R.M. Weisskoff. *Mapping complex tissue architecture with diffusion spectrum magnetic resonance imaging*. *Magnetic resonance in medicine*, 54(6):1377–1386, (2005).
- [25] P. Hagmann, M. Kurant, X. Gigandet, P. Thiran, V.J. Wedeen, R. Meuli, and J.P. Thiran. *Mapping human whole-brain structural networks with diffusion mri*. PLoS one, 2(7):e597, (2007).
- [26] P. Hagmann, L. Cammoun, X. Gigandet, R. Meuli, C.J. Honey, V.J. Wedeen, and O. Sporns. *Mapping the structural core of human cerebral cortex*. PLoS biology, 6(7):e159, (2008).
- [27] O. Sporns, G. Tononi, and R. Kötter. *The human connectome: a structural description of the human brain*. PLoS computational biology, 1(4):e42, (2005).
- [28] C.F. Beckmann, M. DeLuca, J.T. Devlin, and S.M. Smith. *Investigations into resting-state connectivity using independent component analysis*. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 360(1457):1001–1013, (2005).
- [29] C. Chang and G.H. Glover. *Time–frequency dynamics of resting-state brain connectivity measured with fmri*. Neuroimage, 50(1):81–98, (2010).
- [30] D. Stauffer, A. Aharony. *Percolation Theory. 2nd Revised Edition*. Taylor & Francis, pp. 1-56, (2003).
- [31] J.J. Binney, N.J. Dowrick, A.J. Fisher, and M.E.J. Newman. *The theory of critical phenomena: an introduction to the renormalization group*. Oxford University Press, (1992).
- [32] A. Barrat, M. Barthlemy, and A. Vespignani. *Dynamical Processes on Complex Networks*. Cambridge University Press, New York, NY, USA, 1st edition, (2008).
- [33] A. Bunde and S. Havlin. *Fractals and disordered systems*. Springer Science Business Media, (2012).

- [34] J.W. Essam, D.S. Gaunt, and A.J. Guttmann. *Percolation theory at the critical dimension*. Journal of Physics A: Mathematical and General, 11(10): (1983, 1978).
- [35] D. Stauffer and A. Aharony. *Introduction to percolation theory*. Taylor Francis, (2018).
- [36] R.M. Ziff. *Spanning probability in 2d percolation*. Physical Review letters, 69(18):2670, (1992).
- [37] T. Kalisky. *Complex Networks: Structure, Percolation and Optimization*. PhD dissertation, Bar-Ilan university, Department of Physics, (2006).
- [38] K. Christensen. *Percolation theory*. Imperial College London, 1, (2002).
- [39] S.C. Manrubia and A.S Mikhailov. *Mutual synchronization and clustering in randomly coupled chaotic dynamical networks*. Physical Review E, 60, 2, (1999).
- [40] [https://en.wikipedia.org/Small world network](https://en.wikipedia.org/Small_world_network)
- [41] J. Gleick. *Chaos: Making a New Science*. London: Penguin Books, (1987).
- [42] S.C. Manrubia, A.S. Mikhailov, D.H. Zanette. *Emergence of Dynamical Order*. World Scientific, pp. 109, (2004).
- [43] K. Kaneko. *Chaotic but Regular Posi-Nega Switch among coded Attractors by Cluster-Size Variation*. Physical Review Letters, 63 pp. 219-223, (1989)
- [44] K. Kaneko. *Relevance of dynamic clustering to biological networks*. Physica D, pp. 55-73, (1994).
- [45] M.E.J. Newman. *Mixing patterns in networks*. Phys. Rev. E 67, (2003).
- [46] M.E.J. Newman. *Assortative mixing in networks*. Phys. Rev. Lett. 89, (2002).
- [47] R.Noldus y P. Van Mieghem. *Assortativity in complex networks*. Journal of Complex Networks. 3, 507.542 (2015).
- [48] V.D. Blondel, J.L. Guillaume, R. Lambiotte y E. Lefebvre. *Fast unfolding of communities in large networks*. Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment. (2008)
- [49] E.M. Izhikevich *Dynamical Systems in Neuroscience: The Geometry of Excitability and Bursting*. The MIT Press. Cambridge, Massachusetts. London, England, (2007).
- [50] F. Wendling, F. Bartolomei, J.J. Bellanger1 y P. Chauvel *Epileptic fast activity can be explained by a model of impaired GABAergic dendritic inhibition*. European Journal of Neuroscience, Vol. 15, pp. 1499 - 1508, (2002).
- [51] S.H. Strogatz. *Nonlinear dynamics and chaos: with applications to physics, biology, chemistry, and engineering*. CRC press, pp. 348 - 366, (2015).
- [52] E. Bullmore y O. Sporns. *Complex brain networks: graph theoretical analysis of structural and functional systems*. Nat Rev Neurosci 10, 186-198, (2009).

-
- [53] A. Fornito, A. Zalesky, M. Breakspear. *Graph analysis of the human connectome: Promise, progress, and pitfalls*. *Biology*, NeuroImage, (2013).
- [54] M.P. van den Heuvel, E.T. Bullmore y O. Sporns. *Comparative Connectomics*. *Trends in Cognitive Sciences*, (2016).
- [55] M.P. van den Heuvel and O. Sporns. Rich-Club Organization of the Human Connectome. *Journal of Neuroscience*, 31 (44) 15775-15786, (2011).
- [56] V.D. Blondel, J.L. Guillaume, R. Lambiotte y E. Lefebvre. *Fast unfolding of communities in large networks*. *Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment*, (10), P10008, (2008).